

Genetische Analyse des Merkmals Fallzahl in europäischen Winterweizen Genetic analysis of Hagberg falling number in European winter wheat

Volker Mohler^{1*}, Günther Schweizer¹ und Lorenz Hartl¹

Abstract

The Hagberg falling number, a value determining character of bread wheat, is a measure for starch strength. Low falling number is generally associated with pre-harvest sprouting which is defined as germination of mature seeds on the plant. However, additional causes of low falling number include late maturity α -amylase activity, prematurity sprouting or viviparity and retained pericarp α -amylase activity. The objective of this research was to identify quantitative trait loci (QTL) for falling number in the absence of pre-harvest sprouting using two bi-parental mapping populations. The genotypes were grown in four environments in Germany in 2008 and 2009. Considering means across environments, we found that the wheat-rye translocated chromosome T1BL·1RS, a QTL on chromosome 6B, and a QTL on chromosome 7BL - located in the same genomic region as the previously described major locus for late maturity α -amylase activity - had the strongest influence on falling number in the wheat germplasm investigated.

Keywords

Hagberg falling number, late maturity α -amylase activity, molecular markers, pre-harvest sprouting, *Triticum aestivum*

Einleitung

Die Fallzahl ist ein wertbestimmendes Merkmal für die Vermarktung von Weizen und beschreibt die Wirkung des Enzyms α -Amylase durch Prüfung des Grades der Stärkeverkleisterung einer wässrigen Weizenschrot-/Mehlsuspension. Klassischer Auswuchs, *Late-maturity* α -Amylase-Aktivität, *Viviparie* und *Retained pericarp* α -Amylase-Aktivität sind vier voneinander unabhängige Prozesse, die zu niedrigen Fallzahlen von Weizenmehl führen, wobei vorrangig die beiden erstgenannten zu wirtschaftlichen Einbußen führen (TJIN WONG JOE et al. 2005).

Late-maturity α -Amylase (LMA) ist ein genetischer Defekt, der in betroffenen Sorten zu einer frühzeitigen α -Amylase-Synthese während der späten Phase der Kornreifung führt (MARES und MRVA 2008). Die im reifen Korn andauernde α -Amylase-Aktivität bedingt dann niedrige Fallzahlen. Im Unterschied zum klassischen Auswuchs, also bei der Keimung physiologisch reifer Körner auf der Mutterpflanze, finden bei LMA keine Änderungen im Embryo statt,

weshalb diese beiden Prozesse unabhängig voneinander zu betrachten sind. Desweiteren handelt es sich um ein stark umweltabhängiges Merkmal. Die Ausprägung von LMA variiert nicht nur zwischen den Anbaujahren, den Standorten eines Anbaujahres und den Parzellen eines Standorts, sondern auch zwischen den Einzelpflanzen einer Parzelle, den Ähren einer Einzelpflanze sowie den Körnern einer Ähre. Dies betrifft vor allem anfällige Sorten, die durch einen besonderen genetischen Hintergrund gekennzeichnet sind. Anfällige Sorten mit den Giberellinsäure-insensitiven Verzweigungsallelen wie z.B. *Rht-D1b* zeigen eine temperaturabhängige Ausprägung. Für die Ausprägung von LMA wird ein Temperaturschock im Zeitfenster 25-30 Tage nach der Blüte benötigt, d.h. bei Fehlen des Temperaturschocks zeigen diese Genotypen stabile Fallzahlen (MARES und MRVA 2008). Weitere Untersuchungen haben gezeigt, dass die Anwesenheit der Weizen-Roggen-Translokation T1BL·1RS den Effekt der Verzweigungsallele wieder umkehren kann (MARES und MRVA 2008).

Tabelle 1 zeigt die Fallzahlen ausgewählter Sorten aus dem Anbau in sieben Umwelten, die frei von Auswuchsbedingungen waren und rechtzeitig geerntet wurden. Während die Sorten Dream und Tommi sehr hohe Fallzahlen aufwiesen, waren die Sorten Bussard und Batis durch stabile Fallzahlen auf mittlerem bis hohem Niveau gekennzeichnet. Einzig die englische Sorte Lynx zeigte eine hohe Variabilität bezüglich der Ausprägung des Merkmals Fallzahl.

Material und Methoden

Die Kartierungspopulationen Dream/Lynx und Bussard/W332-84 wurden in jeweils vier Umwelten in zwei Wiederholungen in den Jahren 2008 und 2009 angebaut.

Tabelle 1: Fallzahlen ausgewählter Sorten aus dem Anbau in sieben Umwelten (Fallzahlen <220 s sind fett gedruckt)

Table 1: Falling numbers of selected cultivars grown in seven environments (falling numbers <220 s are printed in bold)

Umwelt	Sorte				
	Dream	Tommi	Bussard	Batis	Lynx
Morgenrot 2008	387	347	330	274	182
Aspachhof 2008	483	441	292	304	173
Mittelhof 2008	386	360	300	273	97
Jerxheim 2008	386	336	268	243	127
Morgenrot 2009	436	401	371	281	264
Sülbeck 2009	385	361	285	244	71
Jerxheim 2009	408	368	352	306	232

¹ Bayerische Landesanstalt für Landwirtschaft, Institut für Pflanzenbau und Pflanzenzüchtung, Am Gereuth 8, D-85350 FREISING

* Ansprechpartner: Volker MOHLER, volker.mohler@lfl.bayern.de



Die deutschen Sorten Dream und Bussard repräsentieren Qualitätsweizen, während die englische Sorte Lynx und der deutsche Zuchtstamm W332-84 der ertragreichen Brot- bzw. Futterweizenklasse zugeordnet werden können. Lynx ist zudem Träger des Verzweigungsallels *Rht-D1b* und der Weizen-Roggen-Translokation T1BL·1RS. Die Markerdichte der genetischen Karte der Population Dream/Lynx (SCHMOLKE et al. 2006) wurde mit Mikrosatelliten erhöht. Die Genotypisierung der Population Bussard/W332-84 erfolgte mit Diversity Arrays Technology (DArT)-Markern (AKBARI et al. 2006). Die Fallzahlen der Populationen wurden nach der Standard-Methode ICC-Nr. 107/1 (International Association for Cereal Science and Technology, Wien) aus Mischproben der Wiederholungen ermittelt. Die QTL-Analyse wurde mit der Software MultiQTL Version 2.6 (<http://www.multiqtl.com/>) durchgeführt. Hierbei gingen die Genotypdaten der Prüfumwelten als Mittelwert in das analytische Modell ein. Es wurde ein „Multiple Interval Mapping“ durchgeführt.

Ergebnisse und Diskussion

Bei Betrachtung der Genotyp-Mittelwerte über alle Umwelten konnten in der Population Dream/Lynx für das Merkmal Fallzahl drei Haupt-QTL auf den Chromosomen 1B, 6B und 7B lokalisiert werden, die 12,2%, 10,1% bzw. 19,1% der phänotypischen Varianz erklärten (Tabelle 2). Der QTL auf dem langen Arm von Chromosom 7B mit dem größten Effekt auf die Fallzahl (62 s) ist im gleichen Genomabschnitt lokalisiert wie ein QTL, der mit dem Merkmal α -Amylase-Synthese während der späten Kornreifungsphase assoziiert ist (MARES und MRVA 2008). Da die beiden Merkmale Fallzahl und α -Amylase-Synthese während der späten Kornreifungsphase eng miteinander zusammenhängen, könnte es sich um denselben funktionellen Genort auf Chromosom 7BL handeln, der diesen beiden Merkmalen zugrundeliegt. Wie bereits für Backqualitätsmerkmale, z.B. Sedimentationswert, gezeigt (BURNETT et al. 1995), konnte auch für das Merkmal Fallzahl ein negativer Effekt der Weizen-Roggen-Translokation - Verringerung der Fallzahl im Mittel um 49 s - nachgewiesen werden. Der dritte Fallzahl-QTL auf Chromosom 6B kartiert in einer Region, die mit hoher Wahrscheinlichkeit mit dem Locus *Amy-B1*, der für α -Amylasen mit hohem isoelektrischen Punkt kodiert, assoziiert ist.

In der Population Bussard/W332-84 wurden zwei Haupt-QTL auf den Chromosomen 4A und 7B für das Merkmal Fallzahl identifiziert (Tabelle 2). Wie in der Population Dream/Lynx lokalisiert der QTL auf Chromosom 7B nicht nur in der gleichen genomischen Region, sondern ist auch mit einem Mittel von 59 s derjenige mit dem stärksten Effekt auf die Fallzahl.

Unsere Untersuchungen haben gezeigt, dass LMA im deutschen Winterweizensortiment vorhanden ist, jedoch nur in einem geringen Umfang. Die Sorten Lynx und Bussard tragen mit sehr hoher Wahrscheinlichkeit das für LMA ursächliche Allel auf Chromosom 7B. Während die Sorte Lynx sehr niedrige Fallzahlen aufwies, die durch das zusätzliche Vorhandensein der Weizen-Roggen-Translokation T1BL·1RS erklärt werden können, scheint der Eliteweizen Bussard diesen genetischen Defekt durch andere Genorte zu kompensieren, so dass kritische Schwellenwerte der Fallzahl i.d.R. nicht unterschritten werden.

Bei der Nutzbarmachung nicht adaptierter genetischer Ressourcen z.B. synthetischer Weizen (MRVA et al. 2009) treten immer wieder Linien mit LMA in Erscheinung, weshalb molekulare Selektionswerkzeuge entwickelt werden müssen, um diesen genetischen Defekt mittelfristig aus dem deutschen Züchtergenpool entfernen zu können.

Danksagung

Wir danken den folgenden Züchterhäusern für die tatkräftige Unterstützung bei der Durchführung des Projekts: SW Seed Hadmersleben GmbH, Fr. Strube Saatzucht GmbH & Co. KG, Saatzucht Streng GmbH & Co. KG, Saatzucht Josef Breun GbR, Saatzucht Dieckmann GmbH & Co. KG und KWS Lochow GmbH.

Weiterhin gilt unser Dank allen beteiligten Mitarbeitern der Arbeitsgruppen IPZ 2c (Züchtungsforschung Weizen und Hafer), IPZ 1b (Genomanalyse) des Instituts für Pflanzenbau und Pflanzenzüchtung sowie der Abteilung Qualitätssicherung und Untersuchungswesen der Bayerischen Landesanstalt für Landwirtschaft.

Letztlich möchten wir uns bei der Gemeinschaft zur Förderung der privaten deutschen Pflanzenzüchtung e.V. (GPZ, Projektnummer, G 116/07a) und dem Bundesministerium für Wirtschaft und Technologie (BMW, Projektnummer 16IN0577) für die Förderung des Projekts bedanken.

Tabelle 2: Signifikante ($P < 0.001$) QTL für das Merkmal Fallzahl in den Populationen Dream/Lynx and Bussard/W332-84

Table 2: Significant ($P < 0.001$) QTL for falling number in the populations Dream/Lynx and Bussard/W332-84

Chromosom	Markerintervall	Alle Umwelten			QTL-Donor ⁴
		LOD ¹	R^2 (%) ²	Eff. (s) ³	
Dream/Lynx					
1B	<i>Xiag95 - Xgwm18</i>	5.1	12.2	49	Dream
6B	<i>XP7548-438 - XP7851-350</i>	4.9	10.1	45	Dream
7B	<i>XS2515-270 - XS2524-502</i>	8.8	19.1	62	Dream
Bussard/W332-84					
4A	<i>XwPt3349 - XwPt15434</i>	3.4	13.4	35	332-84
7B	<i>XwPt5069 - XwPt4902</i>	8.6	38.3	59	332-84

¹ LOD-Wert, *logarithm of odds-value*

² erklärter Anteil der phänotypischen Varianz

³ additive Alleleffekte der QTL in Sekunden

⁴ Donor des Allels, das zu einer höheren Merkmalsausprägung führt

Literatur

- AKBARI M, WENZL P, CAIG V, CARLING J, XIA L, YANG S, USZYNSKI G, MOHLER V, LEHMENSIEK A, KUCHEL H, HAYDEN MJ, HOWES N, SHARP P, VAUGHAN P, RATHMELL B, HUTTNER E, KILIAN A, 2006: Diversity arrays technology (DArT) for high-throughput profiling of the hexaploid wheat genome. *Theor Appl Genet* 113: 1409-1420.
- BURNETT CJ, LORENZ KJ, CARVER BF, 1995: Effects of the 1B/1R translocation in wheat on composition and properties of grain and flour. *Euphytica* 86: 159-166.
- MARES DJ, MRVAK, 2008: Late-maturity α -amylase: low falling number in wheat in the absence of preharvest sprouting. *J Cereal Sci* 47: 6-17.
- MRVA K, CHEONG J, YU B, LAW HY, MARES DJ, 2009: Late maturity α -amylase in synthetic hexaploid wheat. *Euphytica* 168: 403-411.
- SCHMOLKE M, ZIMMERMANN G, BUERSTMAYR H, SCHWEIZER G, MIEDANER T, KORZUN V, EBMEYER E, HARTL L, 2005: Molecular mapping of Fusarium head blight resistance in the winter wheat population Dream/Lynx. *Theor Appl Genet* 111: 747-756.
- TJIN WONG JOE AF, SUMMERS RW, LUNN GD, ATKINSON MD, KETTLEWELL PS, 2005: Pre-maturity α -amylase and incipient sprouting in UK winter wheat, with special reference to the variety Rialto. *Euphytica* 143: 265-269.