

Genomweite Assoziationsstudie über den Anthocyan- und Carotinoidgehalt in Rosen

Dietmar Schulz¹, Rena Schott¹, Ana Priscilla Montenegro¹, Dorothee Klostermann¹, Marinus J. M. Smulders², Roeland E. Voorrips², Marcus Linde¹, Burkhard Spellerberg³ and Thomas Debener¹

¹Gottfried Wilhelm Leibniz Universität Hannover, Department of Molecular Plant Breeding, Herrenhäuser Str.2, 30419 Hannover, Germany; ²Wageningen UR Plant Breeding, Wageningen, The Netherlands; ³Bundessortenamt, Osterfelddamm 80, 30627 Hannover, Germany

Die konventionelle Züchtung einer marktfähigen Schnittrosensorte dauert derzeit fünf bis sechs Jahre, die Entwicklung einer Gartenrosensorte sogar bis zu 10 Jahre. Die einzelnen Sorten sind sehr heterozygot und Kreuzungsnachkommenschaften zeigen eine starke Aufspaltung der verschiedensten Eigenschaften. Die Entwicklung und Nutzung von molekularen Markern könnte den Entwicklungsprozess einer marktfähigen Rosensorte beschleunigen und die Häufigkeit optimierter Genotypen hinsichtlich Resistenz, Duft und Farbgebung deutlich erhöhen. Um dieses Ziel zu erreichen, wurde ein Rosensortiment aus 96 zumeist tetraploiden Sorten zusammengestellt und mit verschiedenen Markern (Mikrosatelliten-, AFLP- und SNP-Markern) eine genomweite Assoziationsstudie durchgeführt. Voraussetzung hierfür ist die Kenntnis der Populationsstruktur. Mit Hilfe des Programms Structure 2.3.4 und 575 AFLP und SSR Markern wurden drei Subpopulationen errechnet. Die kleinste Subpopulation enthält nur ältere Sorten (vor 1900). Die anderen Sorten clustern anhand des Wuchstyps (Edelrosen, Strauchrosen, Kletterrosen, Bodendecker). 39831 gefilterte SNPs (Allelfrequenz > 10%) wurden auf das Sortiment angewendet. 14 der SNPs sind signifikant mit dem Merkmal Anthocyangehalt der Petalen (Gewächshaus) und drei mit dem Merkmal Anthocyangehalt im Feld assoziiert. Für das Merkmal Carotinoidgehalt der Petalen (Gewächshaus) wurden 303 SNPs gefunden (nach Bonferroni-Adjustierung). Da von der Rose noch keine genomische Karte vorliegt, wurden die Positionen der signifikantesten SNPs (150 Anthocyan - und 300 Carotinoid-SNPs) auf den verwandten Genomen von *Fragaria vesca* und *Prunus persica* bestimmt. Diese clustern in distinkten Regionen. Besonders auffallend ist die starke Konzentration der signifikanten SNP-Marker für den Carotinoidgehalt in beiden Genomen auf Linkage Group 5. Durch eine Recherche auf der NCBI-Genbank konnte die Funktion einiger Gene identifiziert werden, darunter zwei Gene der Anthocyanbiosynthese (4CL und F3H) und zwei Gene der Carotinoidbiosynthese (DXR und CMS). Der Einfluß weiterer Kandidatengene auf die Bildung der Anthocyane und Carotinoide wird zur Zeit noch untersucht.