

## 7. Anhang

**Tab. 6-1:** Kartierungsergebnisse aller Pflanzen der Kartierungspopulation, bei denen nach der Vorselektion mit den allel spezifischen PCR-Markern S3/S4 und A3/B3 ein Rekombinationsereignis in der Nähe des *RPB1*-Locus identifiziert wurde. Die im mittleren Teil der Tabelle liegenden Marker zeigen Cosegregation mit dem *RPB1*-Locus, d. h. es wurden keine Pflanzen mit einem Rekombinationsereignis zwischen diesem Marker und dem *RPB1*-Locus identifiziert.

- \* allel spezifische PCR-Marker
- a: Pflanze erwies sich bei der Bonitur als anfällig gegenüber *P. brassicae*
- r: Pflanze erwies sich bei der Bonitur als resistent gegenüber *P. brassicae*
- a: Pflanze zeigte am untersuchten DNA-Locus (Marker) das Bandenmuster (RFLP) des anfälligen Ökotyps Cvi bzw. bei den allel spezifischen PCR-Markern\* kein PCR-Produkt
- r: Pflanze zeigte am untersuchten DNA-Locus (Marker) das Bandenmuster (RFLP) des resistenten Ökotyps Tsu bzw. bei den allel spezifischen PCR-Markern\* das Tsu-spezifische PCR-Produkt
- Pflanze mit einem Rekombinationsereignis zwischen dem untersuchten Marker und dem *RPB1*-Locus

Pflanzen Nr.	Bonitur	S3/S4*	m253	BAC F9D2 LE	T12O21EEFF	T12O21 WX	T12O21 UV*	T12O21 ST	BAC F3C3 LE	T12O21 MN	T12O21 RE	T315 RE*	BAC F9D2 RE	BAC F7F2 LE	BAC F23G7 LE	BAC F3C3 RE	rphS-1	BAC F11O20 RE	BAC F7F2 RE	YAC C1C12A8RE	(A3/B3*) AIG1
157	r		a	r					r			r	r				r	r	r		r
Y25	r		a	r					r			r	r				r	r	r		r
Y99	r		r						r			r		r	r	r	r	a	a	a	a
Y105	r		r									r	r	r	r	r			a	a	a
Y141	r		r						r			r	r			r	r	r	a	a	a
Y175	a		r						a			a		a	a	a	a	a	a	a	
X132	r		r						r						r	r	r	r	a	a	a
X134	a		a						a					a	a	a	r	r	r	r	r
X171	a		a	a					a					a	a	a	a	r	r	r	r
C19	a		a						a					a	a	a	a	a	a		r
C101	a		r	a					a			a	a	a	a	a	a	a	a	a	a
C159	r		r	r					r			r	r	a		a	a	a	a	a	a
C166	a		a						a					a	a	a	a	a	a		r
D7	r		r						r			r	r	r	r	r	r	r	r	r	a
P53	r		a	r					r			r	r	r	r	r	r	r	r	r	r
P70	a		a						a			a	a			a	a	a	a		r
A1/79	r		r						r			r				r	r	r		a	
A2/1	a		a						a			a				a	a	a		r	
A2/4	a		a						a			a				a	a	a		r	
A2/25	a		a						a			a				a	a	a		r	
A2/26	a		a						a			a				a	a	a		r	
A2/32	a		a									a				a				r	
A2/49	a		r	r	a				a			a	a			a	a	a	a	a	a
A2/58	a		a						a			a				a	a	a	a		r
A3/3	r		r						r							r				a	

A3/57	a	a				a				a		r
A4/17	a	a	a			a				a		r
A4/19	a	a								a		r
A4/58	a	a				a				a		r
A4/59	a	a				a				a		r
A4/62	a	a				a				a		r
A4/67	a	a				a				a		r
A4/68	a	a				a				a		r
A5/16	a	a								a		r
A6/1		r								r		a
A6/8		a								a		r
A6/17		a								a		r
A6/35	a	a	a	a					a	a	r	r
A7/9	r	a	a	r	r	r	r	r	r	r		r
A7/19		a	a							a		r
A7/61		r	r						r	r		a
A8/21	a	a	a	a					a	a		r
A8/24		a	a							a		r
A8/33		r	r						r	r		a
A8/39	a	r	a	a					a	a	a	a
A8/50	a	a	a	a					a	a	a	r
A8/74		r	r						r	r		a
A8/126		a	a							a		r
A8/128		a	a							a		r
A9/47	r	a	r	r	r	r	r	r	r	r	r	r
A9/63	r	a	r	r	r			r	r	r	r	r
A9/69	r	r	r						r	r	r	a
(A10/81)	r	r	r						r	r	r	a
A11/36	r	r							r	r	r	a
A11/52	a	a							a	a	a	r
A11/59	a	a							a	a	a	r
A12/27	r									r		a
A12/67	a									a		r
A12/69	a								a	a	a	r
A12/72	r									r		a
A12/83	r									r		a
A13/10	r									r		a
A13/30	a									a		r
A13/33	a									a		r
A13/110	r									r		a
A14/6	a									a		r
A14/37	r									r		a
A14/65	r	a	r	r	r			r		r		r
A14/90	r									r		a
A14/103	a									a		r
A14/104	r	r	r					r	r	r		a
A14/140	a	a	a					a		a		r
A14/157	r	a	r					r		r		r
A14/161	a	r	a	a	a	a	a	a	a	a		a
A14/170	a	a								a		r
A14/175	r									r		a
A14/176	r									r		a
A14/182	a									a		r
A14/187	a									a		r
A15/36	r	r								r		a
A15/62	a	r	a			a	a	a	a	a		a

A15/72	r	r	r		r			r	r		a		a
A15/80		a									a		r
A15/122		a									a		r
A15/134	a	a									a		r
A15/145		a									a		r
A15/161		a									a		r
A15/206		a									a		r
A15/215		a									a		r
A15/217		a									a		r
A16/47	r	a	r					r			r		r
A16/70	r	r	r					r	r		a		a
A16/123		a	a								a		r
A16/140		r	r								r		a
A16/166	r	a	r					r			r		r
A17/2		r	r								r		a
A17/9	r	a	r					r			r		r
A17/27		r	r								r		a
A17/47		a	a								a		r
A17/54		r	r								r		a
A17/71		a	a								a		r
A17/95		a	a								a		r
A17/96	r	r	r		r			r	r		a		a
A17/109		r									r		a
A17/111	a	a								a	a		r
A17/114	a	a								a	a		r
A17/116	r	a	r		r		r	r	r		r		r
A18/26	r	r								r		r	a
A18/50	a										a		r
A18/70	a										a		r
A18/148	r	a	r		r						r		r
A18/149	a	r	a	a	a						a		a
A18/153	a										a		r
A18/161	a	r	a	a						a	a		a
A19/8	r	a	a	r	r	r	r	r	r	r	r		r
A19/22	a	a								a	a		r
A19/82	a	a	a	a					a	a		r	r
A19/102		r									r		a
A19/104		r									r		a
A19/106	a	r	a		a	a	a	a	a	a		a	a
A19/111	r	a	r								r		r
A19/112	a	r	a		a	a				a		a	a
A19/115	a	r	a								a		a
A19/116	r	a	r		r					r		r	r
A19/117	a	r	a		a	a			a	a		a	a
A19/118	r	a	r						r		r		r
A19/119	a	r	a					a	a	a	a		a
A19/123	r	a	r		r	r			r		r		r
A19/124	a	r	a		a				a		a		a
A19/125	r	a	r		r			r	r		r		r
A19/138	r										r		a
A19/150	a	a						a	a	a	r		r
A19/157	r	a	r		r			r		r	r		r
A20/1	a	a									a		r
A20/3	r	a	r					r	r		r		r
A20/12		r									r		a
A20/23	a									a			r



A27/23	a	r		a		a			a				a				a
A27/83		a											a				r
A27/123		r											r				a
A27/125	r	a		r			r	r				r					r
A27/134	r	a		r		r				r		r					r
A27/156	r	a		r					r	r		r					r
A27/160	r	a		r					r			r					r
A27/189	r	a		r					r			r					r