

SNP – Diagnose züchtungsrelevanter Eigenschaften von Salicaceae

Karin Pfennig, Marion Hoffmann, Michael Brauer, Sascha Liepelt, Matthias Fladung und Karl Gebhardt

Molekulare Marker wie Mikrosatelliten (SSRs) und Einzelnukleotid-Polymorphismen (SNPs) bieten das Potenzial, die Effizienz der Gehölzzüchtung erheblich zu steigern. So können mit Hilfe von z. B. SNP-Markern Pappel- und Weidengenotypen hinsichtlich ihres Wachstums, ihrer lokalen Anpassung sowie die Eigenschaften ihres Holzes charakterisiert und anschließend züchterisch optimiert werden. Hierfür dienen die SNP-Marker zur Erkennung der natürlichen Variation in Genen, die diese Merkmalsausprägungen beeinflussen können, sowie zur Selektion geeigneter Genotypen für eine züchterische Anwendung (SMART-Breeding).

Die von uns ausgewählte Herangehensweise ist der sog. Kandidatengen-Ansatz. Dazu werden *a priori* Gene ausgewählt, die möglicherweise züchtungsrelevante Eigenschaften wie z. B. Trockentoleranz, Wund-/Krankheitsresistenz, vegetative Bewurzelbarkeit, Biomasseleistung, Lignifizierung usw. vermitteln können. Die Analyse der genetischen Variation erfolgt in Zuchtklonen verschiedener Pappel- und Weidenarten sowie in Weiden-Naturpopulationen (*Salix viminalis*).

Das Verbundprojekt wird von der dem Bundesministerium für Ernährung, Landwirtschaft und Verbraucherschutz (BMELV) angegliederten Fachagentur für Nachwachsende Rohstoffe (FNR) über drei Jahre gefördert (2010-2013) und beinhaltet die Zusammenarbeit der Projektpartner Nordwestdeutsche Forstliche Versuchsanstalt (NW-FVA), Johann Heinrich von Thünen-Institut (vTI) und Philipps-Universität Marburg. Die Ziele des Projektes sind (1) die Evaluierung der Nukleotiddiversität in Zuchtklonen und Hybriden, (2) der Aufbau einer SNP-Datenbank der Pappel für 20 Kandidaten-Gene, die an der Ausprägung züchtungsrelevanter Eigenschaften beteiligt sind, und (3) Assoziationsanalysen von SNPs und quantitativen Merkmalen.

Für genetische Untersuchungen wurden bisher 125 Klone der Pappel-Sektionen *Aigeiros*, *Tacamahaca* und *Populus* aus der Sammlung der NW-FVA, 24 Klone der Sektion *Populus* aus dem Institut für Forstgenetik des vTI sowie insgesamt 36 Individuen aus natürlichen Weidenpopulationen beprobt. Die Auswertung der ersten Ergebnisse für ein Fragment des *LEAFY*-Gens zeigt bereits auf, dass die reinen Pappelarten gegenüber der Datenbank-Referenzsequenz von *P. trichocarpa* (POPTR_U93196) und den Hybriden genetische Unterschiede aufweisen. Das *LEAFY*-Gen stellt ein Meristem-Identitätsgen dar und ist während der Pflanzenentwicklung am Übergang vom vegetativen zum Infloreszenzmeris-

tem beteiligt. Die Bedeutung der zwischen den Untersuchungsklonen gefundenen genetischen Unterschiede für das individuelle Wachstum und die Entwicklung ist noch unbekannt.

Stichworte: SMART-Breeding, SNP-Marker, Populus-Genotypen

Korrespondierende Autorin:

Karin Pfennig

Johann Heinrich von Thünen–Institut, Institut für Forstgenetik

Sieker Landstraße 2,

22927 Großhansdorf

E-Mail: karin.pfennig@vti.bund.de

URL: www.vti.bund.de