

Universität Hohenheim
Institut für Pflanzenzüchtung,
Saatgutforschung und Populationsgenetik
Prof. Dr. H. H. Geiger

Kartierung quantitativer Resistenzgene gegen
***Setosphaeria turcica*,**
Erreger des Northern Corn Leaf Blight,
in Mais

Diplomarbeit

von

Almut Lydia Dingerdissen
aus Lemgo-Brüntorf, Kreis Lippe
Stuttgart, im März 1995

Diese Arbeit wurde gefördert aus Mitteln der Eiselen-Stiftung, Ulm.

6 Zusammenfassung

6.1 Zusammenfassung

In der vorliegenden Arbeit wurden Quantitative Trait Loci (QTL) kartiert, die die Resistenzreaktion der Pflanze gegenüber dem Pathogen *Setosphaeria tritici* (anamorph *Exserohilum turcicum*), den Erreger der Blattkrankheit Northern Corn Leaf Blight bei Mais (*Zea mays*), bedingen. Die Kartierung erfolgte in der F_{2:4}-Population der Kreuzung der Dent-Inzuchtlinien B52 (anfällig) und Mo17 (resistent). 121 F_{2:4}-Linien der Kreuzung wurden in der langen Regenzeit 1994 (April bis September) an drei Standorten in der gemäßigt-tropischen Klimazone Kenias bezüglich der quantitativen Resistenzparameter „Inkubationszeit“, „Anteil befallener Blattfläche“ und „Fläche unter der Befallskurve“ evaluiert. Zur Kartierung wurde das Programm MAPMAKER/QTL 1.1 angewandt. Als molekulare Marker wurden 112 RFLP-Loci benutzt. Die Kopplungskarte umfasste insgesamt 1492 cM, bei einer durchschnittlichen Intervalllänge von 14,6 cM. Die Präsenz eines QTL wurde angenommen, sobald der LOD-Wert die Signifikanzschwelle von 2,36 überschritt. Insgesamt konnten auf acht der zehn Chromosomen des Maisgenoms Resistenzloci kartiert werden. Diese lagen im Zentromerbereich des Chromosoms 1 (*NPI429-UMC58*), auf dem kurzen Arm der Chromosomen 2 (*UMC53-UMC78*), 5 (*BNL6.25-UMC90*) und 9 (*C1-BNL3.06*) sowie auf dem langen Arm der Chromosomen 3 (*BNL15.20-UMC39*), 7 (*BNL15.21-UMC110*) und 8 (*BNL9.08-BNL7.08A* bzw. *UMC89-NPI268*). Die resistenzvermittelnden Allele der QTL auf Chromosomen 2, 3, 5, 7 und 8 wurden vom resistenten Elter Mo17, die QTL auf den Chromosomen 1, 6, und 9 vom anfälligen Elter B52 vererbt. Die meisten QTL wirkten partiell dominant. Es konnten sowohl additive, rezessive als auch überdominante Genwirkungsweisen festgestellt werden. Die Signifikanz der QTL war standortabhängig. Die QTL auf Chromosom 5 und 8 wurden an allen Standorten detektiert, die QTL auf Chromosom 2, 3 und 7 traten an zwei Standorten auf, die QTL auf Chromosom 1, 6 und 9 wurden nur an einem Standort beobachtet. Für die Merkmale „Anteil befallener Blattfläche“ und „Fläche unter der Befallskurve“ waren die beteiligten Chromosomenbereiche kongruent. Je nach Merkmal

betrug der Anteil der erklärten genotypischen Varianz 38 bis 68 Prozent. Die Additiveffekte der QTL bewirkten eine Reduktion der befallenen Blattfläche gegenüber dem Eltermittel von 2,5 bis 3,8 Prozent. Das Merkmal „Inkubationszeit“ wurde signifikant von zwei QTL auf Chromosom 2 und 8 beeinflusst. Diese erklärten zusammen 60 Prozent der genotypischen Variation. Die Additiveffekte bedingten eine Verlängerung der Inkubationsdauer gegenüber dem Mittel der Eltern um einen halben Tag. Die Position der QTL auf Chromosom 2 war für alle Merkmale kongruent. Auf Chromosom 8 unterschied sich die Position des QTL für das Merkmal „Inkubationszeit“ von der Position der QTL für die Merkmale „Anteil befallener Blattfläche“ bzw. „Fläche unter der Befallskurve“. Der QTL für das Merkmal „Inkubationszeit“ lag im Bereich des qualitativen Resistenzgenes *Htn1*, der QTL für die Merkmale „Anteil befallener Blattfläche“ bzw. „Fläche unter der Befallskurve“ befand sich im Bereich des qualitativen Resistenzgens *Ht2*. Die Vermutung, daß qualitative und quantitative NCLB-Resistenzgene Allele derselben Loci sein können, wird damit unterstützt.

6.1 Summary

The aim of the present study was to map quantitative trait loci (QTL), which control the level of disease severity caused by the pathogen *Setosphaeria turcica* (anamorph *Exserohilum turcicum*), causal agent of the foliar disease Northern Corn Leaf Blight in maize (*Zea mays*). 121 F_{2:4} lines derived from the cross of the susceptible inbred B52 and the resistant inbred Mo17 were used as entries. Both parental lines are dent material from the US Corn Belt. The progenies were evaluated during the Long Rain Season 1994 (April until September) at three locations in the modest tropical climate of Kenya. The quantitative resistance parameters 'latent period', 'disease severity' and 'area under the disease progress curve' were scored. The mapping was performed using the programme MAPMAKER/QTL 1.1. The genetic map of the cross consisted of 112 RFLP loci and covered a total length of 1492 cM. The average interval length was 14.6 cM. QTL were significantly declared when the LOD threshold reached 2.36. Eight of the ten maize chromosomes carried QTL. These were located in the centromeric region of chromosome 1 (*NPI429-UMC58*), on the short arm of chromosome 2 (*UMC53-UMC78*), 5 (*BNL6.25-UMC90*) and 9 (*C1-BNL3.06*) and on the long arm of chromosome 3 (*BNL15.20-UMC39*), 7 (*BNL15.21-UMC110*) and 8 (*BNL9.08-BNL7.08A* and *UMC89-NPI268*, respectively). QTL on chromosome 2, 3, 5, 7, and 8 were inherited by the resistant parent Mo17. QTL on chromosome 1, 6 and 9 were donated by the susceptible parent B52. Most of the QTL showed partially dominant gene action. Furthermore additive, recessive, dominant and overdominant gene action were observed in some cases. Significant genotype by environment interaction was observed. QTL on chromosome 5 and 8 were detected in each of the three environments, QTL on chromosome 2, 3 and 7 were detected in two locations and QTL on chromosome 1, 6 and 9 were active in only one environment. The two traits 'disease severity' and 'area under the disease progress curve' were significantly influenced by the same chromosomal regions and accounted for a range of 38 to 68 percent of the total phenotypic variance explained. The additive effects of the QTL reduced the percentage of damaged leaf tissue up to 3.8 percent compared to the parental mean. The latent period was significantly influenced by two QTL on chromosome

2 and 8, respectively. Together, they accounted for 60 percent of the total phenotypic variance explained. Their additive effects prolonged the latent period up to half a day. The position of the QTL for 'latent period' on chromosome 2 was similar to the position of the QTL influencing the other two traits 'disease severity' and 'area under the disease progress curve'. A diverse chromosomal location was observed for the QTL on chromosome 8. This QTL differed significantly from the locations of the other QTL. On chromosome 8 the position of the QTL for 'disease severity' and 'area under the disease progress curve' coincided with the position of the qualitative resistance gene *Ht2*. The position of the QTL influencing the latent period was in the neighbouring region of the qualitative resistance gene *Htn1*. These results suggest, that genes for quantitative and qualitative resistance in the maize-*Setosphaeria* pathosystem can be allelic.