

Genetische selectie: beheersing van aardappelcystenaaltjes die bestaande resistenties van waardplanten hebben doorbroken

De beste manier om populaties van *Globodera pallida* onder controle te houden, is het telen van resistente aardappelrassen. Het merendeel van deze resistente rassen bevat echter dezelfde resistentiefactor, afkomstig van *Solanum vernei*. Dit resistentiegen is jarenlang effectief geweest, maar inmiddels hebben we ontdekt dat sommige ('virulente') aardappelcystenaaltjespopulaties (ACA) niet langer door deze resistentie kunnen worden tegengehouden.

Dit 'doorbreken van resistentie' kan alleen worden opgelost als we begrijpen wat er precies is gebeurd. Daarvoor moeten we meer weten over het aaltje zelf, over de verspreiding ervan en over de waardplant.

Allereerst zullen we genoom regio's identificeren die gekoppeld zijn aan de virulentie van het aaltje, en diagnostisch gereedschap ontwikkelen om de verspreiding van virulente ACA-populaties in kaart te brengen. Hiervoor zullen we *G. pallida*-populaties sequencen die de resistentie kunnen doorbreken en genomescananalyses uitvoeren. Binnen Nem-Emerge hebben we kandidaat-genoom regio's geïdentificeerd met behulp van virulente populaties die in het laboratorium zijn verkregen. Daarnaast hebben we natuurlijke populaties verzameld met verschillende niveaus van virulentie, die momenteel worden geanalyseerd (Fig. 1).

In een tweede stap zullen we een verspreidingsmodel ontwikkelen dat inzicht geeft in de mate waarin virulente aaltjes zich waarschijnlijk zullen opbouwen onder verschillende beheers-strategieën. In 2024 hebben we een demo-genetisch model gepubliceerd waarin rekening wordt gehouden met de populatie-genetische eigenschappen van *G. pallida*. Het huidige werk richt zich op de integratie daarvan in bestaande beslissingsondersteunende systemen voor landbouwers.

Tot slot streven we ernaar nieuwe bronnen van resistentie te identificeren om opkomende virulente populaties te bestrijden. We hebben besloten om de resistentie afkomstig van *Solanum sparsipilum* grondiger te bestuderen. Deze resistentie wordt veroorzaakt door een combinatie van twee kleine genoom regio's. Na een verrijgingsstap, waarmee sequencing specifiek kan worden gericht op resistentiegenen, zullen aardappelgenotypen uit de oorspronkelijke kruising tussen vatbare en resistente ouderlijnen worden gesequenced om merkers te identificeren die gekoppeld zijn aan elk van deze regio's.



Figuur 1: Het testen op ACA resistentie in de kassen van het Julius Kühninstiut (DE)

AUTEURS

Montarry Josselin – josselin.montarry@inrae.fr

Kiewnick Sebastian - sebastian.kiewnick@julius-kuehn.de

LAND / REGIO

INRAE – Frankrijk

JKI - Duitsland

nem-emerge.eu