

Schriftenreihe des Institutes für Pflanzenbau

Band 3/2002

Klaus Pillen

**Der Einsatz von DNA-Markern
in der Genomforschung der Gerste
unter besonderer Berücksichtigung
der AB-QTL-Analyse**

D 98 (Habil.-Schr. Universität Bonn)

Shaker Verlag
Aachen 2002

Die Deutsche Bibliothek - CIP-Einheitsaufnahme

Pillen, Klaus:

Der Einsatz von DNA-Markern in der Genomforschung der Gerste
unter besonderer Berücksichtigung der AB-QTL-Analyse/

Klaus Pillen. Aachen : Shaker, 2002

(Schriftenreihe des Institutes für Pflanzenbau ; Bd. 2002,3)

Zugl.: Bonn, Univ., Habil.-Schr., 2001

ISBN3-8322-0320-6

Copyright Shaker Verlag 2002

Alle Rechte, auch das des auszugsweisen Nachdruckes, der auszugsweisen
oder vollständigen Wiedergabe, der Speicherung in Datenverarbeitungs-
anlagen und der Übersetzung, vorbehalten.

Printed in Germany.

ISBN 3-8322-0320-6

ISSN 1619-9456

Shaker Verlag GmbH • Postfach 1290 • 52013 Aachen

Telefon: 02407 / 95 96 - 0 • Telefax: 02407 / 95 96 - 9

Internet: www.shaker.de • eMail: info@shaker.de

Zusammenfassung der Habilitation „Der Einsatz von DNA-Markern in der Genomforschung der Gerste unter besonderer Berücksichtigung der AB-QTL-Analyse“ von PD Dr. Klaus Pillen

In der vorliegenden Arbeit wurden als Beitrag zur Genomforschung der Gerste (*H. vulgare*) neue Ressourcen und Methoden entwickelt, die sowohl in der Grundlagenforschung als auch in der praktischen Züchtung der Gerste verwendbar sind. Der Fokus der Arbeit ist dabei auf die Gewinnung von neuen Mikrosatelliten-DNA-Markern aus einer Sequenzdatenbank sowie auf die Anwendung der Mikrosatelliten im Rahmen der Differenzierung von Gerstensorten und der AB-QTL (Advanced backcross quantitative trait locus)-Analyse gerichtet. Dazu wurden nachfolgende Zielsetzungen realisiert:

Zu Beginn der Arbeit wurden neue Mikrosatelliten der Gerste aus der EMBL-Sequenzdatenbank selektiert und durch Kopplungsanalysen oder mit Hilfe von Weizen-Gerste-Additionslinien chromosomal lokalisiert. Anschließend wurde ein Sortiment aus Sommer- und Wintergerstensorten mit Hilfe von EMBL-Mikrosatelliten differenziert. Mittels einer zweidimensionalen Hauptkoordinatenanalyse (PCoA) konnten dabei die europäischen Sommer- und Wintergersten klar in zwei Gruppen getrennt werden.

Im zweiten Teil der Arbeit wurde weltweit erstmals die von Tanksley und Nelson (1996) vorgestellte Methode der AB-QTL-Analyse in Gerste angewendet, um vorteilhafte QTL-Allele der Wildform *Hordeum spontaneum* (*Hsp*) zur Verbesserung von quantitativen agronomischen Merkmalen der Kulturgerste zu lokalisieren. Die Merkmale wurden über zwei Jahre und auf vier Standorten an BC₂F₂-abgeleiteten Linien aus zwei Wildformekreuzungen untersucht. Die Genotyp- und Phänotypdaten der beiden Populationen wurden mit Hilfe einer 2-faktoriellen Varianzanalyse auf die Existenz von Marker-assoziierten QTL-Regionen geprüft. In beiden Populationen konnten zahlreiche QTLs lokalisiert werden. Insgesamt 29 bzw. 52 positive QTL-Wirkungen, die eine Verbesserung des untersuchten quantitativen Merkmals durch das Wildformallel zeigten, konnten detektiert werden. Die vorliegende Arbeit ermöglichte damit weltweit erstmals die Erfassung von ertragsrelevanten vorteilhaften Allelen in der Gerstenwildform *Hsp*. So wurden beispielsweise in beiden Populationen hoch-signifikante positive Wirkungen von Wildformallelen auf den Ertrag festgestellt. Dabei führte an einzelnen Loci die Anwesenheit der Wildformallele zu einer Ertragssteigerung um bis zu 7,7 % relativ zum Kultur-Genotypen.

Die Ergebnisse der vorliegenden Arbeit zur AB-QTL-Analyse belegen anschaulich, daß sich die Gerstenwildform *Hsp*, wie bereits vorher Wildarten der Gattungen *Lycopersicon* und *Oryza*,

eignet, um agronomische Merkmale der Kulturart zu verbessern. Eine Nutzung der in dieser Arbeit lokalisierten QTL-Allele der Wildform *Hsp* in der praktischen Gerstenzüchtung erscheint dabei mittelfristig ebenso erfolgsversprechend wie die bereits seit langem praktizierte Einkreuzung von monogenen Resistenzquellen aus der gleichen Wildform.