

Dowideit, Kerstin; Hüskens, Alexandra

Julius Kühn-Institut, Institut für Sicherheit in der Gentechnik bei Pflanzen, Braunschweig

Kleistogamer Raps – Eine innovative Confinement-Strategie?

Cleistogamous Oilseed Rape – An innovative confinement strategy?

Zusammenfassung

Raps (*Brassica napus* L.) besitzt ein hohes Auskreuzungspotential, da Raps-Pollen durch Wind und Insekten über weite Strecken transportiert werden können. Beim Anbau von gentechnisch verändertem Raps könnten so auch neu eingeführte Gene verbreitet werden. Um den ungewollten Pollenfluss bei Raps zu unterbinden und eine Auskreuzung während des Anbaus von transgenem Raps einzuschränken, soll die Eigenschaft der Kleistogamie (Selbstbestäubung in geschlossenen Blüten) als mögliche biologische Confinement-Strategie beim Raps untersucht werden. Ziel des Projektes ist es, Informationen über die Merkmalsstabilität kleistogamer Rapslinien in unterschiedlichen Umwelten und die Zuverlässigkeit kleistogamer Rapslinien als biologische Confinement-Methode zu gewinnen. In mehrjährigen und mehrortigen Feldversuchen werden Rapspflanzen aus unterschiedlichen Entfernungen zum Pollendonator (kleistogame Rapslinie, *Clg1*) geerntet, um das Auskreuzungspotential kleistogamer Linien mittels real time PCR zu quantifizieren. Zunächst sollen *Clg1*-spezifische Primer für eine real-time PCR entwickelt und etabliert werden, mit denen die Auskreuzungsraten kleistogamer Linien in konventionelle nicht-kleistogame Sorten quantifiziert werden können. Hierfür wurden bislang zwei verschiedene Zielgene ausgewählt, die als Markergene in Frage kommen: das *fae1*-Gen und das Kleistogamie-Gen. Mutationen in den genannten Genen bedingen unterschiedliche Erucasäuregehalte in den Rapssamen (*fae1*-Gen; Cullen et al., 2008) bzw. die Ausbildung des kleistogamen Phänotyps (Kleistogamie-Gen; Genoplant, Patent FR 2923839). Die DNA-Sequenzen der ausgewählten Gene aus der kleistogamen Linie (*Clg1*; Niedrigerucasäure-Raps;) sowie von einer konventionellen Rapssorte Marcant (Hoherucasäure-Raps) wurden mittels PCR amplifiziert, kloniert und sequenziert. Anhand von Unterschieden in den DNA-Sequenzen von *Clg1* und Marcant werden verschiedene spezifische Primer für das *fae1.2*- und Kleistogamie-Gen entwickelt und auf ihre Spezifität hin getestet, um das Potential kleistogamer Linien als biologische Confinement-Strategie testen zu können.

Abstract

Oilseed rape (*Brassica napus* L.) has a high potential for out-crossing because pollen can be transported over wide distances by wind and insects. By growing genetically modified oilseed rape new introduced genes can be distributed in the environment. One simple way to restrict this unintended pollen-mediated gene flow is to ensure that the flowers do not open (cleistogamous flowers). The aim of the project is to gain information about the stability and reliability of the cleistogamous trait as a biological confinement method in oilseed rape. In perennial ring experiments at different locations in Germany oilseed rape plants grown in different distances to the pollen donor (cleistogamous line, *Clg1*) will be harvested to quantify the out-crossing potential of cleistogamous lines via real time PCR. Initially, *Clg1*-specific primer will be created and established for real-time PCR. So far, two different target genes were chosen as marker genes, the *fae1*-gene and the cleistogamy-gene. Mutations within these genes are responsible for different erucic acid contents in the seeds (*fae1*-gene; Cullen et al., 2008) or for the formation of the cleistogamous phenotype (cleistogamy-gene; Genoplant, Patent FR 2923839). The DNA-sequences of genes from the cleistogamous line (*Clg1*; low erucic acid rapeseed) as well as from the conventional oilseed rape cultivar Marcant (high erucic acid oilseed rape) were amplified via PCR, cloned and sequenced. Based on differences between DNA-sequences of *Clg1* and Marcant different specific primers for the *fae1.2*- and cleistogamous genes will be designed and tested on specificity by PCR, in order to evaluate the potential of cleistogamous oilseed rape used as a biological confinement method.

Schulz-Witte, Jonathan¹; Schulz, Hartwig¹; Ulrich, Detlef¹; Kammerer, Dietmar R.²; Carle, Reinhold², Nothnagel, Thomas³

¹ Julius Kühn-Institut, Institut für ökologische Chemie, Pflanzenanalytik und Vorratsschutz, Quedlinburg; ² Universität Hohenheim, Institut für Lebensmittelwissenschaft und Biotechnologie, Lehrstuhl für Lebensmittel pflanzlicher Herkunft, Stuttgart; ³ Julius Kühn-Institut, Institut für Züchtungsforschung an landwirtschaftlichen Kulturen, Quedlinburg

Evaluation genetischer Ressourcen von *Daucus carota* L. als Quelle gesundheitsfördernder InhaltsstoffeEvaluation of *Daucus carota* L. genetic resources as a source of health promoting compounds**Zusammenfassung**

DFG-/MNiSW-Forschungsprojekt: Ziel des internationalen DFG-/MNiSW-Forschungsprojektes ist die Evaluation der genetischen Variabilität von *Daucus carota* L. im Hinblick auf gesundheitsfördernde Inhaltsstoffe. Hierzu werden von den Projektpartnern in Krakow und in Quedlinburg verschiedenfarbige Möhren, bei denen hohe Gehalte an gesundheitsfördernden Inhaltsstoffen zu erwarten sind, produziert und das Inhaltsstoffspektrum