

Genetische Selektion: Management von Kartoffelzystennematoden, die aktuelle Wirtspflanzenresistenzen überwunden haben

Die beste Lösung zur Bekämpfung von *Globodera pallida* Populationen ist der Anbau resistenter Kartoffelsorten. Die Mehrheit dieser Sorten enthält jedoch denselben Resistenzfaktor, der ursprünglich von *Solanum vernei* stammt. Dieses Resistenzgen war über viele Jahre hinweg wirksam, doch nun haben wir entdeckt, dass einige (virulente) Populationen des Kartoffelzystennematoden nicht mehr aufgehalten werden können.

Dieses „Durchbrechen der Resistenz“ kann nur verhindert werden, wenn wir verstehen, was geschehen ist. Hierfür müssen wir mehr über den Nematoden selbst, seine Ausbreitung und über seine Wirtspflanze erfahren.

Wir werden zunächst die Genomregionen identifizieren, die mit der Virulenz des Nematoden assoziiert sind, und ein molekulares Diagnostiktool entwickeln, um die Ausbreitung virulenter Kartoffelzystennematodenpopulationen zu erheben. Dazu werden wir verschiedene *G. pallida* Populationen sequenzieren, die die Resistenz überwunden haben und Genom-Scan-Analysen durchführen. Im Rahmen des Projekts Nem-Emerge haben wir bereits genomische Kandidatenregionen unter Verwendung künstlich selektierter Populationen mit der neuen Virulenz identifiziert. Zudem haben wir Feldpopulationen mit unterschiedlichen Virulenzgraden gesammelt, die derzeit analysiert werden.

In einem zweiten Schritt werden wir ein Populationsentwicklungsmodell etablieren, das Aufschluss darüber gibt, wie sich virulente Nematoden unter verschiedenen Managementbedingungen entwickeln werden. Wir haben im Jahr 2024 bereits ein demo-genetisches Modell veröffentlicht, das die populationsgenetischen Merkmale von *G. pallida* Populationen berücksichtigt; die aktuelle Arbeit besteht darin, dieses in bestehende Entscheidungshilfesysteme für Landwirte zu integrieren.

Nicht zuletzt versuchen wir neue Resistenzquellen zu identifizieren, um neue virulente Populationen von *G. pallida* zu bekämpfen. Wir haben uns entschieden, die Resistenzquelle von *Solanum sparsipilum* eingehender zu untersuchen, die durch eine Kombination zweier kleiner Genomregionen geprägt ist. Nach einem Anreicherungs-schritt, der eine gezielte Sequenzierung der Resistenzgene ermöglicht, werden Kartoffel-Genotypen aus der ursprünglichen Kreuzung zwischen anfälligen und resistenten Elternpflanzen sequenziert, um Marker zu identifizieren, die mit jeder dieser Regionen assoziiert sind.



Abbildung 1: Gewächshäuser des JKI mit einem Resistenztest.

AUTOR(EN)

Montarry Josselin – josselin.montarry@inrae.fr

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

LAND/REGION

INRAE – Frankreich

JKI – Deutschland

nem-emerge.eu