

Kartierung von Resistenz-QTL gegen Ährenfusarium in der Winterweizen-Population History/Rubens

J. HOLZAPFEL, H.-H. VOSS, V. KORZUN, T. MIEDANER, G. SCHWEIZER, G. ZIMMERMANN und L. HARTL

Die Ährenfusariose zählt zu den wichtigsten Krankheiten des Weizens. Problematisch ist vor allem die Mykotoxinbelastung des Getreidekorns. Das europäische Winterweizen-Sortiment beinhaltet jedoch mehrere resistente Sorten, die als Resistenzdonoren in Zuchtprogrammen genutzt werden können. Die genetische Kartierung von QTL für Fusarium-Resistenz, welche aus dem angepassten, ertragreichen europäischen Genpool stammen, war das Ziel dieser Arbeit. Sie ermöglicht die Bereitstellung von molekularen Markern, welche die Selektion resistenter Linien unterstützen und Zuchtprogramme effizienter gestalten sollen.

Dafür wurde eine Population, bestehend aus 103 Weizenlinien (RIL, $F_{6,9}$) einer History/Rubens-Kreuzung, sowohl phänotypisch als auch genotypisch untersucht. Die Population wurde an insgesamt fünf nord- und süddeutschen Umwelten in den Jahren 2005 und 2006

auf ihre Fusarium-Resistenz durch künstliche Inokulation geprüft. Des Weiteren wurde die DNA der Linien bisher mit 311 AFLP- und 72 SSR-Markern analysiert. Die Population spaltete nicht nur in der Fusarium-Anfälligkeit, sondern auch in der Wuchshöhe, bedingt durch das Kurzstrohgen *Rht-D1b* (ehem. *Rht2*), vererbt vom anfälligen Elter Rubens. Die Linien konnten mit perfekten *Rht-D1*-Markern untersucht werden, die direkt im Gen liegen.

Auf Basis der Markerdaten wurde eine genetische Karte erstellt, die 1.297 cM (Haldane) des Weizengenoms abdeckt. Davon waren 315 cM auf dem A-Genom, 630 cM auf dem B-Genom und 73 cM auf dem D-Genom lokalisiert. 279 cM konnten noch nicht zugeordnet werden. Diese Karte und die Felddaten stellten die Grundlage für die QTL-Verrechnung dar.

Mittels multipler Intervall-Kartierung, bei der die Interaktionen der QTL be-

rücksichtigt werden, konnten insgesamt zehn QTL für Fusarium-Resistenz in den fünf Prüfumwelten identifiziert werden. Diese QTL waren im Permutationstest ($N = 1.000$, $p < 0,001$) hoch signifikant. Der QTL, der am meisten an der phänotypischen Varianz erklärte ($R^2 = 26,8\%$, $LOD = 46,8$), war auf Chromosom 4DS im Bereich des Kurzstrohgens lokalisiert. Dabei waren die Linien mit QTL (Wildtyp-Allel, *rht-D1a*) im Mittel um 11,8% weniger mit Fusarium befallen als Linien ohne QTL (Kurzstroh-Allel, *Rht-D1b*). Bedingt durch das Wildtyp-Allel im *Rht-D1*-Gen waren die Linien mit QTL jedoch im Mittel um 17,5 cm signifikant länger. Ein weiterer bedeutender QTL ($R^2 = 7,3\%$, $LOD = 18,2$) wurde auf Chromosom 7BS im Markerintervall *XP6653-115k* und *Xgwm255* identifiziert. Dieser QTL war unabhängig von der Wuchshöhe und könnte für markergestützte Rückkreuzungsprogramme interessant sein.

Autoren: Dipl.-Ing.agr. Josef HOLZAPFEL, Dr. Günther SCHWEIZER, Dr. Gerhard ZIMMERMANN und Dr. Lorenz HARTL, Bayerische Landesanstalt für Landwirtschaft, Am Gereuth 6, D-85354 FREISING-WEIHENSTEPHAN, lorenz.hartl@lfl.bayern.de; MSc.agr. Hans-Henning VOSS und Prof. Dr. Thomas MIEDANER, Universität Hohenheim, Landessaatzuchtanstalt, D-70593 STUTTGART; Dr. Viktor KORZUN, Lochow-Petkus GmbH, D-37574 EINBECK

