

## Feuerbrandresistenz: Identifikation, Klonierung und funktionelle Charakterisierung korrelierender Gene bei *Malus x robusta*

Vogt, I., Wöhner, T., Peil, A., Flachowsky, H., Hanke, M.-V.

Julius Kühn-Institut, Institut für Züchtungsforschung an gartenbaulichen Kulturen und Obst

Die Pflanzenkrankheit Feuerbrand, welche durch das Enterobakterium *Erwinia amylovora* verursacht wird, stellt ein ernstes Problem für die Apfelproduktion vieler europäischer Staaten dar. Infektionen in den vergangenen Jahren haben zu enormen Ernteeinbußen und zu damit verbundenen Schäden in Millionenhöhe geführt. Eine erfolgreiche und zuverlässige Bekämpfung des Erregers ist bislang nur mit Streptomycinhaltigen Pflanzenschutzmitteln möglich, welche zumindest in Deutschland mit Ausnahmegenehmigung nur stark reglementiert eingesetzt werden dürfen. Ein Ausweg aus dieser Situation wird vor allem in Anbau und Züchtung resistenter Sorten gesehen. Bereits auf dem Markt eingeführte widerstandsfähige Sorten zeigen allerdings auf Grund ihrer oft unzureichenden Fruchtqualität nur einen eingeschränkten kommerziellen Absatz. Eine weitere Möglichkeit bietet die Einführung von Resistenzgenen aus dem Genpool des Apfels in bereits etablierte Sorten wie ‚Golden Delicious‘ oder ‚Braeburn‘. Solch eine cisgene

Apfelpflanze würde ausgezeichnete Fruchtqualität und Resistenz gegenüber Feuerbrand in sich vereinen und eine marktfähige Alternative bieten. Geeignete Resistenzquellen finden sich zum Beispiel in einzelnen Akzessionen von *M. baccata*, *M. fusca* und *M. robusta*. Bisherige Untersuchungen an *Malus robusta* 5 (*Mr5*) konnten ein QTL auf Kopplungsgruppe 3 identifizieren, welches 67-83 % der phänotypischen Varianz erklärt.

Innerhalb des Projektes soll nun mittels „Genome walking“ ein Resistenzgen aus *Mr5* isoliert und anschließend charakterisiert werden. Ein ergänzender Ansatz ist dabei der Nachweis einer möglichen Gen-für-Gen Beziehung zwischen Avirulenz- und Resistenzgenen mit Hilfe des Yeast Two-Hybrid Systems. Ein weiterer Schwerpunkt liegt in der Analyse des Transkriptoms und des Proteoms. Hier sollen Unterschiede zwischen infizierten und nicht infizierten Pflanzen Aufschluss über weitere beteiligte Gene und somit einen Beitrag zur Aufklärung des Resistenz-Mechanismusses liefern.