

**Institut für Pflanzenbau**  
**Professur für Speziellen Pflanzenbau und Pflanzenzüchtung**  
**Prof. Dr. J. Léon**

---

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

**Inaugural-Dissertation**  
zur  
**Erlangung des Grades**  
**Doktor der Agrarwissenschaften**  
**(Dr. agr.)**

der  
**Hohen Landwirtschaftlichen Fakultät**  
**der Rheinischen Friedrich-Wilhelms-Universität Bonn**

**vorgelegt am 16.01.05**

**von**  
**Maria v. Korff Schmising**  
**aus Bonn**

**(D98)**

**Erster Berichterstatter:** Prof. Dr. Jens Léon

**Zweiter Berichterstatter:** Prof. Dr. Karl Schellander

**Tag der mündlichen Prüfung:** 27.05.05

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](http://www.shaker.de) • eMail: [info@shaker.de](mailto: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 BC<sub>2</sub>DH 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 BC<sub>2</sub>DH 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 BC<sub>2</sub>DH 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.

**Deketion 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 BC<sub>2</sub>DH-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) BC<sub>2</sub>DH-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, BC<sub>2</sub>DH-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 Mehltauresistenz 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.

## INDEX

1	INTRODUCTION .....	1
1.1	Taxonomy and morphological characters of cultivated and wild barley .....	2
1.2	Barley origin .....	2
1.3	Production and utilization of barley .....	3
1.4	The barley genome and genomics in barley .....	4
1.5	Breeding and quantitative traits .....	6
1.6	SSR markers.....	7
1.7	Linkage maps .....	8
1.8	Methods of QTL detection.....	10
1.9	Genetic diversity .....	12
1.10	AB-QTL analysis .....	14
1.11	Near-isogenic lines.....	15
1.12	Epistasis .....	16
1.13	Objectives.....	17
2	MATERIALS AND METHODS.....	19
2.1	Development of two AB-populations in spring barley .....	19
2.2	DNA isolation .....	19
2.3	SSR markers.....	20
2.4	DNA amplification.....	21
2.5	Li-cor Electrophoresis.....	21
2.6	Genotype scoring .....	22
2.7	Phenotyping .....	22
2.7.1	<i>Yield and yield components</i> .....	22
2.7.2	<i>Phenotypic evaluation of disease symptoms</i> .....	24
2.8	Statistical analyses .....	25
2.8.1	<i>Multiple comparisons of least-square means</i> .....	25
2.8.2	<i>Genetic correlation of BC<sub>2</sub>DH lines</i> .....	25
2.8.3	<i>QTL analysis</i> .....	25
2.8.4	<i>Validation of QTL effects with NILs (near-isogenic lines)</i> .....	27
2.8.5	<i>Epistatic interactions</i> .....	28
3	RESULTS .....	32
3.1	Generation of the BC <sub>2</sub> DH populations.....	32
3.2	Genetic constitution of the BC <sub>2</sub> DH populations.....	32

3.3	Phenotypic traits.....	34
3.3.1	<i>Comparison of the populations S42 and T42 with the recurrent parents.....</i>	35
3.4	Correlations.....	36
3.5	Localisation of QTL.....	38
3.6	QTL analysis in the population S42.....	39
3.7	QTL analysis in the population T42 .....	49
3.8	QTL by environment interaction.....	56
3.9	Comparison of QTL detected in S42 and T42 .....	58
3.10	Validation of QTL effects in selected NILs (near-isogenic lines).....	61
3.11	Epistasis .....	64
4	DISCUSSION .....	67
4.1	Genotype data and distorted segregation .....	67
4.2	QTL analysis: statistical model.....	68
4.3	QTL analysis: comparison with candidate genes and other QTL analyses in barley .....	69
4.4	Genotype by environment interaction.....	79
4.5	Epistasis .....	80
4.6	Non-random distribution of QTL for agronomic traits.....	83
4.7	Cross Validation.....	84
4.8	Verification of QTL effects with NILs (near-isogenic lines) .....	85
4.9	Conclusions from AB-QTL studies .....	86
5	SUMMARY .....	89
6	REFERENCES .....	92
7	ABBREVIATIONS .....	105
8	TABLE LISTING .....	106
9	FIGURE LISTING .....	107
10	APPENDIX.....	108