

# Die Petunie als Modell zur Züchtung Mykorrhiza-reaktionsfähiger Kulturpflanzen

*Petunia as model for breeding mycorrhiza-responsive crop plants*

Philipp Franken, Iris Camehl, Katharina Kallus

Leibniz-Institut für Gemüse- und Zierpflanzenbau (IGZ), Institutsteil Erfurt, Kühnhäuser Str. 101, 99090 Erfurt

E-Mail: franken@erfurt.igzev.de

Die arbuskuläre Mykorrhiza ist eine mutualistische Symbiose zwischen Pilzen des Phylums Glomeromycota und 80 % aller Landpflanzen. Sie beruht auf wechselseitigem Austausch von mineralischen Nährstoffen gegen Kohlenhydrate. Mykorrhizierte Pflanzen können aber auch erhöhte Resistenz bzw. Toleranz gegenüber Pathogenen und abiotischen Stress zeigen. Ob eine Mykorrhiza-Symbiose sich in einer verbesserten Leistung der Wirtspflanze äußert, hängt nicht nur von den äußeren Bedingungen, sondern auch vom Genotyp der beteiligten Partner ab. Dies zeigt sich bei Kulturpflanzen in erheblichen Unterschieden zwischen einzelnen Sorten bei der Reaktion auf die Besiedlung der Wurzel mit einem Mykorrhizapilz. Wenn in zukünftigen Kulturverfahren die Mykorrhizasymbiose genutzt werden soll, um z.B. die Toleranz gegenüber kurzzeitigen Trockenstress und die Resistenz gegen Pathogene zu erhöhen, muss die Reaktionsfähigkeit der Pflanzen auf die Symbiose eines der Züchtungsziele darstellen.

*Petunia hybrida* wird schon seit etwa zehn Jahren als Modellpflanze in der Mykorrhizaforschung genutzt. Genkarten und Marker existieren schon seit längerer Zeit, aber die komplette Sequenzierung der Genome der beiden Wildarten *Petunia axillaris* und *Petunia inflata* eröffnen neue Wege in der Züchtungsforschung. In einem ersten Schritt

wurde die Reaktion der beiden Wildarten auf die Inokulierung mit einem Mykorrhizapilz verglichen. Dabei zeigten sich Unterschiede in der Besiedlung der Wurzeln, in den Veränderungen der Biomassen und in der Mykorrhiza-induzierten Resistenz gegen einen Wurzelpathogenen Pilz. Nun werden in weiteren Versuchen die Phänotypen von Kreuzungspopulationen analysiert, um QTLs für die unterschiedlichen Reaktionen zu kartieren. Über die Genomsequenzen können so Gene identifiziert werden, die an der Reaktion der Petunie auf die Mykorrhizasymbiose beteiligt sind. Durch die Verfügbarkeit einer Population, bei der das Petunien-genom mit Transposoninsertionen gesättigt ist, kann die Rolle dieser Gene auch relativ schnell überprüft werden. Diese Gene und ihre Orthologe können in zukünftigen Züchtungsprogrammen für die Petunie und für andere Kulturpflanzen als funktionelle Marker zur Züchtung von Mykorrhiza-reaktionsfähigen Sorten dienen.

The arbuscular mycorrhiza is a mutualistic symbiosis between fungi of the phylum Glomeromycota and 80% of all land plants. It is based on the exchange of mineral nutrients against carbohydrates. Mycorrhizal plants show in addition in-

creased resistance or tolerance against pathogens and abiotic stress. Whether a symbiotic interaction results in increased performances of the plant is not only dependent on environmental factors, but also on the genotype of both partners. This leads to considerable differences between cultivars of crop plants in the response to colonization by a mycorrhizal fungus. If mycorrhiza should be applied in future production systems for increasing e.g. the tolerance against short-termed dry out or pathogen infestation, mycorrhiza responsiveness of plants has to be a trait to breed for.

*Petunia hybrida* is being used since ten years as model in mycorrhiza research. Gene maps and markers exist for a long time, but sequencing of the genomes of the two wild species *Petunia axillaris* und *Petunia inflata* open up new ways in breeding research. In a first step, the

response of the two wild species to inoculation with a mycorrhizal fungus was compared. Differences were revealed concerning root colonization, in biomass changes and in mycorrhiza-induced resistance against a root-pathogenic fungus. In further experiments, the phenotypes of crossing populations are analyzed in order to map QTLs for the different responses. Using the genome sequences, genes can be identified which are involved in the responses of petunia to mycorrhization. Due to the availability of a population, where the genome is saturated with transposon insertions, it is possible to confirm the role of the genes in a relative short time. These genes and their orthologs can be used in future breeding programs for petunia and for other crop plants as functional markers for achieving new mycorrhiza-responsive cultivars.