

# QTL - Kartierung der Fusariumresistenz einer BC2 Population aus *Triticum macha* \* *Triticum aestivum*

M. BUERSTMAYR, J. MATUSCHKA, C. GLADYSZ, K. HUBER und H. BUERSTMAYR

## Einleitung und Fragestellung

Fusariumbefall kann in einzelnen Jahren Ertrags- und Qualitätseinbußen bei Getreide hervorrufen. Erste Wahl zur Verminderung des Fusariumbefalls ist die Züchtung resistenter Sorten. Abgesehen von Sumai-3 gibt es zurzeit wenig Information über mögliche Resistenzquellen. In der zu untersuchenden Population fungiert *Triticum macha* als Resistenzpartner. Der Ursprung dieses Pflanzenmaterials im Kaukasusgebiet lässt darauf schließen, dass keine Verwandtschaft zum chinesischen Gen Pool besteht.

## Material und Methoden

### Pflanzenmaterial

Untersucht werden 320 Nachkommen-schaften von BC<sub>2</sub>F<sub>4:5</sub> Pflanzen der Kreuzung der Winterweizensorte Furore x *Triticum macha*.

### Feldversuche

Zur Evaluierung der Resistenzeigenschaften werden Doppelreihen der Prüflinien über drei Jahre in 2 bis 4 Wiederholungen pro Jahr auf dem Feld geprüft. Diese Doppelreihen werden entweder mit einem Konidiosporenisolat aus *Fusarium graminearum* oder aus *F. culmorum* zweimal im Abstand von zwei Tagen sprühhinokuliert. Am 10., 14., 18., 22., 26. Tag nach Inokulation erfolgt eine visuelle Bonitur des Befallsgrades. Diese Bonituren dienen zur Berechnung der Fläche unter der Krankheitsverlaufkurve (AUDPC, area under the disease progress curve).

### Genomanalyse

Das zur Genomanalyse verwendete Material stammt aus Blättern von BC<sub>2</sub>F<sub>4:5</sub> Pflanzen. Ziel ist es mit etwa 500 molekularen Datenpunkten das Genom zu kartieren. Diese Daten werden mit den Ergebnissen der Feldversuche verrech-

net. Bis dato wurden etwas mehr als 100 SSR Analysen durchgeführt. Mit AFLP Analysen wurde begonnen.

## Vorläufige Ergebnisse

*F. graminearum* und *F. culmorum* zeigten sehr hohe Korrelationen ( $r=0.74$ ). In der vorläufigen QTL Analyse mit 100 SSR Markern und drei unabhängigen Feldversuchen fanden sich Resistenz QTLs auf den Chromosomen 4A, 2B und 3A. Der von STEED et al. (2005) lokalisierte QTL auf dem 4A Chromosom bestätigte sich in unseren Experimenten.

## Literatur

STEED, A., E. CHANDLER, M. THOMSETT, N. GOSMAN, S. FAURE und P. NICHOLSON, 2005: Theoretical and Applied Genetics 111: 521-529.

## Danksagung

Dieses Projekt wird gefördert vom Fond zur Förderung der wissenschaftlichen Forschung, Projektnummer: 17310-B05.

---

**Autoren:** Dipl.-Ing. Maria BUERSTMAYR, maria.buerstmayr@boku.ac.at, Josef MATUSCHKA, Dr. Christian GLADYSZ, Dipl.-Ing. Karin HUBER, Dr. Hermann BUERSTMAYR, BOKU-University of Natural Resources and Applied Life Sciences, Vienna, Department IFA-Tulln, Institute for Biotechnology in Plant Production, Konrad Lorenz Straße 20, A-3430 TULLN

---

