

Entwicklung und Kartierung genbasierter Marker bei Roggen

E. Lornsen, P. Wehling, und B. Hackauf

Julius Kühn-Institut, Institut für Züchtungsforschung an landw. Kulturen mit Versuchsstation zur Kartoffelforschung

Roggen (*Secale cereale* L.) ist als nachwachsender Rohstoff für die Energiegewinnung etabliert. In Folge seiner ausgeprägten Toleranz gegenüber Krankheiten und abiotischen Stressfaktoren erzielt Roggen auch auf solchen Standorten stabile Erträge, die für die Produktion anderer Energiepflanzen wie Mais, Weizen oder Zuckerrüben ungeeignet sind. Obwohl einige ertragsrelevante Prozesse durch einzelne Majorgene gesteuert werden, folgen die meisten Merkmale, die einen Einfluss auf den Ertrag besitzen, einem komplexen, quantitativen Erbgang.

Die Grundlage für die Identifizierung von Genombereichen (*Quantitative Trait Loci*, QTL) mit Effekten auf die Ausprägung quantitativer Merkmale wie beispielsweise Biomasseertrag liefert die QTL-Kartierung mittels molekularer Marker. Insbesondere im Hinblick auf komplex vererbte Merkmale versprechen molekulare Marker eine schnellere und effizientere Entwicklung von Sorten, als dies durch eine rein phänotypische Selektion möglich wäre. Für den Roggen liegen bislang jedoch noch keine ausreichenden Kenntnisse über Genombereiche vor, auf denen ertragsrelevante QTL lokalisiert sind.

In der vorgestellten Studie soll daher das Roggengenom in zwei umfassenden umfassenden Kartierungsfamilien, die für

agronomisch relevante Merkmale spalten, mit Hilfe molekularer Marker charakterisiert werden. Für die Kartierung werden zunächst die für Roggen verfügbaren Mikrosatelliten-Marker eingesetzt sowie Kartierungsfamilien, die für agronomisch relevante Merkmale spalten, mit Hilfe molekularer Marker charakterisiert neue, genbasierte Marker entwickelt. Für die Entwicklung genbasierter Marker wird der Erkenntnisgewinn aus der grundlagenorientierten Forschung an Modellgenomen über Gene genutzt, welche ertragsrelevante Parameter kontrollieren. Eine erste Projektion ihrer Position im Roggengenom ist durch In-silico-Kartierung der Kandidatengensequenzen im Reisgenom und der kürzlich erarbeiteten Genombeziehungen zwischen Reis und Roggen möglich. Für die Darstellung der Kandidatengene ist ein Protokoll zur Direktsequenzierung subgenomischer Fragmente aus den Elternlinien der Kartierungspopulation und weiterer Inzuchtlinien etabliert worden. Neben der Validierung der Zielsequenzen liefert die Sequenzanalyse Informationen über Einzelnukleotid-Polymorphismen (SNP) zwischen den Elternlinien, die für Kartierungszwecke genutzt werden sollen. Die im Rahmen dieses Projektes erstellten genetischen Karten werden die Grundlage für die erste, umfassende QTL-Analyse bei Winterroggen bilden.