

Schriftenreihe des Institutes für Pflanzenbau

Band 7/2005

Maria von Korff Schmising

**Detection of QTL for agronomic traits and
disease resistance in two advanced backcross
populations derived from a wild barley accession
(*Hordeum vulgare* ssp. *spontaneum*)**

D 98 (Diss. Universität Bonn)

Shaker Verlag
Aachen 2005

Bibliographic information published by Die Deutsche Bibliothek

Die Deutsche Bibliothek lists this publication in the Deutsche Nationalbibliografie; detailed bibliographic data is available in the internet at <http://dnb.ddb.de>.

Zugl.: Bonn, Univ., Diss., 2005

Copyright Shaker Verlag 2005

All rights reserved. No part of this publication may be reproduced, stored in a retrieval system, or transmitted, in any form or by any means, electronic, mechanical, photocopying, recording or otherwise, without the prior permission of the publishers.

Printed in Germany.

ISBN 3-8322-4293-7

ISSN 1619-9456

Shaker Verlag GmbH • P.O. BOX 101818 • D-52018 Aachen

Phone: 0049/2407/9596-0 • Telefax: 0049/2407/9596-9

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

Detection of QTL for agronomic traits and disease resistance in two advanced backcross populations derived from a wild barley accession (*Hordeum vulgare* ssp. *spontaneum*)

The objective of the present study was to identify favourable exotic QTL alleles for the improvement of agronomic traits and pathogen resistance in two BC₂DH populations derived from the crosses of two German spring barley varieties, Scarlett and Thuringia, with the wild barley accession ISR42-8 from Israel (*Hordeum vulgare* ssp. *spontaneum*). The two BC₂DH populations, referred to as S42 and T42, were genotyped with 98 and 78 SSR markers, respectively. Agronomic performance and disease resistance of the two populations, counting 301 and 84 BC₂DH lines, respectively, were recorded in a maximum of six different locations and in two consecutive years. QTL detection was carried out with a three-factorial ANOVA including the marker as fixed effect, the environment and lines nested in the marker genotype as well as the respective interactions as random effects. The QTL analysis for the population S42 resulted in 111 putative QTL for ten agronomic traits and for three traits related to pathogen resistance. The exotic genotype improved performance at 33 (35.5 %) of 93 QTL detected for agronomic traits and increased resistance at eleven (61.0 %) of 18 QTL identified for disease resistance. In the population T42, the QTL analysis yielded 69 putative QTL for nine agronomic traits and for two different leaf pathogens. The exotic genotype improved performance at 33 (52.3 %) of 63 putative QTL detected for agronomic traits and at four (66.7 %) of six putative QTL discovered for disease resistance. The exotic allele increased yield, for example, by 7.1 % and 3.9 % at a QTL detected on chromosome 4H in S42 and T42, respectively. In addition, the favourable effect of exotic alleles on pathogen resistance was demonstrated, for instance, by the reduction of powdery mildew leaf symptoms at the QTL QPm.S42-1H.a and QPm.T42-1H.a by 51.5 % and 56.6 % in S42 and T42, respectively. When the 41 putative QTL with a marker main effect detected in T42 were verified by a cross-validation, 23 could be confirmed in S42 (56.1 %). An analysis for epistatic interactions yielded eleven, eleven and five highly significant digenic interactions for the traits heading, plant height and yield, respectively, demonstrating that epistatic interactions do play a major role for the expression of quantitative traits. A direct implication of epistasis is that selection for increased trait values may be more efficient when it is practised on specific allelic combinations at two or more loci.

The verification of QTL effects in NILs (near-isogenic lines) selected from the populations S42 and T42 showed that half of the QTL effects tested could be confirmed in the NILs, in particular for the traits heading, height and powdery mildew resistance. The present study has demonstrated that exotic alleles do improve quantitative agronomic traits and that these effects could be verified in different environments, in two different genetic backgrounds and in near-isogenic lines.

Detektion von QTL für agronomische Merkmale und Krankheitsresistenz in zwei fortgeschrittenen Rückkreuzungspopulationen abgeleitet von einer Wildgersten-Akzession

Im vorliegenden Projekt sollen Allele der Wildgerste (*Hordeum vulgare* ssp. *spontaneum*) identifiziert werden, welche die agronomische Leistung und die Krankheitsresistenz in Kulturgerste verbessern. Es wurden zwei BC₂DH-Populationen, S42 und T42, aus den Kreuzungen der zwei Sommergerstensorten Scarlett und Thuringia mit der Wildgersten-Akzession ISR42-8 aus Israel erstellt. Die Populationen mit 301 (S42) und 84 (T42) BC₂DH-Linien wurden mit Hilfe von 98 (S42) und 78 (T42) SSR-Markern genotypisiert. Die phänotypische Evaluation der Populationen erfolgte für agronomische Merkmale und Krankheitsresistenz in Feldversuchen an insgesamt sechs verschiedenen Standorten in den Jahren 2003 und 2004. Die QTL-Analyse wurde mit einer 3-faktoriellen ANOVA durchgeführt mit den Faktoren, Marker, BC₂DH-Linie genestet im Markergenotyp, Umwelt und den entsprechenden Interaktionen.

Die QTL-Analyse in der Population S42 detektierte 111 putative QTL für zehn agronomische Merkmale und für die drei Blattkrankheiten, Zwergrost, Mehltau und Rhynchosporium secalis. Das Wildform-Allel hatte einen vorteilhaften Effekt auf agronomische Merkmale an 33 (35,5 %) von 93 QTL und auf Krankheitsresistenz an elf (61,0 %) von 18 detektierten QTL. In der Population T42, wurden 69 putative QTL für neun agronomische Merkmale und die Blattkrankheiten, Zwergrost und Mehltau identifiziert. Das Wildform-Allel verbesserte die Leistung an 33 (52,3 %) von 63 QTL für agronomische Merkmale und an vier (66,7 %) von sechs QTL für Krankheitsresistenz. Das Wildform-Allel erhöhte, z.B. den Ertrag um 7,1 % (S42) und 3,9 % (T42) an einem QTL auf Chromosom 4H, der in S42 und in T42 detektiert wurde. Der vorteilhafte Effekt des Wildform-Allels auf Krankheitsresistenz zeigte sich etwa in der Reduktion der Mehltausymptome um 51,5 % (S42) und 56,5 % (T42) an den QTL QPm.S42-1H.a und QPm.T42-1H.a. Von 41 putativen QTL mit einem Marker-Haupteffekt in T42 konnten 23 (56,1 %) in der Population S42 bestätigt werden. Eine Analyse epistatischer Wechselwirkungen zwischen allen möglichen Markerpaaren ergab jeweils elf, elf und fünf signifikante Interaktionen für die untersuchten Merkmale Blüte, Pflanzenhöhe und Ertrag. Die Verifikation der QTL Effekte in NILs (Nahe Isogene Linien) selektiert aus den Populationen S42 und T42 zeigte, dass die Hälfte aller getesteten QTL-Effekte, besonders für Blüte, Pflanzenhöhe und Mehltaresistenz in NILs bestätigt werden konnten. Die Ergebnisse der vorliegenden Arbeit machen deutlich, dass Allele der Wildgerste (*H. vulgare* ssp. *spontaneum*) quantitative agronomische Merkmale und Krankheitsresistenz in Kulturgerste verbessern. Diese Effekte konnten in zwei verschiedenen genetischen Hintergründen, in acht Umwelten und in ausgesuchten NILs verifiziert werden.