

**Institut für Nutzpflanzenwissenschaften und Ressourcenschutz
Professur für Pflanzenzüchtung
Prof. Dr. J. Léon**

**Quantitative trait loci for agronomic and quality traits in two
advanced backcross populations of winter wheat**

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

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

**vorgelegt am 30.10.06
von
Dipl.-Ing. agr. Antje Kunert
aus Borken**

Erster Berichterstatter: Prof. Dr. Jens Léon
Zweiter Berichterstatter: Prof. Dr. Karl Schellander
Tag der mündlichen Prüfung: 26.01.2007

Schriftenreihe des Instituts für
Nutzpflanzenwissenschaften und Ressourcenschutz

Band 10/2007

Antje Kunert

**Quantitative trait loci for agronomic
and quality traits in two advanced
backcross populations of winter wheat**

D 98 (Diss. Universität zu Bonn)

Shaker Verlag
Aachen 2007

Bibliographic information published by the Deutsche Nationalbibliothek

The Deutsche Nationalbibliothek lists this publication in the Deutsche Nationalbibliografie; detailed bibliographic data are available in the Internet at <http://dnb.d-nb.de>.

Zugl.: Bonn, Univ., Diss., 2007

Copyright Shaker Verlag 2007

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 978-3-8322-5997-6

ISSN 1864-1334

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

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

Internet: www.shaker.de • e-mail: info@shaker.de

Abstrakt (in Deutsch)

In dem vorliegenden Projekt sollen Allele von zwei synthetischen, hexaploiden Weizenakzessionen identifiziert werden, die die agronomische Leistung und die Qualitätsmerkmale des Kulturweizens verbessern. Hierfür wurden zwei BC_2F_3 -Populationen, B22 und Z86, aus zwei deutschen Winterweizensorten mit zwei synthetischen, hexaploiden Weizenakzessionen erzeugt (Batis x Syn022 = B22; Zentos x Syn086 = Z86). Die Populationen wurden mit 79 (B22) und 97 (Z86) SSR-Markern genotypisiert. Zusätzlich wurden die HMW-Gluteline untersucht. In den Jahren 2004 und 2005 wurden die Populationen mit 250 (B22) und 150 (Z86) BC_2F_3 -Linien in Feldversuchen an fünf verschiedenen Standorten phänotypisch evaluiert. Es wurde eine QTL-Analyse in einer dreifaktoriellen ANOVA durchgeführt, mit dem Marker als fixem Effekt und der Linie geschachtelt im Markergenotyp, der Umwelt und den entsprechenden Interaktionen als zufälligen Effekten. Insgesamt wurden 152 (B22) und 125 (Z86) putative QTLs für neun agronomische Merkmale und sechs Qualitätsmerkmale identifiziert. In der Population B22 bewirkte das exotische Allel an 39 (25.7 %) putativen QTLs eine Verbesserung des Merkmals den Zuchtzielen entsprechend. Für die agronomischen Merkmale bedeutete die Substitution des Kulturallels durch die exotischen Allele eine Merkmalsverbesserung an 20 (19.2 %) von 104 detektierten QTLs. Bei den Qualitätsmerkmalen konnten 19 (39.6 %) vorteilhafte, exotische Allele von insgesamt 48 QTLs lokalisiert werden. In der Population Z86 wurden 40 (32.0 %) vorteilhafte, exotische Allele gefunden. Für die agronomischen Merkmale zeigte das exotische Allel eine Merkmalsverbesserung an 27 (29.7 %) von 91 identifizierten QTLs. Bei den Qualitätsmerkmalen konnten 13 (38.2 %) vorteilhafte, exotische Allele von 34 QTLs insgesamt detektiert werden. Von den 132 verwendeten Markern wurden 48 Marker (davon 46 SSRs) in beiden Populationen eingesetzt. Es konnten 17 putative QTLs (27.4 %) der Population Z86 ebenfalls in der Population B22 lokalisiert werden. Aus der Population B22 wurden 36 BC_2F_3 -Linien selektiert, die mindestens den Durchschnittsertrag der Population erzielten und zusätzlich vorteilhafte, exotische QTL-Allele tragen. Für die Merkmale Blühzeitpunkt, Backvolumenausbeute und Sedimentationswert wurden vier, eine und drei BC_2F_3 -Linien selektiert, deren Leistung signifikant über der Leistung der Eltern Batis lag. Eine vierfaktorielle ANOVA wurde durchgeführt um QTL-Effekte unter dem Einfluss der N-Gabe zu testen. Hierzu wurde dem Model der dreifaktoriellen ANOVA als ein zweiter fixer Faktor die N-Stufe zugefügt. Es wurden acht (B22) und vier (Z86) putative QTLs detektiert, die eine signifikante Interaktion zwischen dem Marker und der N-Stufe zeigten. An vier (50.0 %) und zwei (50.0 %) QTLs bewirkte das exotische Allel eine Merkmalsverbesserung in der niedrigen N-Stufe. Die vorliegende Arbeit zeigt, dass eine Verbesserung von agronomischen und Qualitätsmerkmalen des Kulturweizens durch exotische Allele erreicht werden kann.

Abstract (in English)

The objective of the present study was to detect favourable, exotic QTL alleles for the improvement of agronomic and quality traits in two advanced backcross populations of winter wheat. The two BC₂F₃ populations, B22 and Z86, derived from crosses of two German winter wheat varieties and two synthetic, hexaploid wheat accessions (Batis x Syn022 = B22; Zentos x Syn086 = Z86). The populations were genotyped with 79 (B22) and 97 (Z86) SSR markers, respectively. In addition, the HMW glutenins were investigated. The two populations, consisting of 250 (B22) and 150 (Z86) BC₂F₃ lines, were evaluated in field trials at five locations in Germany in 2004 and 2005.

A QTL analysis was carried out with a three-factorial ANOVA including the marker as a fixed effect and the line nested in the marker genotype, the environment and the respective interactions as random effects. In B22, 39 (25.7 %) favourable exotic QTL effects out of 152 putative QTLs were detected for nine agronomic and six quality traits. Among these putative QTLs, 20 (19.2 %) of 104 QTLs localised for agronomic traits revealed improved performance by the exotic allele and 19 (39.6 %) of 48 QTLs identified for quality traits were associated with a favourable effect of the exotic allele. In Z86, 40 (32.0 %) favourable, exotic alleles of 125 QTLs were located. For agronomic traits, the exotic allele exhibited trait improvements for 27 (29.7 %) of 91 QTLs identified. For the quality traits 13 (38.2 %) favourable QTLs were identified among 34 QTLs found. Of 132 markers utilised in this study, 48 markers (including 46 SSRs) were simultaneously genotyped in both populations. The shared markers revealed 17 putative QTLs (27.4 %) located in Z86, which were also identified in B22. Altogether 36 BC₂F₃ lines of B22 were selected, which produced at minimum the average yield of the population and carried favourable exotic alleles. The favourable exotic alleles were verified by comparing the performance of the BC₂F₃ line with that of the recurrent parent Batis. For the traits heading, baking volume yield and sedimentation volume, four, one and three BC₂F₃ lines improved the performance significantly compared to the recurrent parent Batis.

A four-factorial ANOVA was conducted to reveal QTL effects in combination with N-response. Therefore, the model of the three-factorial ANOVA was modified by including N-treatment as a second fixed factor. Altogether eight (B22) and four (Z86) putative QTLs presented a significant interaction between the marker and the N-treatment. At four (50.0 %) and two (50.0 %) QTLs the exotic allele improved trait performance under low N-treatment. The results of the present study show that exotic alleles are a useful source for the improvement of agronomic and quality traits in elite wheat varieties.

LIST OF CONTENTS

ABSTRAKT (IN DEUTSCH)	I
ABSTRACT (IN ENGLISH)	II
1. INTRODUCTION AND REVIEW OF LITERATURE	1
1.1 PRODUCTION AND UTILISATION OF WHEAT	1
1.2 TAXONOMY AND MORPHOLOGY OF WHEAT	2
1.3 THE ORIGIN OF HEXAPLOID WHEAT.....	4
1.4 SYNTHETIC HEXAPLOID WHEAT	5
1.5 THE GENETIC COMPOSITION OF WHEAT	6
1.6 THE PROSPECTS OF WHEAT BREEDING	9
1.7 GENETIC DIVERSITY AND GENETIC SOURCES	10
1.8 SSR MARKERS.....	11
1.9 ENDOSPERM STORAGE PROTEINS	13
1.10 GENETIC AND PHYSICAL WHEAT MAPS	15
1.11 QTL DETECTION.....	16
1.12 AB-QTL ANALYSIS	18
1.13 OBJECTIVES	20
2. MATERIAL AND METHODS	21
2.1 DEVELOPMENT OF TWO ADVANCED BACKCROSS POPULATIONS IN WINTER WHEAT	21
2.2 MOLECULAR MARKER ANALYSIS	22
2.2.1 DNA ISOLATION	22
2.2.2 SSR MARKERS.....	22
2.2.3 DNA AMPLIFICATION	23
2.2.4 POLYACRYLAMIDE GEL ELECTROPHORESIS.....	23
2.2.5 GENOTYPE SCORING.....	24
2.3 HMW GLUTENIN ANALYSIS	25
2.3.1 PROTEIN EXTRACTION	25
2.3.2 SODIUM DODECYL SULFATE POLYACRYLAMIDE GEL ELECTROPHORESIS (SDS-PAGE)	25
2.3.3 HMW SUBUNIT IDENTIFICATION.....	26
2.4 PHENOTYPING	26
2.4.1 AGRONOMIC TRAITS	26
2.4.2 QUALITY TRAITS	27
2.5 STATISTICAL ANALYSES.....	29
2.5.1 COMPARISON OF MEAN VALUES.....	29
2.5.2 ANALYSIS OF GENETIC CORRELATIONS.....	29

2.5.3	<i>QTL ANALYSES</i>	29
3.	RESULTS	33
3.1	GENERATION OF THE BC ₂ F ₃ POPULATIONS.....	33
3.2	MARKER ANALYSIS OF THE BC ₂ F ₃ POPULATIONS	33
3.3	ASSESSMENT OF TRAIT PERFORMANCE	36
3.4	CORRELATIONS BETWEEN TRAITS.....	39
3.5	LOCALISATION OF QTLs IN A THREE-FACTORIAL ANOVA	41
3.5.1	<i>QTL ANALYSIS IN B22</i>	42
3.5.2	<i>QTL ANALYSIS IN Z86</i>	55
3.5.3	<i>PLEIOTROPIC EFFECTS</i>	66
3.6	COMPARISON OF QTLs DETECTED IN B22 AND Z86.....	72
3.7	SELECTION OF BC ₂ F ₃ LINES OF POPULATION B22 CARRYING FAVOURABLE EXOTIC ALLELES	76
3.8	LOCALISATION OF N-RESPONSIVE QTLs	79
3.8.1	<i>N-RESPONSIVE QTLs OF B22</i>	80
3.8.2	<i>N-RESPONSIVE QTLs OF Z86</i>	81
4.	DISCUSSION	84
4.1	GENETICS OF THE BC ₂ F ₃ POPULATIONS	84
4.2	DISTRIBUTION OF DETECTED QTLs IN THE GENOMES AND CHROMOSOMES	85
4.3	PHENOTYPIC CORRELATIONS AND CORRESPONDENCE WITH QTL RESULTS.....	85
4.4	COMPARISON OF DETECTED QTLs WITH OTHER QTL STUDIES.....	86
4.5	INFLUENCE OF HMW GLUTENIN SUBUNITS ON QUANTITATIVE TRAITS	105
4.6	ADVANTAGES AND LIMITATIONS OF THE EXPERIMENTAL DESIGN	106
4.7	ENVIRONMENT-DEPENDENT QTLs AND CROSSOVER INTERACTION	108
4.8	COMPARISON OF QTLs DETECTED IN B22 AND Z86.....	109
4.9	SELECTION OF BC ₂ F ₃ LINES IN B22.....	110
4.10	N-RESPONSE	111
4.11	CONCLUSIONS	114
5.	SUMMARY	117
6.	REFERENCES	120
7.	FIGURE LISTING	132
8.	TABLE LISTING	132
9.	ABBREVIATIONS	133
10.	APPENDIX	134