

Localisation of chromosomal regions influencing quantitative traits in a segregating wheat X spelt population using molecular markers

Doctoral Thesis

Author(s):

Keller, Martin

Publication date:

1998

Permanent link:

<https://doi.org/10.3929/ethz-a-001987457>

Rights / license:

[In Copyright - Non-Commercial Use Permitted](#)

Diss. ETH No. 12859

**Localisation of chromosomal regions influencing
quantitative traits in a segregating wheat × spelt
population using molecular markers**

A dissertation submitted to the
SWISS FEDERAL INSTITUTE OF TECHNOLOGY
ZURICH
for the degree of
DOCTOR OF NATURAL SCIENCES

presented by
Martin Keller
Dipl. Ing. Agr. ETH-Zurich
born January 22, 1970
citizen of Schlosswil (BE)

accepted on the recommendation of
Prof. Dr. P. Stamp, examiner
Dr. M.M. Messmer, co-examiner
Dr. J.E. Schmid, co-examiner
Prof. Dr. B. Keller, co-examiner

Zurich, 1998

SUMMARY

As wheat (*Triticum aestivum* L.) is one of the major crops in feeding mankind, there is an increasing interest in wheat breeding world-wide. Wheat is the major crop in Switzerland covering about 33% of the arable land. Spelt (*Triticum spelta* L.), a hexaploid *Triticeae* species closely related to *T. aestivum*, has been replaced by *T. aestivum* in most regions. However, spelt remains a very interesting alternative for marginal regions, where adverse growing conditions prevent the cultivation of wheat. The plant population investigated in this study represents actual breeding material of the Swiss wheat and spelt breeding programs and segregates for many agronomically important traits. Therefore, it allows the mapping of quantitative trait loci (QTL) for these traits and the identification of linked markers which can be used in both breeding programs.

Two major problems in wheat and spelt production are lodging caused by the combination of wind and rain and powdery mildew caused by the fungus *Erysiphe graminis* f. sp. *tritici* which both lead to high losses in grain yield and quality. To date, a significant part of the wheat growing surface in Switzerland is treated with chemical growth regulators and fungicides to prevent lodging and the epidemic spread of powdery mildew, respectively. Thus, wheat and spelt varieties with improved resistance to lodging and powdery mildew are important prerequisites for reducing the use of agrochemicals in Swiss agriculture.

While lodging resistance has always been regarded as a quantitative trait, breeding for resistance to powdery mildew has for a long time been based on the exploitation of race-specific major genes (*Pm* genes). However, the introgression of *Pm* genes has not provided durable resistance. Breeding for quantitative resistance to powdery mildew is more promising. For quantitative traits the phenotypic segregation is continuous instead of discrete, because several genes are involved in the expression of the trait and/or there are strong effects of the environment. It is, therefore, difficult to select for quantitative resistance to lodging and to powdery mildew on a phenotypic basis. With the possibility to establish genetic maps and to calculate the most likely positions of QTL on these maps, molecular markers for quantitative resistance to lodging and to powdery mildew can be found. Molecular markers linked with the

corresponding genes would provide an important tool to improve breeding for resistant wheat and spelt varieties.

To our knowledge, no QTL for resistance to lodging or to powdery mildew resistance have been localised in wheat or spelt. This study contributed to the construction of a comprehensive genetic map of a segregating population of 226 recombinant inbred lines derived from the cross of the Swiss wheat variety Forno with the Swiss spelt variety Oberkulmer. A wheat \times spelt cross was chosen for genetic mapping because of the higher degree of polymorphism at the DNA level between wheat and spelt than within wheat. Forno shows a very good lodging resistance, a good adult-plant resistance to powdery mildew and probably contains the *Pm5* gene. Oberkulmer is highly susceptible to lodging, moderately susceptible to powdery mildew and does not have any known *Pm* gene. The genetic map of the population finally contained 182 loci with 23 linkage groups (2469 cM). On the basis of this map we localised and characterised QTL for lodging resistance and powdery mildew resistance.

Lodging resistance and morphological traits that might influence lodging resistance (plant height, leaf width, leaf growth habit, culm stiffness, culm swinging, culm thickness, days to ear emergence and days to flowering) were assessed in field trials at two locations in 1996 and at one location in 1997. Some specific morphological traits which were correlated with lodging in a set of spring wheat lines tested in the first phase of the program did not prove to be suitable for the wheat \times spelt population. Plant height and culm stiffness explained 77% of the phenotypic variance of lodging in a multiple regression model. With the attempt to standardise the manual assessment of culm stiffness, different measurement methods were developed which proved to be inferior to the hand scoring initially used. We found nine QTL for lodging resistance distributed across the whole genome which explained 63% of the phenotypic variance. Three of these QTL had major effects. Lodging resistance can, therefore, be considered as polygenic trait with major effects of few single genes. Seven of these QTL coincided with QTL for morphological traits, reflecting the correlations between these traits and lodging.

Powdery mildew resistance was assessed in field trials at two locations in 1995 and at three locations in 1996. 18 QTL for powdery mildew resistance were detected, explaining 77% of the phenotypic variance in a simultaneous fit. Therefore, adult-plant resistance to powdery mildew under field conditions has to be considered as a polygenic trait. The high heritability estimates and the small number of significant QTL \times environment interactions suggest that the

environmental influence did not affect the phenotype to a great extent. Two QTL on chromosome 5A and 7B had major effects and were consistent over all five environments. The QTL on 5A was derived from the spelt variety Oberkulmer and did not correspond to any known *Pm* gene. The other QTL corresponds to the *Pm5* locus derived from Forno on chromosome 7B. The QTL at the *Pm5* locus showed a large effect, although virulent races were present for *Pm5* in all five environments. This suggests that this gene is still effective if a mixture of different races is causing the disease.

For quantitative traits, marker assisted selection (MAS) has been proposed as a way to increase selection gain. The ability to estimate locations and effects of genes could be very useful for the design and application of new, efficient, breeding strategies. For an improvement of lodging resistance, the most efficient way in the investigated population would be a combination of indirect selection on plant height and culm stiffness combined with MAS on the two QTL for lodging resistance which did not coincide with QTL for morphological traits. For resistance against powdery mildew, MAS offers the potential for simultaneous selection of race specific major genes for complete resistance and minor resistance genes for partial resistance. This new strategy will help to breed wheat and spelt varieties with durable resistance to powdery mildew. The present study provides fundamental knowledge for the application of MAS for resistance to lodging and to powdery mildew and will, therefore, contribute to improved breeding efficiency for these traits.

II

ZUSAMMENFASSUNG

Weizen (*Triticum aestivum* L.) ist eine der wichtigsten Kulturarten für die menschliche Ernährung. Aus diesem Grund besteht weltweit ein sehr grosses Interesse an der Weizenzüchtung. In der Schweiz wird Weizen auf rund einem Drittel des Ackerlandes angebaut und ist damit die wichtigste Ackerkultur. Dinkel (*Triticum spelta* L.) ist eine hexaploide, dem Weizen nahe verwandte Getreideart. Dinkel wurde in den meisten Regionen durch den leistungsfähigeren Weizen verdrängt, blieb aber bis heute eine interessante Alternativkultur in klimatisch ungünstigen Lagen. Die Population, welche in dieser Studie untersucht wurde, entspricht aktuellem Zuchtmaterial aus dem schweizerischen Weizen- und Dinkelzuchtprogramm. Sie spaltet daher für viele, agronomisch wichtige Merkmale und ermöglicht die Kartierung der Genorte (QTL), die für diese Merkmale verantwortlich sind. Dies erlaubt die Identifizierung von gekoppelten Markern, welche in den beiden Zuchtprogrammen eingesetzt werden können.

Zwei Hauptprobleme in der Weizen- und Dinkelproduktion sind Lager, ausgelöst durch Regen und Wind, sowie Mehltau, verursacht durch die Pilzkrankheit *Erysiphe graminis* f. sp. *tritici*. Lager und Mehltau können zu hohen Ernteverlusten führen und die Qualität des Erntegutes mindern. Zur Zeit wird ein Grossteil der Weizenanbaufläche mit Wachstumsregulatoren gegen Lager und mit Fungiziden gegen Mehltau behandelt. Weizen- und Dinkelsorten mit verbesserter Standfestigkeit und erhöhter Mehлтаuresistenz werden somit zu einer Reduktion des Einsatzes von chemischen Hilfsstoffen in der Schweizer Landwirtschaft beitragen.

Während Standfestigkeit schon immer als quantitative Eigenschaft galt, konzentrierte man sich in der Resistenzzüchtung gegen Mehltau lange Zeit auf rassenspezifische monogene Resistenz, basierend auf den sogenannten *Pm* Genen. Allerdings hat das Einkreuzen von *Pm* Genen nicht zu dauerhafter Resistenz geführt. Eine Selektion auf quantitative Resistenz scheint dagegen vielversprechender zu sein. Quantitative Eigenschaften zeigen eine kontinuierliche Verteilung, weil mehrere Gene und/oder Umwelteinflüsse an ihrer Ausprägung beteiligt sind. Es ist deshalb schwierig, auf der Ebene des Phänotyps auf quantitative Standfestigkeit und Mehлтаuresistenz zu selektieren. Molekulare Marker bieten die Möglichkeit, genetische Karten zu erstellen und

die wahrscheinlichsten Genorte für quantitative Merkmale zu lokalisieren. Mit diesen QTL eng gekoppelte Marker können als diagnostisches Mittel für eine effizientere Züchtung von resistenten Weizen- und Dinkelsorten eingesetzt werden.

In Weizen oder Dinkel wurden nach unserem Wissensstand bisher weder für Standfestigkeit noch für Mehltaresistenz QTL kartiert. Wir haben in dieser Studie eine genetische Karte für eine spaltende Population von 226 rekombinanten Inzuchtlinien (RILs) erstellt. Die Population geht zurück auf eine Kreuzung der standfesten und mehltaresistenten Schweizer Weizensorte Forno, welche wahrscheinlich das Resistenzgen *Pm5* enthält, mit der Schweizer Dinkelsorte Oberkulmer, die sehr anfällig gegen Lager, mittelanfällig gegen Mehltau ist und keine bekannten *Pm* Gene besitzt. Diese Weizen × Dinkel Kreuzung wurde gewählt, weil der Polymorphiegrad auf der DNA-Ebene zwischen Weizen und Dinkel grösser ist als innerhalb des Weizens. Die genetische Karte, welche für die QTL Analyse gebraucht wurde, umfasste 182 Markerloci in 23 Kopplungsgruppen (2469 cM). Wir haben QTL für Standfestigkeit und Mehltaresistenz auf dieser Karte lokalisiert und charakterisiert.

Die Standfestigkeit und morphologische Merkmale, die einen Einfluss auf die Standfestigkeit haben könnten (Pflanzenlänge, Blattbreite, Blattstellung, Halmsteifheit, Halmdicke und Frühreife) wurden 1996 an zwei und 1997 an einem Standort in Feldversuchen erhoben. Einige morphologische Merkmale, welche in einer ersten Projektphase in Sommerweizenlinien hohe Korrelationen zur Standfestigkeit gezeigt hatten, erwiesen sich als unbrauchbar in der Weizen × Dinkel Population. Pflanzenlänge und Halmsteifheit erklärten in einem multiplen Regressionsmodell 77% der phänotypischen Varianz. Mit dem Ziel, die Handbonitur für Halmsteifheit objektiv zu erfassen, wurden verschiedene Messmethoden entwickelt, welche sich aber gegenüber der Handbonitur als weniger verlässlich erwiesen. Insgesamt wurden neun QTL für Standfestigkeit gefunden, welche gemeinsam 63 % der phänotypischen Varianz erklärten. Drei dieser QTL hatten sehr grosse Effekte. Die Standfestigkeit kann also als polygenes Merkmal mit grossem Einfluss einzelner weniger Hauptgene betrachtet werden. Von den neun QTL stimmten sieben mit QTL für morphologische Merkmale überein, wie von den Korrelationen zwischen diesen Merkmalen und der Standfestigkeit zu erwarten war.

Die Mehltaresistenz wurde 1995 an zwei und 1996 an drei Standorten in Feldversuchen bonitiert. Es wurden insgesamt 18 QTL für Mehltaresistenz

gefunden, welche gemeinsam 77% der phänotypischen Varianz erklärten. Die Adult-Resistenz gegen Mehltau kann also ebenfalls als polygenes Merkmal betrachtet werden. Die hohe Heritabilität und die kleinen QTL \times Umwelt Interaktionen deuten darauf hin, dass der Phänotyp nur wenig von der Umwelt beeinflusst wurde. Zwei QTL auf den Chromosomen 5A und 7B verhielten sich wie Hauptgene und hatten in allen fünf Umwelten einen signifikanten Einfluss auf die Resistenz. Am QTL auf 5A wurde das positive Allel von Oberkulmer vererbt. Dieser QTL entspricht keinem bisher bekannten *Pm* Gen. Der QTL auf 7B entspricht dem *Pm5* Gen von Forno. Dieser QTL verbesserte die Mehlttauresistenz, obwohl in allen Feldversuchen Mehlttaurassen mit Virulenz gegen *Pm5* vorhanden waren. Dies deutet darauf hin, dass dieses Gen bei einem Gemisch von verschiedenen Pathogenrassen trotzdem noch zu einer erhöhten Resistenz beitragen kann.

Marker-gestützte Selektion (MAS) kann den Selektionsfortschritt beschleunigen, indem neue, effizientere Züchtungsstrategien aufgestellt werden können. Der effizienteste Weg zur Verbesserung der Standfestigkeit in der untersuchten Population wäre die Selektion auf Pflanzenlänge und Halmsteifheit, kombiniert mit MAS auf die zwei QTL, welche nicht mit QTL für morphologische Merkmale zusammenfielen. Für Mehlttauresistenz eröffnet MAS die Möglichkeit einer simultanen Selektion auf rassenspezifische Majorgene mit vollständiger Resistenz und auf quantitative Resistenzgene mit kleinem Effekt. Diese neue Züchtungsstrategie ermöglicht die Selektion von Weizen- und Dinkelsorten mit dauerhafter Mehlttauresistenz. In der vorliegenden Studie wurden die genetischen Grundlagen für den Einsatz von MAS zur Verbesserung der Standfestigkeit und Mehlttauresistenz gewonnen. Diese Untersuchung wird deshalb dazu beitragen, die Effizienz der Züchtung auf diese Merkmale zu verbessern.