

MASTERARBEIT

***Verbesserung der
Ährenfusarioseresistenz in
Triticum durum durch Kreuzung
mit resistenten Verwandten***

Eingereicht von Siemayr Birgit
01340731

Univ.Prof. Dipl.-Ing. Dr.nat.techn. Bürstmayr Hermann
Dipl.-Ing. Dr. Steiner Barbara
MSc. Dr. Sebastian Michel



Universität für Bodenkultur Wien
Department für Agrarbiotechnologie Tulln
Institut für Biotechnologie in der Pflanzenproduktion
Wien, April 2019

Eingereicht von **Siemayr Birgit, BSc.**
01340731

Masterstudium **Nutzpflanzenwissenschaften**
H 066 455

Universität **Universität für Bodenkultur Wien**
Österreich

Betreuer **Univ.Prof. Dipl.-Ing. Dr.nat.techn. Bürstmayr Hermann**
Dipl.-Ing. Dr. Steiner Barbara
MSc. Dr. Sebastian Michel
Department für Agrarbiotechnologie
Institut für Biotechnologie in der Pflanzenproduktion
Tulln, Österreich

Ort und Datum **Wien, April 2019**

Abstract English

Fusarium head blight (FHB) is one of the most dangerous diseases in wheat, because it leads not only to reduced yield, but it also contaminates the harvest with mycotoxins. It is especially important to reduce the contamination in *Triticum durum*, as it is exclusively used for human nutrition. Moreover, *T. durum* is very susceptible to *Fusarium spp.* due to e. g. straw shortening genes, which cause a disease-promoting microclimate among the plants. Therefore, resistance breeding is very important for farmers, but also for consumers. To improve the resistance level in durum wheat, resistance donors from related species were crossed with susceptible elite durum cultivars and the offspring was tested for FHB resistance. The research question was the following: is it possible to increase the resistance against *Fusarium* in *T. durum* by introgression of resistance alleles of wild, but resistant relatives? To answer this question the susceptible durum cultivars, Semperdur, Helidur, Floradur, Durobonus, Karur, Colladur and SZD1029K were crossed with resistant experimental durum lines carrying resistance alleles from *T. aestivum*, *T. dicoccoides* and *T. dicoccum*. Out of these 28 crosses 730 lines were developed and genotyped for three FHB resistance loci, as well as for the locus determining plant height (*Rht-B1*) and phenotyped for disease severity. Two repetitions were grown on the field, spray-inoculated with *F. culmorum* at anthesis and evaluated for FHB severity, plant height and flowering date. Statistical analysis for the year 2018 revealed that the mean FHB severity, 22 days after anthesis, was 80 %, nevertheless, also moderately resistant lines with 10-50 % disease severity were found representing interesting plant material for resistance breeding. Furthermore, the analysis showed two maxima for plant height over the years 2016-2018, which is due to the straw-shortening allele *Rht-B1b*. Whereas the trait flowering date showed a very small variation. Correlation analysis between plant height and FHB severity was significantly negative ($r = -0.41$). Marker analysis for resistance over all years and all lines identified only marker *Xumn10*, indicative for the QTL *Fhb1*, significantly associated with resistance and two subpopulations (T107 und T113) showed a significant difference between the alleles of the marker. One line (T107.15) of these populations carries not only the resistance QTL but also the *Rht-B1b* Allel. *Rht-B1* was significantly associated with both traits, plant height and disease severity, with a coefficient of determination (R^2) of 72 % and 16 %, respectively. These results need to be validated in further trials, nevertheless, this study demonstrated that exotic germplasm can broaden the genetic base for FHB resistance in durum wheat.

Keywords: *Triticum durum*, Fusarium head blight, resistance breeding

Abstract Deutsch

Die Ährenfusariose (*Fusarium spp.*) ist eine der gefährlichsten Pilzkrankheiten bei Weizen, da sie nicht nur zu einem hohen Ertragsverlust führt, sondern das Erntegut auch mit Mykotoxinen belastet. *Triticum durum* ist sehr anfällig für die Ährenfusariose, unter anderem aufgrund des weit verbreiteten Kurzstrohallel *Rht-B1b*, welches zu einem feuchteren und daher krankheitsfördernden Mikroklima im Bestand führt.

T. durum wird aber hauptsächlich für die Pastaproduktion herangezogen und nicht für die Tierverfütterung verwendet. Daher ist die Resistenzzüchtung gegen die Ährenfusariose von großer Bedeutung. Um das Resistenzniveau gegen Ährenfusariose in *T. durum* zu erhöhen, wurden resistente verwandte Arten mit anfälligen Durumsorten gekreuzt und die Nachkommen auf Fusariumresistenz getestet. Die zentrale Forschungsfrage lautete: Ist es möglich die Fusariumresistenz in gängigen Durumsorten durch Einkreuzung wilder, resistenter Verwandter zu verbessern? Zur Untersuchung dieser Frage wurden sieben anfällige Durumsorten, Semperdur, Helidur, Floradur, Durobonus, Karur, Colladur und SZD1029K, mit 17 resistenten Eltern, welche die Resistenzallele von *T. aestivum*, *T. dicoccoides* und *T. dicoccum* enthielten, gekreuzt. Aus diesen insgesamt 28 Kreuzungen entstanden 730 Linien, welche genotypisiert und phänotypisiert wurden. Die Genotypisierung erfolgte durch eine DNA-Extraktion, sowie eine anschließende Marker-Analyse mit Mikrosatelliten für drei Resistenzloci. Außerdem wurde eine *Rht-B1* Markeranalyse auf dem Chromosom 4B durchgeführt. Für die Phänotypisierung wurden zwei Wiederholungen angebaut und zum Blühzeitpunkt mit *F. culmorum* sprühinokuliert. Anschließend wurden die Befallsstärke, die Wuchshöhe und das Blühdatum erhoben. Die Auswertung der Ergebnisse zeigte, dass die durchschnittliche Befallsstärke im Jahr 2018, 22 Tage nach der Blüte, bei 80 % lag, aber auch Linien mit nur 10-50 % Befall entstanden sind. Diese Linien sind interessant für die weitere Resistenzzüchtung. Die Wuchshöhe über die Jahre 2016 – 2018 zeigte zwei Maxima auf, was auf den Einfluss des Kurzstrohgens zurück zu führen ist. Im Gegensatz dazu zeigte das Blühdatum nur eine geringe Variation. Die Korrelationsanalyse ergab einen signifikanten Korrelationskoeffizienten ($r = -0.41$) für die Wuchshöhe im Zusammenhang mit der Fusariumresistenz. Bei der Markeranalyse für die Fusariumresistenz über die Jahre über alle Linien wurde nur ein signifikanter Unterschied zwischen den Allelen des Markers *Xumn10* gefunden. *Xumn10* ist indikativ für einen Resistenz-QTL auf Chromosom 3B und ist auch in zwei Subpopulationen (T107 und T113) mit Resistenz assoziiert. Eine Linie (T107.15) dieser Subpopulationen besitzt sowohl die drei Resistenz-QTL als auch das Kurzstrohallel. Einen weiteren signifikanten p-Wert ergab die *Rht-B1* Marker Analyse für die Anfälligkeit sowie die Wuchshöhe, mit einem Bestimmtheitsmaß von 16 % und 72 %. Diese Ergebnisse müssen in weiteren Versuchen validiert werden. Trotzdem wurde durch diese Masterarbeit bestätigt, dass exotisches Germplasm die Fusariumresistenz in *T. durum* erhöhen kann.

Schlüsselwörter: *Triticum durum*, Ährenfusariose, Resistenzzüchtung

Inhaltsverzeichnis

1	Einleitung	10
1.1	Weizen	10
1.2	Triticum durum	11
1.3	Fusarium spp.	13
1.3.1	Verluste	13
1.3.2	Symptome	13
1.3.3	Krankheitsverlauf von <i>F. culmorum</i>	14
1.3.4	Fusarium Arten.....	15
1.3.5	Morphologie der Weizenpflanzen in Zusammenhang mit der Anfälligkeit.....	18
1.4	Mykotoxine	18
1.4.1	Trichothecene.....	19
1.4.2	Nivalenol.....	19
1.4.3	Zearalenon.....	20
1.5	Fusarium Management	20
1.5.1	Fruchtfolge und Bodenbearbeitung.....	20
1.5.2	Ökologische Landwirtschaft	20
1.5.3	Beizung und Fungizideinsatz	21
1.5.4	Infiziertes Erntegut.....	21
1.6	Resistenzzüchtung	22
1.6.1	QTL-Analyse.....	22
1.6.2	Fusariumresistenz im Durumweizen.....	23
1.6.3	Der <i>Fhb1</i> QTL in Sumai-3	24
1.6.4	QTL für die Fusarienresistenz in <i>T. durum</i>	24
1.6.5	Resistenzzüchtung im Winterweizen	25
1.6.6	Marker-gestützte Selektion.....	26
1.6.7	Genomische Selektion.....	27
1.7	Ziel der Masterarbeit	28
2	Material und Methoden	29
2.1	Pflanzenmaterial.....	29

2.2	Genotypisierung	32
2.2.1	Vorbereitung der Proben	32
2.2.2	DNA-Extraktion.....	32
2.2.3	Einstellung der DNA-Konzentration	34
2.2.4	Polymerase-Kettenreaktion	35
2.3	Phänotypisierung – Feldversuch in Tulln.....	40
2.3.1	Standort Tulln.....	40
2.3.2	Versuchsaufbau.....	42
2.3.3	Inokulation mit <i>Fusarium culmorum</i>	42
2.3.4	Bonitur.....	43
2.4	Statistische Analyse	45
2.4.1	Auswertung der phänotypischen Daten	45
2.4.2	Auswertung der genotypischen Daten.....	47
3	Ergebnisse	48
3.1	Phänotypen der Durumlinien für die <i>Fusarium</i> -Resistenz	48
3.2	Phänotypen der Durumlinien für die Wuchshöhe und das Blühdatum.....	51
3.3	Korrelation der <i>Fusarium</i> -Resistenz mit der Wuchshöhe und dem Blühdatum	54
3.4	Genotypisierung	56
3.4.1	Markerdaten der Eltern.....	56
3.4.2	Genotypisierung der Subpopulationen	58
3.4.3	Assoziation von molekularen Markern mit <i>Fusarium</i> -Resistenz und Wuchshöhe für alle Durumlinien	59
3.4.4	Assoziation von molekularen Markern mit <i>Fusarium</i> -Resistenz in einzelnen Subpopulationen.....	67
3.4.5	Linien mit mehreren Resistenzloci und Kurzstrohallel.....	70
4	Diskussion	73
4.1	Bewertung der Phänotypen für die <i>Fusarium</i> -Resistenz.....	73
4.2	Bewertung der Phänotypen für die Wuchshöhe und das Blühdatum	74
4.3	Bewertung der Korrelationen.....	75
4.4	Bewertung der Genotypisierung für <i>Fusarium</i> -Resistenz und Wuchshöhe.....	76
4.4.1	Bewertung der Genotypisierung einzelner Subpopulationen und Linien	78
5	Schlussfolgerung	79

6	Danksagung.....	80
7	Tabellenverzeichnis.....	81
8	Abbildungsverzeichnis	83
9	Quellenangabe	87
10	Anhang	93
10.1	Mittelwerte und Allelbewertungen aller Drumlinien.....	93
10.2	Häufigkeitsverteilungen aller Eigenschaften.....	110
10.3	Signifikante p-Werte der ANOVA über die einzelnen Populationen.....	112
11	Eidesstattliche Erklärung.....	115

Abkürzungsverzeichnis

ANOVA	Analysis of variance
APS	Ammoniumperoxodisulfat $(\text{NH}_4)_2\text{S}_2\text{O}_8$
AUDPC	Area under disease progress curve = Befallsverlaufskurve
B1, B2, B3, B4	Bonituren 1-4 (Tag 14, 18, 22 und 26 nach der Blüte)
BBCH	Morphologisches Entwicklungsstadium einer Pflanze
Best	Bestand [1-9]
BME	Beta-mercaptoethanol
BOKU	Universität für Bodenkultur Wien
CTAB	Cetyltrimethylammoniumbromid
CY5	Cyanin-Farbstoff
DBC	Durum-backcross = Rückkreuzung mit einem Elite-Elter
FG	Freiheitsgrade
dH ₂ O	Destilliertes Wasser
dMSO	Dimethylsulfoxid
DNA	Desoxyribonucleinsäure
DON	Deoxynivalenol
EDTA	Ethylendiamin-tetraacetat
EtOH	Ethanol
F	F-Statistik
FAM	6-Carboxyfluorescein
FHB	Fusarium head blight
h ²	Heritabilität
HEX	Hexachloro-Fluorescein
HOM	Homogenität [1-9]
IFA-Tulln	Interuniversitäres Department für Agrarbiotechnologie Tulln
LD-Wert	Letale Dosis
LOD, Lagern	Lagerung der Pflanzen [1-9]
M	Molare Masse
M. nivale	Microdochium nivale
MQ	Mittleres Quadrat
NaOAc	Natriumacetat
NIV	Nivalenol
p	Empirische Signifikanzniveau (Wahrscheinlichkeit)
PAA	Polyacrylamid
PCR	Polymerase Kettenreaktion
QTL	Quantitative trait loci
r	Pearson's Korrelationskoeffizient
R ²	Bestimmtheitsmaß
RAGT	Rouergue Auvergne Gévaudan Tarnais, französischer Saatgutkonzern

RNA	Ribonukleinsäure
SDZ	Saatzucht Donau
SNP	Single nucleotide polymorphism
SSR	Simple sequence repeats
SE	Standardfehler
SQ	Summe der Quadrate
TBE-Puffer	TRIS-Borat-EDTA-Puffer
Td161	<i>Triticum dicoccum</i> 161
TEMED	Tetramethylethyldiamin C ₆ H ₁₆ N ₂
Tris	Tris(hydroxymethyl)-aminomethan
VP, VG, VE	Phänotypische, genotypische und umweltbeeinflusste Varianz
WUH	Wuchshöhe [cm]
ZON	Zearalenon
α	Signifikanzniveau ($\alpha = 0.05$)

Einheiten

%	Prozent
° C	Grad Celsius
μ L, mL, L	Mikroliter, Milliliter, Liter
ha	Hektar
Hz	Herz
m ²	Quadratmeter
mA	Milliampere
mM, mmol, M	Millimol, Molar concentration (mol/L)
ng, μ g, mg, g, kg	Nanogramm, Mikrogramm, Milligramm, Gramm, Kilogramm
nm, μ m, mm, cm, m	Nanometer, Mikrometer, Millimeter, Zentimeter, Meter
RZB	Relative Zentrifugalbeschleunigung
sec.	Sekunden
t	Tonnen

1 Einleitung

1.1 Weizen

Weizen nimmt weltweit die größte Anbaufläche ein und liegt bei der produzierten Menge an dritter Stelle (Miedaner, 2010). Der Ursprung des Weizens liegt im Fruchtbaren Halbmond. Dazu zählen Teile vom Irak, Iran, Syrien, Jordanien, der Türkei sowie der Libanon und Israel. Der hexaploide Weichweizen, *Triticum aestivum* (AABBDD, $2n=6x=42$ Chromosomen), wird auch als Brotweizen bezeichnet. Er entstand aus der Kreuzung des wilden Emmers, *T. dicoccoides* (AABB), mit dem Wildgras *Aegilops tauschii* (DD). Der wilde Emmer stammt aus der Kreuzung des diploiden Wildeinkorns, *Triticum urartu* (AA), mit dem Gänsefußgras *Triticum speltoides* (BB). Dies wird in Abbildung 1 veranschaulicht. Diese Addition von Genomen verwandter Arten wird als „Allopolyploidie“ bezeichnet (Miedaner, 2010; Becker, 2011). Das Genom des Brotweizens besteht aus drei verschiedenen diploiden Genomen (AABBDD) und wird daher als Allohexaploid bezeichnet (Bernardo, 2014).

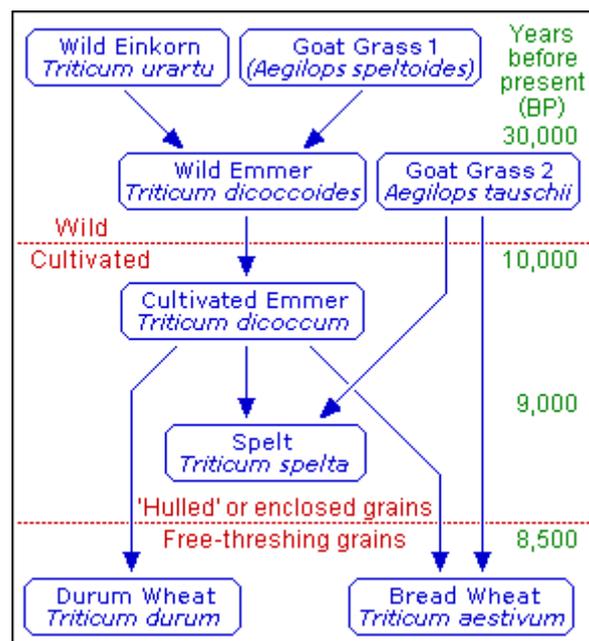


Abbildung 1: Entstehung des Brotweizens und des Durumweizens (Newhallmill, 2018)

Der Weizen gehört zur Familie der Süßgräser (Poaceae) (Becker, 2011). Er ist ein Selbstbefruchter und der Fruchtstand ist eine zusammengesetzte Ähre. Die Züchtung zielt auf folgende Eigenschaften ab: agronomische Eigenschaften (z. B. Ertrag, Standfestigkeit), Resistenzeigenschaften (z. B. Fusariumresistenz) und Qualitätseigenschaften (z. B. Proteingehalt, Fallzahl) (Miedaner, 2010).

Einige Sorten besitzen Kurzstrohgene (*Rht-B1* bzw. *Rht-D1*), welches aus japanischem Weizen eingekreuzt wurde (Miedaner, 2010). Durch intensive Züchtung sind kurze Hohertragsorten, mit höherer Standfestigkeit, höherem Bestockungsgrad und mehr fertilen Ährchen, entstanden. Diese Eigenschaften führten zur Ertragsverbesserung, aber

auch zu einem veränderten Mikroklima im Bestand, welches zu einer höheren Fusariumanfälligkeit führt (Miedaner, 2010).

1.2 *Triticum durum*

10% der Weizenernte entfallen auf Durumweizen (*T. durum*), welcher hauptsächlich zur Pastaproduktion herangezogen wird (Miedaner, 2010 und Becker, 2011). Durumweizen ist tetraploid (AABB, $2n=4x=28$ Chromosomen) (Becker, 2011) und stammt vom wilden Emmer (*T. dicoccoides*) ab. Durumweizen entstand durch eine Selektion (Abb. 1) von freidreschenden Körnern von *T. dicoccum*, welcher zwar schon kultiviert wurde aber noch nicht freidreschend war (Newhallmill, 2018). Er wurde aufgrund seiner Fusarienanfälligkeit vorwiegend im Mittelmeerraum angebaut, da er warme und trockene Standorte bevorzugt (Becker, 2011). Die wichtigsten Zuchtziele sind Ertrag, Qualität, Standfestigkeit durch Kurzstrohgene, sowie die Resistenz gegen Fusarium. Dies ist besonders wichtig um die Mykotoxinbelastung gering zu halten (Becker, 2011). Die besonderen Qualitätsmerkmale von Durumweizen sind laut Diepenbrock et al. (2009) die folgenden: Pilzfreiheit, gute Kornausbildung, glasige Körner (70-75 %), hohe Fallzahl (200-250 sec.), ein guter Farbwert und ein hohes Kochpotential, durch mehr als 14,5 % Rohprotein. Der Ertrag von Durumweizen liegt ca. 20 % unter dem von Weichweizen. Dieser Unterschied ergibt sich aus einer geringeren Ährendichte pro Fläche und einer geringeren Kornzahl pro Ähre. Wegen einer kompakteren Dichtelagerung der Reservestoffe im Endosperm ist jedoch das Tausendkorngewicht von *T. durum* um 10-20 % höher als bei Weichweizen. In Deutschland werden nur 10-20 % des Bedarfs durch die inländische Produktion gedeckt (Diepenbrock et al., 2009).

Durumweizen wurde in Österreich im Jahr 2018, hauptsächlich im pannonischen Trockengebiet auf 21.905 ha angebaut (inklusive Bioflächen). Das sind 4% weniger Hektar als im Jahr 2017. Von dieser Fläche wurden 16.944 ha Durumweizen in Niederösterreich und 4.334 ha Durumweizen im Burgenland angebaut (Abb. 2). Von der Gesamtanbaufläche in Österreich entfallen 1.115 ha auf Bioflächen (AMA, 2018). Die durchschnittliche Produktionsmenge im Jahr 2018 betrug 80.000 t (BMNT, 2018). Abbildung 3 zeigt den Anstieg der Durumweizenanbaufläche in Österreich über die Jahre 2001 bis 2018. Während 2001 lediglich 11.940 ha angebaut wurden kam es 2008 zu einem Maximum von 17878 ha Anbaufläche. Im Jahr 2016 folgte ein weiteres Maximum von 23.229 ha.

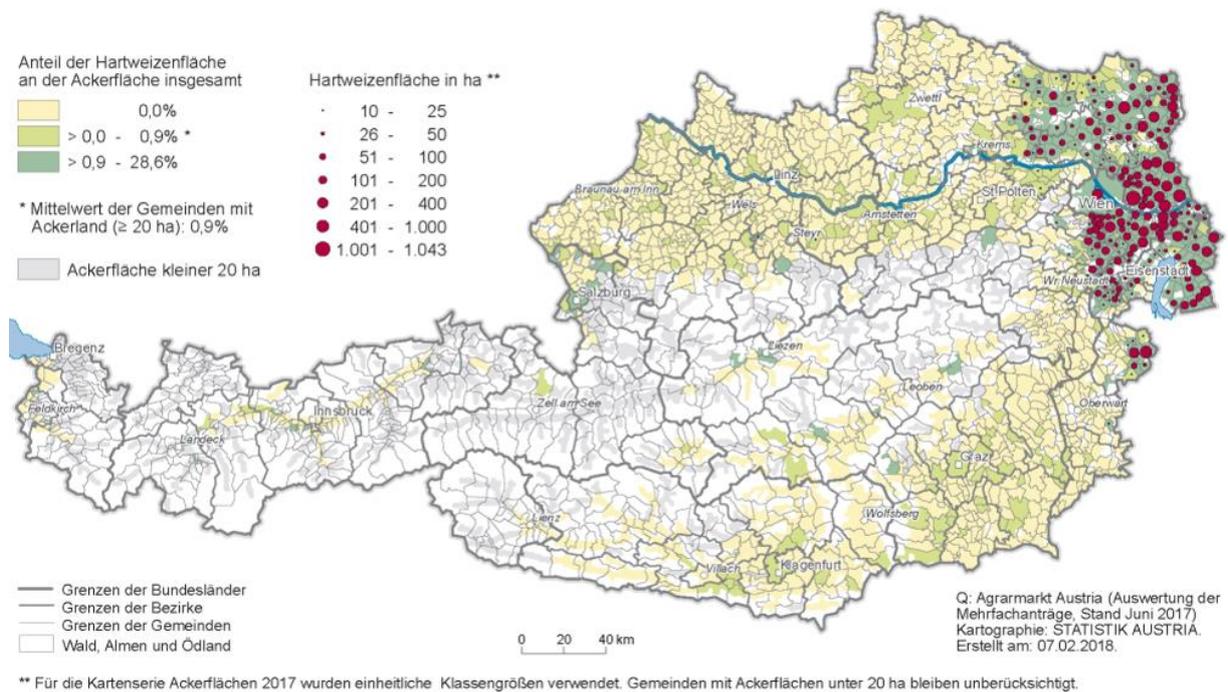


Abbildung 2: Durumweizenanbauggebiete in Österreich (Statistik Austria, 2018)

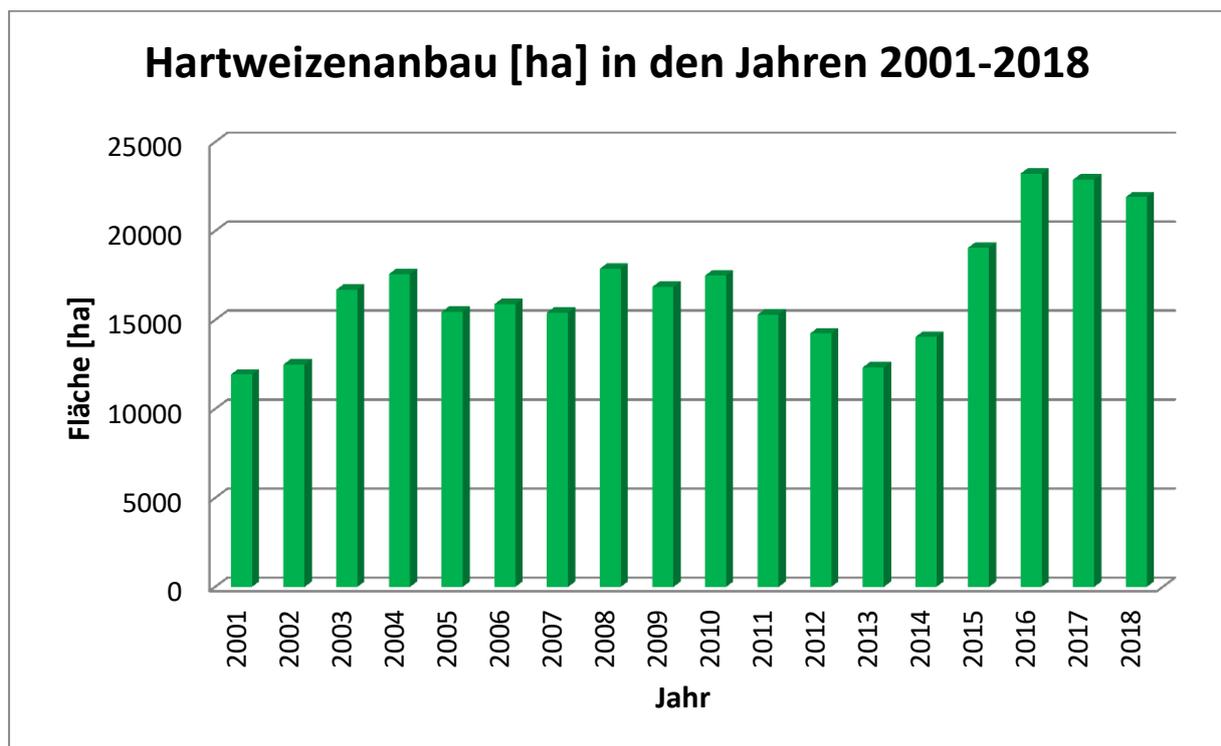


Abbildung 3: Durumweizenanbaufläche in Österreich in den Jahren 2001-2018. Eigene Darstellung aus den Daten der Agrarmarkt Austria (AMA, 2017)

1.3 Fusarium spp.

Fusarien befallen überwiegend Weizen, Mais und Hafer. Die Befallsausprägung hängt von der Witterung ab, wobei hohe Niederschläge, sowie hohe Temperaturen zur Blütezeit den Befall begünstigen (Börner, 2009).

1.3.1 Verluste

Die Ährenfusariose tritt in Amerika, Europa, Russland, Asien und Australien auf (Bürstmayr et al., 2012). Hauptbefallszonen sind Gebiete in den gemäßigten Breiten der Nord- und Südhalbkugel. Vor allem China und Nordamerika/Süd-Kanada, wo zur Zeit der Blüte eine hohe Feuchtigkeit und hohe Temperaturen herrschen, sind von dieser Krankheit betroffen (Miedaner, 2017 und Agrios, 2005). Der Ernteverlust ergibt sich aus dem verminderten Korngewicht und der verminderten Kornausbildung (Bürstmayr et al., 2012). Epidemien sind in Großbritannien in jedem zehnten Jahr zu erwarten (Parry, 1990). In den USA betrug sich der Verlust, verursacht von Fusarium, von 1991 – 1997 auf mehr als 1,3 Milliarden Dollar (Leonard und Bushnell, 2003). Die Ährenfusariose verminderte das Nettoeinkommen der Bauern in den USA im Jahr 1997 um 62 %. In North Dakota betrug sich der Verlust pro Weizen-Acre (4047 m²) auf 45 Dollar. Deshalb gaben dort 2000 von 30 000 Bauern, das sind 6,7%, den Kampf gegen die Ährenfusariose und folglich ihren Beruf auf. In 1998 schrieb die Washington Post „This year, the net farm income of Great Plains farmers is expected to be near or below the poverty line for a family of four, forcing many to draw down on their equity (Eigenkapital), look for second jobs off the farm, or give up.“ (Leonard und Bushnell, 2003).

1.3.2 Symptome

Die Symptome an Weizen (Abb. 4) zeigen sich dadurch, dass zuerst einzelne Ährchen ausbleichen und später die ganze Ähre. Außerdem wird ein weiß-rosa Myzel sichtbar (Parry, 1990). Der matte Farbton der Schmachtkörner ergibt sich aus der verringerten Assimilateinlagerung (Miedaner, 2012). Durch die verfrühte Abreife und das hellrosa Pilzmycel können sich nur kleine, schrumpelige Körner ausbilden (Agrios, 2005). Dadurch wird das Tausendkorngewicht verringert (Miedaner, 2012) und große Ertragsverluste entstehen (Parry, 1990). Außerdem findet eine Mykotoxinkontamination statt (Miedaner, 2010). Nicht nur Ertragsausfälle, welche bis zu 30 % betragen, werden durch den Befall mit Fusarium verzeichnet, sondern auch der Verkauf von kontaminiertem Erntegut ist aufgrund von Qualitätseinbußen schwer. Zu diesen zählen: eine schlechte Backqualität, da das Myzel Stärke und Eiweiße abbaut, ein höherer Aschegehalt, eine geringere Mehlausbeute, eine geringere Fallzahl durch alpha-Amylasen (Stärke abbauende Enzyme) und die Mykotoxinkontamination (Miedaner, 2012).

Im Mais zeigt sich die Krankheit als Stängel- und Kolbenfäule, wobei das lachsfarbene Pilzgeflecht allgegenwärtig ist (Miedaner, 2012).



Abbildung 4: Befallene Ähre, helle Ährchen sind infiziert (links, eigenes Bild) und befallene Schmachtkörner mit rosa Pilzmycel (rechts) (Schmale und Bergstrom 2003)

1.3.3 Krankheitsverlauf von *F. culmorum*

Die Infektion (Abb. 5) geschieht durch Sporen oder Myzel, welche an Ernterückständen von Mais und Getreide, organischer Bodensubstanz und befallenem Saatgut anhaften (Miedaner, 2012 und Börner, 2009). Günstige Bedingungen für den Befall sind eine hohe Feuchtigkeit und eine Temperatur von 25 °C. Für die optimale Infektion sind mindestens 15 °C erforderlich (Leonard und Bushnell, 2003). Die Symptome der Ährenfusariose entstehen durch Sporen, welche von Infektionen an der Halmbasis zur Zeit der Blüte durch Regenspritzer auf den oberen Blattetagen verteilt werden (Parry, 1990). Regenspritzer schleudern die Konidien 60 cm hoch und über 100 cm weit. Dadurch gelangt das Inokulum direkt zu den Ähren und dies führt, besonders bei Kurzstrohsorten, zu einer sehr schnellen Infektion. Kurzstrohsorten sind deshalb um 30 % mehr anfällig (Bürstmayr et al., 2012). Die höchste Anfälligkeit der Weizenpflanze besteht während der Blüte. Jedoch besteht weiterhin eine gewisse Anfälligkeit bis zur Teigreife (Leonard und Bushnell, 2003). Gründe, warum die Pflanzen zur Blütezeit anfälliger sind, sind offene Ährchen, weniger effiziente Abwehrmechanismen des Blütengewebes und absterbende Antheren. Innerhalb der zirka 30 Minuten in denen sich die Blütchen öffnen und die Antheren freigeben, besteht eine große Chance, dass die Sporen durch Spritzwasser in das Innere der Blüte gelangen. Auch Insekten oder Milben können die Sporen in die offenen Blüten einschleppen. Untersuchungen zeigten, dass schon eine geringe Anzahl von zwei Makrokonidien pro Ährchen reicht um 20 % der Ährchen zu infizieren. Die Makrokonidien sind klebrig und hydrophil, wodurch die Verteilung durch Regenspritzer über kurze Distanzen begünstigt wird (Leonard und Bushnell, 2003). Die partielle Taubährigkeit entsteht durch das Eindringen des Pilzes von den Ährchen in die Spindelachse, wodurch die Wasser- und Nährstoffversorgung der Ährchen gestoppt wird (Börner, 2009 und Miedaner, 2012). Der Keimschlauch der Makrokonidie wächst schnell über die Spelzen und bildet ein Myzel. Von dort aus kann der Pilz in die Stomata oder in das Innere der Blüte beziehungsweise in die Antheren eindringen. Innerhalb der Blüte erfolgt die

schnellste Kolonisation der Antheren und des Stigmas. Der Eintritt über Wunden in die Epidermis wird durch Hagel und Insekten möglich gemacht. Die Hauptachse der Ähre wird mit Hyphen verstopft und es ergibt sich ein geringeres Korngewicht und eine geringere Kornzahl pro Ähre. Es ist bewiesen, dass die interzellulären Hyphen, Zell-abbau-Enzyme, wie Cellulasen und Pektinasen abgeben. Durch die, in das Korn eindringenden Hyphen wird der Gehalt von Zellulose, Stärke und Protein reduziert (Leonard und Bushnell, 2003). Noch dazu führt viel Niederschlag später im Jahr zu rosafarbenen Sporenlagern auf den Spelzen und dem Spindelansatz. Späte Infektionen führen zu Pilzgeflechten auf dem Korn, welche mit freiem Auge nicht mehr sichtbar sind (Miedaner, 2012). Bei voll geöffneten Ährchen, beträgt die Zeit der Kolonisation mit Hyphen nur 17 Stunden. Sogar nur halb freiliegende Antheren werden sehr schnell besiedelt. Experimente zeigten, dass die Infektion stark vermindert wird, wenn die Antheren vor der Inokulation herausgeschnitten werden oder die Ährchen kleistogam abblühen. Denn *F. culmorum* wächst häufig auf Pollenoberflächen (Leonard und Bushnell, 2003).

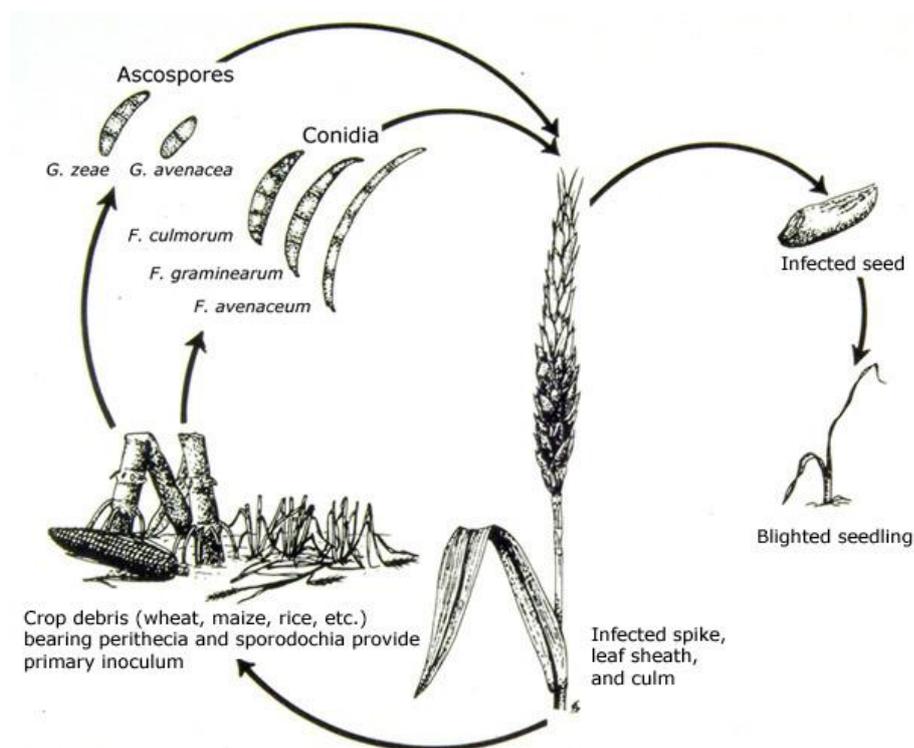


Abbildung 5: Infektionsweg von *F. culmorum* (APS, 2018)

1.3.4 Fusarium Arten

Die Arten der Gattung Fusarium, welche als Pflanzenparasiten angesehen werden, gehören zu den Ascomyceten und kommen auf der ganzen Welt vor. Die Gattung Fusarium befällt ein breites Wirtspflanzenspektrum, hauptsächlich aber Getreide (Kück et al., 2009). Die wichtigsten Arten in Europa sind: *F. graminearum*, *F. culmorum*, *F. avenaceum*, *F. poae*. Die Auftretenshäufigkeit ist von den jährlichen klimatischen Bedingungen abhängig und variiert

in den verschiedenen Ländern. In Nordamerika, Zentraleuropa und Australien wird *F. graminearum* als die häufigste Art angesehen. In Nordwest-Europa ist jedoch *F. culmorum* am wichtigsten. Sowohl *F. graminearum*, als auch *F. culmorum* sind hoch pathogen und hoch aggressiv (Leonard und Bushnell, 2003).

F. graminearum

F. graminearum kommt bei Weizen und Mais vor (Miedaner, 2012) und ist auf allen Kontinenten zu finden. *F. graminearum* ist die anamorphe Form des Pilzes *Gibberella zeae*. Der Pilz verursacht Ernteverluste von bis zu 70 % (Kück et al., 2009) und bildet die Mykotoxine Deoxynivalenol (DON), Nivalenol (NIV) und Zearalenon (ZON) aus (Miedaner, 2012). *F. graminearum* besitzt 11 700 Gene, welche auf 4 Chromosomen verteilt sind (Kück et al., 2009). Sie bildet Makrokonidien, Chlamydosporen und Perithezien, inklusive Ascosporen, aus. Sie formt jedoch keine Mikrokonidien aus (Leonard und Bushnell, 2003). Die Makrokonidien haben eine Größe von 40-80 x 4.0-6.5 µm (Parry, 1990). Die Ascosporen, welche 2 Jahre im Boden überdauern können (Gerres, 2013), sind die Diasporen (Vermehrungseinheiten) der sexuellen Phase und die Makrokonidien, das Mycel und die Chlamydosporen sind das Produkt der asexuellen Phase (Bürstmayr et al., 2012). Die Ascosporen sind besonders aggressiv und fungieren als natürliches Infektionsmaterial. Die Ascosporenbildung erfolgt bei über 90 % Luftfeuchte im Frühjahr auf Maisstoppeln. Die Infektion bei Weizen mit *F. graminearum* erfolgt, wenn die Temperaturen zum Blühzeitpunkt 2 Tage über 17 °C liegen und Regen von über 2 mm auftritt (Miedaner, 2012). Die optimale Befallstemperatur beträgt 25 °C (Kück et al., 2009). Lange andauernder Regen, bewirkt Spritzeeffekte, welche zu einer sehr starken Epidemie führen können (Miedaner, 2012).

F. culmorum

F. culmorum ist in Nordeuropa die am häufigsten vorkommende Art. Die vermehrte Auftretenshäufigkeit könnte auch mit dem vermehrten Maisanbau in den letzten Jahrzehnten zusammenhängen (Leonard und Bushnell, 2003). *F. culmorum* kommt bei Weizen und Mais weltweit vor und bildet die Mykotoxine DON, NIV, ZON aus. Diese Fusarium-Art ist anhand der Symptome und des Lebenszyklus nicht unterscheidbar zu *F. graminearum*. Es werden im Gegensatz zu *F. graminearum* jedoch nur asexuelle Sporen, also Konidien gebildet (Miedaner, 2012). Diese 3-5 Mal septierten Makrokonidien (Abb. 6) sind spindelförmig, weisen eine deutliche Fußzelle auf (Hoffmann und Schmutterer, 1983) und sind 26-40 x 4-6 µm groß (Parry, 1990). *F. culmorum* bildet Dauersporen (Chlamydosporen) im Boden (Miedaner, 2012) und massenhaft Sporodochien aus (Leonard und Bushnell, 2003). Infizierte Ähren und infiziertes Saatgut stellen eine Infektionsquelle für die darauffolgende Vegetationsperiode dar. Es wird derzeit diskutiert, ob das Myzel, welches von infiziertem Saatgut ausgeht und im Halm hochwächst, auch zu infizierten Ähren führen kann. Wenn dies der Fall ist, würden vorbeugende pflanzenbauliche Maßnahmen nicht anschlagen. Im BBCH 55-69 Stadium, dem Zeitpunkt der frühen Blüte, sind die Pflanzen

besonders anfällig. Die Bedingungen für den Ährenbefall zum Blühzeitpunkt sind: eine feuchte Witterung (ein Tag mit 3-4 mm Niederschlag, oder mehrere Tage > 2 mm Niederschlag) und eine Befallstemperatur von 10-14 °C. Befallsfördernd wirkt, bedingt durch eine hohe Luftfeuchtigkeit, auch der Anbau in Senken, sowie die Nähe zu Waldrändern und Feuchtgebieten. Aus diesem Grund wird der Anbau auf Kuppen, bei Windschneisen und auf großen Freiflächen empfohlen (Miedaner, 2012).



Abbildung 6: Makrokonidien von *F. culmorum* (Barron, 2013)

F. avenaceum

Die Art *F. avenaceum* bildet nur Makrokonidien und keine Mikrokonidien aus (Leonard und Bushnell, 2003). Die Makrokonidien sind 10-70 x 3.5-5 µm groß (Parry, 1990). Außerdem werden Sporodochien ausgebildet (Leonard und Bushnell, 2003). *F. avenaceum* hat das teleomorph *Gibberella avenacea* (Bürstmayr et al., 2012).

F. poae

Die Art *F. poae* bildet sowohl Makrokonidien, als auch Mikrokonidien aus (Leonard und Bushnell, 2003).

Microdochium nivale

M. nivale (Schneeschimmel) wurde früher auch als *F. nivale* bezeichnet und bildet ähnliche Symptome (Abb. 7) wie die Ährenfusariose aus (Miedaner, 2012). Im Gegensatz zu *F. culmorum* benötigt er kühle Temperaturen, aber auch eine hohe Luftfeuchtigkeit (Hoffmann und Schmutterer, 1983). Der Schneeschimmel bildet zwar keine Mykotoxine aus, aber er führt zu einer geringen Keimrate und zu Ertragsverlusten (Nielsen et al., 2013). Die Konidien sind sichelförmig und 10-30 x 2.5-5 µm groß (Parry, 1990).



Abbildung 7: Schneeschimmel an der Ähre (BASF, 2019)

1.3.5 Morphologie der Weizenpflanzen in Zusammenhang mit der Anfälligkeit

Resistentere Pflanzen, sind jene die Ihre Blütchen nur kurz in der Mitte des Tages öffnen, wodurch das Infektionsrisiko geringer ist, und kleistogam abblühende Pflanzen. Begrante Ähren sind anfälliger da durch die Grannen vermehrt infizierte Regenspritzer aufgefangen werden. Dicht gepackte Ährchen weisen durch eine länger anhaltende Feuchtigkeit ein erhöhtes Anfälligkeitsrisiko auf. Eine hohe Bestandsdichte führt zu dem gleichen Effekt. Fakt ist außerdem, dass je höher die Pflanzen sind, desto geringer ist die Anfälligkeit gegenüber Fusarium. Hauptursache für dieses Phänomen ist der größere Abstand zwischen den Blattetagen, denn dadurch ist der Weg für die Konidien vom Boden bis zur Ähre viel länger (Leonard und Bushnell, 2003).

1.4 Mykotoxine

Getreide ist, wegen den hohen Kohlenhydrat-, Fett und Stickstoffgehalten, anfällig für die Mykotoxinbildung (Leonard und Bushnell, 2003). Durch die Bildung von Mykotoxinen erfolgt in der Pflanze der Umstieg von einer biotrophen zu einer nekrotrophen Interaktion. Mykotoxine sind sekundäre Metaboliten und tragen durch ihre Phytotoxizität zur Pathogenese bei. Phytotoxine führen zum Welken der Pflanze, zu einer Chlorosis und zu Nekrosis. Es gibt Experimente die gezeigt haben, dass ein starker Zusammenhang zwischen der Mykotoxinproduktion und der Aggressivität des Pilzes besteht (Leonard und Bushnell, 2003). Der größte Mykotoxingehalt im Korn befindet sich an der Eintrittsstelle des Pilzes. Je nach Befallszeitpunkt der Ährchen unterscheidet sich auch der Mykotoxingehalt in den Körnern (Miedaner, 2017). Zu feuchte Lagerung (>14 %) führt zu einer weiteren Mykotoxinbildung. Das Mehl mit der geringsten Mykotoxinbelastung ist das Weißmehl, da der Gehalt an Mykotoxinen im Endosperm geringer ist als in der Schale (Miedaner, 2012).

Zu den Mykotoxinen zählen: Trichothecene (DON, NIV), ZON, Fumonisine und Moniliformin (Leonard und Bushnell, 2003).

1.4.1 Trichothecene

Trichothecene ist der Überbegriff für Sesquiterpenoid Mykotoxine. Sie bestehen aus zwei Doppelbindungen und einem Ring (Leonard und Bushnell, 2003). Trichothecene werden von Fusarium-Arten auf Getreide und Hirse gebildet (Kück et al., 2009).

Trichothecene hemmen die Proteinbiosynthese im Menschen (Miedaner, 2012). Dies beruht auf der Hemmung der Peptidyl Transferase. Dadurch kann auch die DNA-Synthese gehemmt werden, die roten Blutkörperchen werden abgetötet und eine Nekrose kann entstehen (Leonard und Bushnell, 2003). Die Aufnahme von Trichothecenen führt zu Problemen im Verdauungstrakt, im Nervensystem und bei der Blutbildung. Trichothecene sind jedoch nicht krebserregend (Miedaner, 2012). Sie wirken zellschädigend, nervenzellschädigend, immunsystemserschädigend, führen zu inneren Blutungen und schädigen die Lungenbläschen (Kück et al., 2009). Schweine sind besonders anfällig und zeigen bei erhöhter Trichothecen-Aufnahme Durchfall, Erbrechen, Hautprobleme, erhöhte Infektionsanfälligkeit und verminderte Futteraufnahme (Miedaner, 2012).

1.4.1.1 Deoxynivalenol

Einige Fusarium Arten, darunter *F. culmorum*, *F. graminearum* und *F. poae* bilden das Toxin DON aus, welches auch als „Vomitoxin“ bezeichnet wird. Dieses Toxin kommt hauptsächlich in Gerste, Hafer, Brotweizen, Durumweizen, Roggen und Mais, sowie deren Produkten (Nudeln, Teigwaren, Brot, Bier) vor. DON wirkt nieren- sowie immunsystemserschädigend und ist ein gastrointestinaler Reizstoff (Kück et al., 2009). Die Höchstdosis für DON wurde bei 1 µg/kg Körpergewicht pro Tag festgelegt (Börner, 2009 und Miedaner, 2012). DON hat einen LD₅₀-Wert von 46 mg/kg Körpergewicht. Der EU-Grenzwert von DON im Durumweizen-Erntegut (unverarbeitet) wurde bei 1,75 mg/kg festgelegt. DON kommt häufiger vor als NIV und ZON. Vollkornprodukte sind außerdem stärker mit DON belastet, als Produkte mit geringem Schalenanteil. Wobei Roggenprodukte geringere DON-Gehalte aufweisen als Weizenprodukte. Durumweizen enthält im Gegensatz zu Weichweizen viermal so viel DON. Der Einfluss der feuchten Witterung spielt bei der DON-Produktion eine große Rolle (Miedaner, 2012). Die DON Konzentration in den Körnern steigt, mit länger anhaltender Feuchtigkeitsperiode (Leonard und Bushnell, 2003).

1.4.2 Nivalenol

NIV wird hauptsächlich von *F. nivale* auf Gerste, Weizen und Mais gebildet und führt bei Mensch und Tier zu inneren Blutungen (Kück et al., 2009). Für NIV beträgt die Höchstdosis 0.7 µg/kg Körpergewicht pro Tag (Börner, 2009). NIV hat einen LD₅₀-Wert von 4 mg/kg Körpergewicht (Miedaner, 2012).

1.4.3 Zearalenon

Fusarien produzieren außerdem ZON, welches zu den Nonaketiden zählt (Börner, 2009). Zearalenon kommt hauptsächlich in Gerste, Roggen, Weizen, Hafer, Mais, Hirse und daraus entstandenen Produkten wie Brot, Backwaren und Cornflakes vor und wird über das Futter in die Milch abgegeben (carry over) (Kück et al., 2009). Zearalenon ist östrogen wirksam und die Tageshöchstdosis beträgt 0.2 µg/kg Körpergewicht (Börner, 2009). ZON bindet an die Rezeptoren für das weibliche Hormon Östrogen. Schweine sind für diese hormonelle Wirkung besonders anfällig. Probleme wie Schwellungen der Genitalien und Unfruchtbarkeit treten auf (Miedaner, 2012). Außerdem ist es krebserregend, nervenzellschädigend, hautschädigend und schädigt die Blutbildungsorgane (Kück et al., 2009). Die tolerierbare tägliche Aufnahme beträgt 0.2 µg/kg Körpergewicht für den Menschen. Für ZON beträgt der LD₅₀-Wert 2000 mg/kg Körpergewicht. Diese Menge erscheint als sehr viel, aber die hormonelle Wirkung tritt schon bei viel geringeren Mengen auf (Miedaner, 2012).

1.5 Fusarium Management

Die Befalls-Verminderung kann durch schnelle Verrottung infizierter Pflanzenteile, resistente Sorten, wendende Bodenbearbeitung, welche den Ascosporenflug vermindert und durch Einsatz von Azol-Fungiziden zur Blütezeit erreicht werden (Börner, 2009).

1.5.1 Fruchtfolge und Bodenbearbeitung

Mais soll nicht als Vorfrucht zu Weizen angebaut werden. Der Maisanbau, hinterlässt infizierte Ernterückstände, welche bei anschließendem Weizenanbau die neue Saat infizieren. Besonders nach dem Maisanbau soll eine wendende Bodenbearbeitung durchgeführt werden, um den Befall und den Mykotoxingehalt bei den nachfolgenden Pflanzen zu verringern. Die Strohrotte von Mais ist besonders wichtig, wenn ein Pflugeinsatz wegen Erosionsgefahr nicht möglich ist (Miedaner, 2012).

1.5.2 Ökologische Landwirtschaft

Die ökologische Landwirtschaft hat Vorteile gegenüber der Konventionellen in Bezug auf das Mykotoxinrisiko. Diese Vorteile ergeben sich aus einer weiten Fruchtfolge, dem Pflugeinsatz und dem Einsatz von langstrohigen Sorten. Außerdem wird in der ökologischen Landwirtschaft noch häufig die ziemlich resistente Sorte Bussard angebaut (Miedaner, 2012). Resistente Sorten sind von großer Bedeutung für die Landwirtschaft (Börner, 2009). Für die biologische Kontrolle gegen *F. graminearum* zeigen brasilianischen Isolate der Mikroorganismen, *Bacillus* und *Paenibacillus*, die beste Wirkung. Durch diese konnte die Schwere der Krankheit um 50-67 % reduziert werden und der Ertragsverlust um 700 kg/ha vermindert werden (Leonard und Bushnell, 2003). Die Wirksamkeit ist jedoch umstritten.

1.5.3 Beizung und Fungizideinsatz

Die Beizung des Saatguts ist hoch wirksam und billig, jedoch wird nur der Pilz auf der Samenschale unschädlich gemacht und nicht im Korn selbst. Der Fungizideinsatz sollte nur im Notfall durchgeführt werden, da die Wirkung der Fungizide gegen Ährenfusariose nur gering ist (Miedaner, 2012). Um die Ergebnisse zu verbessern ist es nötig die Fungizide zur vollen Blüte einzusetzen und ein beidseitiges Besprühen der Ähren ist zielführend. Der früheste Einsatzzeitpunkt von Fungiziden gegen Fusarium ist, wenn alle Ähren geschoben sind. Besonders das Behandeln der Antheren mit Fungiziden ist wichtig, da Antheren eine große Rolle bei der Infektion spielen (Leonard und Bushnell, 2003). Azolfungizide zeigen die höchste Wirksamkeit. Dazu zählen die Wirkstoffe Prothioconazol, Metconazol und Tebuconazol. Mit diesen Fungiziden wird der Befall um 50-70 % vermindert und dadurch werden auch die Toxinegehalte von DON und ZON verringert (Miedaner, 2012). Die optimale Aufwandmenge für Tebuconazole ist 250 L/ha. Dieses Fungizid soll 1-2 Tage vor beziehungsweise nach der Infektion eingesetzt werden, da sonst die Wirkung des Fungizids vermindert ist. Unter natürlichen Umständen erfolgt die Infektion bei einer Regenmenge von über 5 mm Niederschlag am Tag. Bei feuchter Witterung ist der Fungizideinsatz, aufgrund von feuchten Bodenbedingungen, jedoch nach hinten zu verschieben, was zu einer verminderten Wirkstoffeffizienz führt (Leonard und Bushnell, 2003). Fungizide werden vorbeugend eingesetzt, weil es schwierig ist den Zeitpunkt vorherzusagen an dem die Ähren befallen werden. Resistente Sorten sind jedoch die beste Wahl um die Befallshäufigkeit zu minimieren (Miedaner, 2017).

1.5.4 Infiziertes Erntegut

Um den Mykotoxingehalt in der Ernte gering zu halten sollte der Reinigungsgrad der Erntemaschinen optimal eingestellt werden. Es ist verboten stark belastetes Erntegut mit wenig infiziertem Material zu vermengen um daraus Lebensmittel herzustellen. Um ein weiteres Pilzwachstum zu vermeiden soll die Kornfeuchtigkeit im Lager 14 % nicht übersteigen (Miedaner, 2012). Aufgrund des geringeren Korngewichts lassen sich die Schmachtkörner im sogenannten Windfang aussortieren. Dabei werden die befallenen Körner aus dem Erntegut geblasen. Diese Methode versagt jedoch, wenn Körner die mit Gift und Pilz infiziert sind, keine Symptome zeigen, also normal schwer sind. Dadurch kommt es durch die Verarbeitung zu mykotoxinbelastetem Mehl (Miedaner, 2017). Eine empfehlenswerte Aufbereitungsmaschine mit hohem Durchsatz ist der Steigsichter, denn er trennt die Körner nach der Sinkgeschwindigkeit. Eine Reinigung und anschließende Verfütterung an Rinder und Geflügel ist möglich, sowie der Ausputz und die Verwendung als Biogas. Stark infiziertes Getreidegut kann zur Verbrennung verwendet werden, da Getreide einen hohen Heizwert aufweist. Außerdem kann es in Biogasanlagen eingespeist werden. Dabei wird das DON abgebaut und die Fusarien unschädlich gemacht. Eine Etanolherstellung mit kontaminiertem Erntegut ist ökonomisch nicht sinnvoll, da die Toxine in den Reststoffen (Schlempe) verbleiben. Diese Reststoffe werden jedoch normalerweise als eiweißhaltiges

Futter verkauft. Durch die Toxinkontamination der Reststoffe ist der Verkauf als Futtermittel nicht mehr möglich (Miedaner, 2012).

1.6 Resistenzzüchtung

Ziel der Resistenzzüchtung ist es, regional angepasste Sorten zu züchten, welche einen hohen Ertrag und eine gute Qualität erzielen, sowie resistent gegen wichtige Krankheiten sind (Bürstmayr et al., 2009). Die Fusarienresistenz ist wichtig, da sie einen Einfluss auf die Qualität und die Mykotoxinkontamination hat (Summers und Brown, 2013). Die Fusarienresistenz wird durch die Temperatur, das Wachstumsstadium der Pflanze und die Auftretenshäufigkeit des Inokulums beeinflusst (Bürstmayr et al., 2002).

Resistenzgene verhindern das Eindringen und die Ausbreitung des Pilzes in der Pflanze. Durch hochresistente Sorten wird der Fungizideinsatz verringert, wodurch die finanziellen Ausgaben vermindert werden (Parry, 1990) und der ökonomische Gewinn höher ausfällt. Außerdem wird das Risiko der Bildung von Fungizidresistenzen seitens der Pathogene vermindert (Miedaner, 2010). In der Literatur werden mehrere Arten von Fusariumresistenzen beschrieben. Die zwei Wichtigsten sind: Typ 1 und Typ 2 Resistenz. Typ 1 wird als resistent gegen das Eindringen des Pilzes bezeichnet und Typ 2 beschreibt die Resistenz gegen die Ausbreitung des Pilzes in der Pflanze (Bürstmayr et al., 2003). In Weizen ist die Resistenz gegen die Ausbreitung der Hyphen von Ährchen zu Ährchen über die Rachis wichtig (Typ 2 Resistenz) (Leonard und Bushnell, 2003). Die QTL *Fhb1* am Chromosom 3B und *Fhb2* am Chromosom 6B werden für die Typ 2 Resistenz verantwortlich gemacht. Noch dazu befindet sich am Chromosom 5A ein QTL, namens *Qfh.ifa-5A*, welcher hauptsächlich für die Typ 1 Resistenz zuständig ist (Prat et al., 2014). Da es sich um eine quantitative Resistenz handelt gibt es große Unterschiede in der Befallsausprägung. Es werden alle Pflanzen befallen, aber der Befall ist unterschiedlich hoch. Geringerer Befall bedeutet gleichzeitig auch eine geringere Mykotoxinbelastung (Miedaner, 2017). Quantitative Eigenschaften werden durch viele Genorte (Loci) mit geringen Effekten, sowie durch einige wenige Loci mit großen Effekten beeinflusst (Bernardo, 2010). Daher lässt sich bei der Auswertung der Phänotypisierung eine Normalverteilung erkennen (Bernardo, 2014). Quantitative Trait Locus (QTL) bezeichnet somit den einzelnen Genort (Miedaner, 2010). Schon 1995 zeigte eine Studie von Van Eeuwijk et al., dass die Fusariumresistenz in Winterweizen horizontal und nicht spezie spezifisch ist. Daher kann jede Rasse von Fusarium für die Phänotypisierung verwendet werden.

1.6.1 QTL-Analyse

Laut Kearsey (1998) werden QTL-Analysen angewandt um Gene, welche die Ausprägung wichtiger Eigenschaften bestimmen, zu lokalisieren und um die genetische Variation, die Effekte der Gene sowie deren Interaktionen zu erforschen. Für QTL-Analysen werden bevorzugt Populationen, welche aus einer Kreuzung von Inzuchtlinien entstanden sind

verwendet, z. B. F₂-Populationen, rekombinante Inzuchtlinien (RIL) und doppelt haploide Linien (Kearsey, 1998). Dabei gilt der Grundsatz, dass je mehr Linien für die QTL-Analyse verwendet werden, desto besser (Bürstmayr et al., 2009).

Kopplung bedeutet, dass der Markerort und der QTL nicht getrennt vererbt werden, da sie am Chromosom nah beieinanderliegen (Kearsey, 1998). Kopplungsgleichgewicht bezeichnet die unabhängige Vererbung von zwei Genorten. Wohingegen ein Kopplungsungleichgewicht die Tatsache bezeichnet, dass manche Allelkombinationen häufiger vorkommen als erwartet (Pflanzenforschung, 2019).

1.6.2 Fusariumresistenz im Durumweizen

Durch die steigende Nachfrage an Pasta hat sich das Anbaugebiet vom warmen, trockenen Süden in nördliche, niederschlagsreiche Gebiete (Österreich, Frankreich und Deutschland) ausgebreitet. Die Variation für die Resistenz in Durumweizen ist sehr gering, wodurch es schwierig ist eine gute Resistenzzüchtung zu betreiben. Diese geringe Variation ergibt sich vermutlich aus der Verwendung von Germplasm, aus dem warmen und trockenen Mittelmeerraum, das keinem starken Befallsdruck ausgesetzt war (Prat et al., 2014). Daher werden Resistenzallele von hexaploidem Weizen in tetraploiden Durumweizen eingekreuzt (Prat et al., 2017 und Zhao et al., 2018). Es werden aber auch resistente Verwandte wie *T. dicoccoides* und *T. dicoccum* in *T. durum* eingekreuzt (Bürstmayr et al., 2012). Eine weitere Resistenzquelle ist *T. carthlicum* (Prat et al., 2014). Laut Prat et al. (2017) und Zhao et al. (2018) wurden die Resistenz-QTL *Fhb1*, *Qfhb.ndwp-5A* und *Qfhb.ndwp-7A* von hexaploidem Weizen in Durumweizen erfolgreich eingekreuzt. Wenn die Resistenz aus exotischem Material in einen Elite-Elter eingekreuzt wird, dann wird hinterher oft eine Rückkreuzung gemacht (Bernardo, 2010). Die Einkreuzung von Resistenzgenen von wilden Verwandten in *T. durum*, hat den Nachteil, dass auch unerwünschte Gene, welche sich negativ auf den Ertrag und die Qualität auswirken, in die Nachkommen übertragen werden. Dies wird als „linkage drag“ bezeichnet (Bürstmayr et al., 2014). Eine Pyramidiesierung von Genen erfolgt, wenn viele Sorten mit verschiedenen Resistenzgenen gekreuzt werden und aus den daraus entstandenen Linien jene mit den meisten Resistenzgenen herausselektiert werden (Agrios, 2005). Mithilfe molekularer Marker, welche mit den Resistenz-QTL eng gekoppelt sind, kann die Selektion auf mehrere Resistenzallele erfolgen (Poehling und Verreet, 2013).

Laut Prat et al. (2014) wurden bisher fünf tunesische Durumweizen Landrassen mit Typ 2 Resistenz entdeckt. Auch in syrischen Landrassen wurde eine signifikante Variation für die Resistenz gefunden. Aufgrund der unterschiedlichen Genomanzahl von Weichweizen (AABBDD) und Durumweizen (AABB) ist es schwierig die Resistenz gegen die Ährenfusariose in Durumweizen einzukreuzen. Es ist zwar möglich die Resistenzgene des A und B Genoms in Durumweizen einzukreuzen, aber nicht die Resistenzgene des D Genoms von Weichweizen in Durumweizen (Prat et al., 2014). Das D-Genom ist für die erfolgreiche Resistenzzüchtung jedoch nicht zwingend notwendig (Prat et al., 2016). Es wurde gezeigt, dass durch eine

wiederholte Rückkreuzung mit Durumweizen der Resistenz-QTL *Fhb1* von Sumai-3 in Durumweizen erfolgreich überführt werden konnte. Die Einkreuzung des *Fhb2* Gens war bis jetzt nicht erfolgreich (Prat et al., 2014).

1.6.3 Der *Fhb1* QTL in Sumai-3

Es existieren keine befallsfreien Sorten, jedoch gibt es Sorten die einen geringen Befall aufweisen. Die chinesische Sorte Sumai-3 ist hochresistent, aber sie weist nur einen geringen Ertrag auf und ist für Roste, sowie Mehltau stark anfällig (Miedaner, 2012). Sumai-3 entstand in China im Jahr 1972 aus der Kreuzung: Funo x Taiwan-weizen (Bürstmayr et al., 2012) und eignet sich aufgrund der guten Resistenzeigenschaften (nur ca. 2 % befallene Ähren) sehr gut als Resistenzdonor für europäische Hohertragsorten. Es ist erwiesen, dass die geringere Anfälligkeit mit einem geringeren DON-Gehalt zusammenhängt (Miedaner, 2012). Die Kreuzung zweier moderat resistenter Linien führt dazu, dass manche Nachkommen eine bessere Resistenz als jeder der beiden Eltern aufweisen. Dieser Effekt wird als transgressive Segregation bezeichnet (Prat et al., 2014). Laut Anderson et al. (2007) wurde der QTL *Fhb1* (syn. *Qfhs.ndsu-3BS*), welcher hauptverantwortlich für die Typ 2 Resistenz ist, von Waldron et al. (1999) entdeckt. Obwohl viele QTL für die FHB-Resistenz zuständig sind, ist das *Fhb1* ein Haupt-QTL und vermindert die Krankheitssymptome um 27 %, außerdem sind eng verbundene Marker verfügbar (Anderson et al., 2007). Auch eine Studie von Bürstmayr et al. (2003) ergab, dass 29% der phänotypischen Varianz von dem QTL *Fhb1* erklärt werden (Bürstmayr et al. 2003). Der QTL *Fhb1* befindet sich am kurzen Arm des 3B Chromosoms und liegt im Intervall *Xgwm 533* und *Xgwm493* (Bürstmayr et al., 2002 und Bernardo, 2010).

1.6.4 QTL für die Fusarienresistenz in *T. durum*

Im tetraploiden Weizen wurden auf den Chromosomen 2A, 2B, 3A, 3B, 4A, 4B, 5B, 6A, 6B, 7A und 7B QTL mit mäßiger Auswirkung auf die Resistenz gegen die Ährenfusariose entdeckt. Die QTL auf den Chromosomen 2B, 3A, 3B und 6B wurden in verschiedenen Studien unabhängig voneinander validiert. Die Resistenz-QTL auf den Chromosomen 2A, 2B, 3A, 3B, 4A, 4B, 6B, 7A und 7B des tetraploiden Weizens überlappen sich mit jenen QTL von hexaploidem Weizen (Prat et al., 2014). In hexaploidem Weizen gibt es einige Resistenz-QTL (Bürstmayr et al., 2009), jedoch sind nur wenige davon (e.g. *Fhb1-Fhb5*) gut validiert und für einen Großteil der Fusariumresistenz verantwortlich (Bürstmayr et al., 2014). Diese sind jedoch alle keine Durum Resistenz-QTL. Die QTL *Fhb1*, *Fhb2* und *Qfhs.ifa-5A* sind in Sumai-3 enthalten (Steiner et al., 2017). *Fhb3* kommt in Leymus vor (Qi et al., 2008) und die QTL *Fhb4* sowie *Fhb5* wurden in der chinesischen Linie Wangshiubai gefunden (Xue et al., 2010 und 2011). Verschiedene Resistenzquellen für tetraploiden und hexaploiden Weizen sind in Tabelle 1 zusammengefasst.

Tabelle 1: Informationen zu den QTL in tetraploidem und hexaploidem Weizen und deren Effekt (nach Prat et al., 2014 und Bürstmayr et al., 2009)

Resistenzquelle	Chromosom	Marker	Effekt [%]	Fhb-Resistenz
<i>T. dicoccoides</i> Mt. Hermon#22	3A	<i>Xgwm2</i>	10.3	Ausbreitung
<i>T. dicoccoides</i> Mt. Gerizim#36	3A	<i>Xgwm779-Xgwm1121</i>	17-22	Ausbreitung
Sumai-3	3BS	<i>Xgwm493</i>	41.6	Ausbreitung
<i>T. dicoccum-161</i>	4BS	<i>Rht-B1</i>	3.1-18	Befallsstärke

Durch genetische Karten, welche die Position und die Distanz zwischen Markern zeigen, können passende Marker für die genotypische Analyse ausgewählt werden (Abb 8). Denn die Gene und die Marker welche auf dem Chromosom nah beieinanderliegen, werden sehr häufig miteinander vererbt. Gene und Marker welche jedoch weit auseinanderliegen, werden nicht oft gemeinsam vererbt und unterliegen somit einer hohen Rekombinationsrate (Collard et al., 2005).

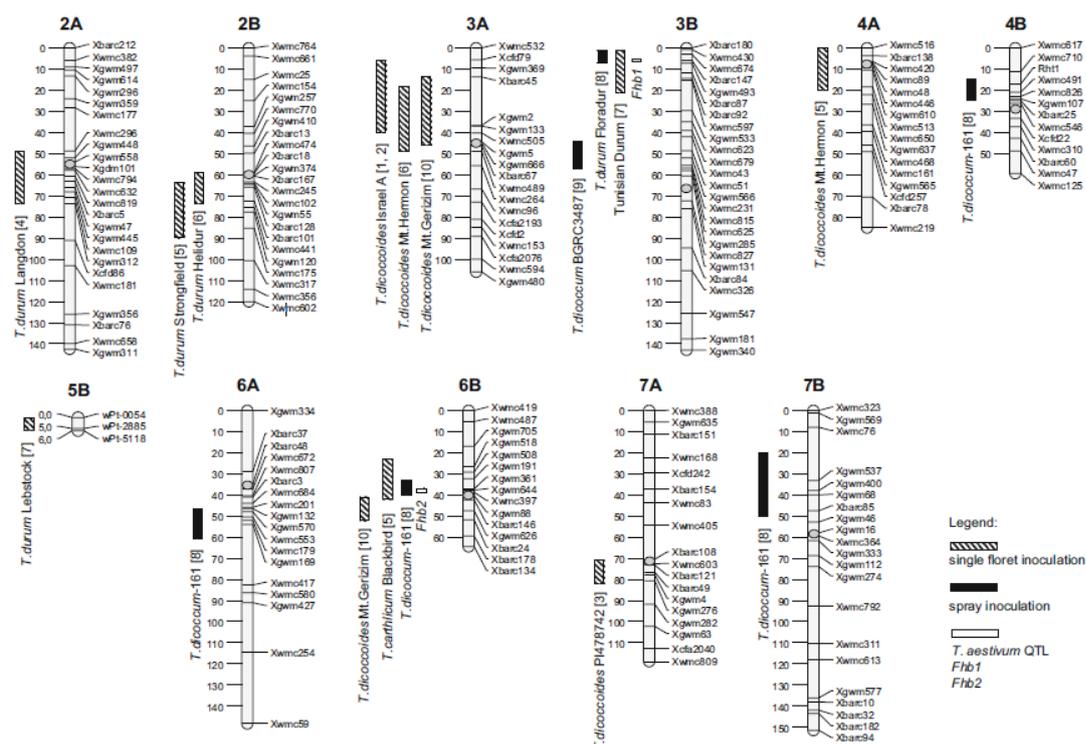


Abbildung 8: Chromosomen mit QTL für die Resistenz gegen Ährenfusariose. Die Resistenzträger sind eingezeichnet und die QTL Positionen auf den Chromosomen sind angegeben (Prat et al., 2014)

1.6.5 Resistenzzüchtung im Winterweizen

Die genetische Analyse für die Fusariumresistenz in Winterweizen wurde weniger intensiv betrieben, als bei Sommerweizen. Dies ergibt sich daraus, dass schwere Fusarien-Epidemien hauptsächlich in den großen Sommerweizenanbaugebieten in den USA und Canada

auftreten und dass die hochresistenten Linien Sommerweizensorten sind (Bürstmayr et al., 2009).

1.6.6 Marker-gestützte Selektion

Laut Miedaner (2010) werden jene DNA-Abschnitte, deren Lage auf dem Chromosom bekannt ist, als molekulare Marker bezeichnet. Genetische Marker sind nicht das eigentlich gesuchte Gen, aber sie agieren als Wegweiser (Collard et al., 2005), denn sie liegen in der Nähe von gewünschten Genen und werden gemeinsam mit diesen vererbt. Mit molekularen Markern werden Unterschiede in der DNA-Sequenz, zwischen mehreren Linien, sichtbar gemacht (Becker, 2011). In der Literatur werden drei Typen von Markern beschrieben: DNA-Marker, welche durch Mutationen, Substitutionsmutationen, Neuordnung, oder Fehler in der DNA – Replikation entstehen, morphologische Marker (z.B.: sichtbare phänotypische Eigenschaften) und biochemische Marker. DNA-Marker, welche Unterschiede zwischen Individuen aufzeigen, nennt man polymorph. Monomorphe Marker sind jene, die nicht zwischen den Linien unterscheiden können. Die polymorphen Marker werden in codominante und dominante Marker unterteilt. Dominante Marker sind jene, die ein Allel oder ein Nullallel aufweisen, und codominante Marker können homozygote und heterozygote Pflanzen unterscheiden (Collard et al., 2005). Dies wird in Abbildung 9 veranschaulicht.

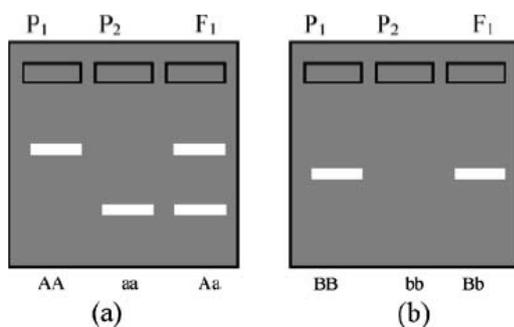


Abbildung 9: Codominante Marker (a) können zwischen homozygoten und heterozygoten Allelen unterscheiden. Dominante Marker (b) können diese Allele nicht unterscheiden, da sie ein Nullallel aufweisen (Collard et al., 2005).

Der Vorteil der Marker ist es, dass sie bereits an Jungpflanzen angewandt werden können und somit Geld, Platz und Zeit gespart werden (Miedaner, 2010; Meksem und Kahl, 2005; Collard et al., 2005, Bernardo, 2014). Im Gegensatz dazu kann die Phänotypisierung der Fusariumresistenz erst am Ende der Vegetationsdauer stattfinden (Miedaner, 2010) und ist somit sehr teuer und zeitaufwändig (Bernardo, 2014). Daher ist die Marker-gestützte Selektion von großer ökonomischer Bedeutung (Miedaner, 2010).

1.6.6.1 SSR-Marker

Simple Sequence Repeats (SSR) Marker werden auch als Mikrosatelliten bezeichnet. Sie sind meist codominant, häufig vorkommend und artspezifisch (Meksem und Kahl, 2005). Mikrosatelliten sind Teile der DNA (keine kodierenden Sequenzen), in denen eine Wiederholung der Nukleotidsequenzen vorkommt (Becker, 2011). Diese Wiederholungen können aus zwei (z. B. CT und AT) oder drei Nukleotiden (z. B. ATT) bestehen, die sich in den Linien unterschiedlich oft wiederholen und 1-6 Basenpaare lang sind. Links und rechts des Mikrosatelliten liegen 2 Primer, welche als Erkennungsstellen dienen. Um die Länge der Mikrosatelliten bestimmen zu können, wird die DNA-Sequenz zwischen den Primern amplifiziert. Dazu wird eine Polymerase-Kettenreaktion (PCR) durchgeführt (Becker, 2011). Die Vorteile von Mikrosatelliten sind: der Einsatz ist technisch einfach und die Ergebnisse sind zuverlässig. Jedoch gibt es auch Nachteile: viel Zeit und Arbeit müssen in die Produktion der Primer gesteckt werden und eine Polyacrylamid Gelelektrophorese wird benötigt (Collard et al., 2005).

1.6.6.2 *Rht-B1* Marker

Der *Rht-B1* Marker detektiert eine Punktmutation, sogenannter Single Nucleotide Polymorphisms (SNP) der zwischen dem *Rht-B1a* und *Rht-B1b* Allel unterscheiden kann (Meksem und Kahl, 2005 und Ellis et al., 2002). SNP bezeichnet also einen Unterschied in der DNA-Basenabfolge, der nur ein einziges Nukleotid betrifft. Zum Beispiel, der Unterschied zwischen CAGG und CGGG. Diese Marker verhalten sich codominant und sind meist biallelisch (Bernardo, 2010). SNPs kommen sehr häufig vor, sind gleichmäßig über das Chromosom verteilt und unterliegen einer sehr geringen Mutationsrate. Der Hauptanteil der SNPs sind „non-coding SNPs“, welche hauptsächlich in Introns zu finden sind. Es gibt aber auch einen geringen Anteil an „coding SNPs“, welche in Exons eingebettet sind (Meksem und Kahl, 2005).

1.6.7 Genomische Selektion

Bis jetzt wurden nur wenige QTL mit großem Effekt auf die Fusariumresistenz entdeckt. Nur für diese QTL ist die marker-gestützte Selektion von Bedeutung. QTL mit nur kleiner Auswirkung auf die Resistenz wurden bis jetzt nur phänotypisch selektiert. Bei der genomischen Selektion werden quantitative Eigenschaften, welche durch mehrere Gene beeinflusst werden, durch die Anwendung von dicht gedrängten Markern vorhergesagt. Die genomische Selektion wird als sehr vielversprechend angesehen (Bürstmayr et al., 2014). Im Durumweizen ist die genomische Selektion für den Ertrag, die Qualitätseigenschaften und die Fusariumresistenz von Vorteil. Mittels genomischer Selektion können schon im frühen Züchtungsstadium jene Linien mit guter Fusariumresistenz und guten Qualitätseigenschaften identifiziert werden. Die genomische Selektion konnte die Vorhersagbarkeit für die Anfälligkeit um 21 % und um 38 % für die Wuchshöhe, gegenüber der Marker-gestützten Selektion, erhöhen (Steiner et al., 2018). Die Genomische Selektion stammt ursprünglich aus

der Tierzucht. Hierbei werden phänotypische Merkmale mit einer Vielzahl von Markerdaten, ungefähr 100.000, verrechnet, wodurch ein statistischer Zuchtwert entsteht. Dadurch ist eine frühzeitige Selektion möglich. Die Genauigkeit des Zuchtwerts liegt bei 40-60 % (Gladysz, 2016). Die Verrechnung der Daten geschieht durch bioinformatische Methoden (Boldt, 2017).

1.7 Ziel der Masterarbeit

Die hier vorliegende Masterarbeit ist Teil des wissenschaftlichen Projektes „SFB F3711“. Das Projekt F3711, „Functional genomics of Fusarium resistance in wheat“ wird geleitet von Dr. Hermann Bürstmayr (IFA-Tulln) und ist Teilprojekt des SFB Fusarium Projektes, welches durch den „Fond zur Förderung der wissenschaftlichen Forschung (FWF)“ unterstützt wird. Um die Arbeiten einzuleiten wurden resistente Verwandte von *T. durum* mit anfälligen *T. durum* Elite-Eltern gekreuzt (Kapitel 2.1). Das Projekt zielt darauf ab, die Nachkommenschaft auf Fusariumresistenz zu testen. Erwünscht war die Entwicklung von resistenteren Linien, welche auch die guten Eigenschaften der Elite-Eltern enthalten. Zu Beginn des Projektes (2016) wurde eine Phänotypisierung, von einer Wiederholung am Feld, im Rahmen einer Bachelorarbeit durchgeführt. Anschließend folgte eine weitere Phänotypisierung von zwei Wiederholungen im Zuge einer Masterarbeit (2017). Somit ist die vorliegende Masterarbeit, durchgeführt im Jahr 2018, der dritte Teil dieses Projektes. Im Rahmen dieser Masterarbeit erfolgte eine Genotypisierung im Labor, sowie eine Phänotypisierung von 2 Wiederholungen am Feld (Tulln/Niederösterreich). Die zentrale Forschungsfrage dieser Masterarbeit lautet: Kann das Fusariumresistenzniveau in *T. durum* durch Einkreuzen von Resistenzallelen von *T. aestivum*, *T. dicoccoides* und *T. dicoccum* verbessert werden?

2 Material und Methoden

2.1 Pflanzenmaterial

Sieben anfällige Durumsorten, Semperdur, Helidur, Floradur, Durobonus, Karur, Colladur und SZD1029K wurden mit 17 resistenten Durumlinien gekreuzt. Die resistenten Durumlinien sind Rückkreuzungslinien und besitzen Resistenz-QTL aus *T. aestivum*, *T. dicoccoides* und *T. dicoccum*. Es wurden insgesamt 28 zwei- und vierfach Kreuzungen (Tabelle 2) zwischen den resistenten Eltern (Abb. 10) und den anfälligen, aber angepassten Eltern (Abb. 11) durchgeführt. Daraus entstanden 730 Linien. Nachfolgend werden die resistenten Durumlinien beschrieben.

Sumai-3 entstand aus einer Kreuzung von Funo (italienische Sorte) und Taiwanxiaomai (chinesische Sorte), welche nur mäßig anfällig gegenüber Ährenfusariose sind. Sumai 3 erlangte durch das Kombinieren der Resistenzgene eine größere Resistenz als jeder der beiden Eltern. Die Herkunft vom resistenten *Sumai 3* ist Jiangsu (Provinz im Osten von China) (Leonard und Bushnell, 2003).

DBC480-1 entstand durch eine vierfach-Rückkreuzung (BC_4) des resistenten hexaploiden Sumai-3 mit der anfälligen Durumsorte Semperdur, um das Resistenzgen von Sumai-3 (Resistenz-QTL *Fhb1* von *T. aestivum*) in *T. durum* einzukreuzen. Dadurch entstand ein sehr vollständiger Durumhintergrund in dem das Resistenz-QTL *Fhb1* enthalten ist. DBC480-1 enthält das Langstrohallel *Rht-B1a*. (Prat et al., 2017).

Die I17, I18 und I19 Linien entstanden aus der einmaligen Rückkreuzung (BC_1) von den *T. dicoccoides* Linien Mt.Hermon#22 (=ursprüngliche Resistenzquelle und Elter der Linien I17, I18) und Mt. Gerizim#36 (=ursprüngliche Resistenzquelle und Elter der Linien I19) mit der anfälligen Durumsorte Helidur. Dann wurden die BC_1F_1 Pflanzen bis zur BC_1F_6 Generation mittels Einkornramsch weiter geführt und daraus entstanden die $BC_1F_{6,7}$ Linien (Bürstmayr, 2013). Die Rückkreuzung mit dem Elite-Elter wurde angewandt, um den Anteil des Durumelters im Genom zu erhöhen und damit die agronomisch wichtigen Eigenschaften zu erhalten (Bürstmayr et al., 2012).

Die Heli und Flora Populationen entstanden aus der einfachen Rückkreuzung (BC_1) der resistenten Donorlinie *T. dicoccum*-161 (hohe Wuchshöhe, starke Lagerung) mit den anfälligen Durumsorten Helidur und Floradur. Td161 wurde von Dr. Jeannie Gilbert bereitgestellt. Floradur entstand aus der Kreuzung von Helidur x CIMMYT-4833. Die entstandenen Populationen sind von BC_1F_4 abstammende rekombinierte Inzuchtlinien (Bürstmayr et al., 2012).

Die angepassten, aber anfälligen Hohertragsorten Floradur (2003 registriert), Colladur, Karur, Durobonus (2004 registriert), SDZ1029K und Helidur wurden von der Saatzucht Donau GesmbH & CoKG in Probstdorf/Österreich bereitgestellt. Sie enthalten das *Rht-B1b* Kurzstrohallel. Die Sorte Karur wurde von RAGT 2002 registriert (Prat et al., 2016; Saatzucht-Donau, 2018 und Proplanta, 2014).

Weiterführend wurden die Kreuzungslinien mittels Einkornramsches bis zur F₇ gebracht (König et al., 2016).



Abbildung 10: Resistente Eltern: (A) *T. dicoccoides*, (B) *T. dicoccoides* Akzession I18, (C) *T. dicoccoides* Akzession I19, (D) *T. dicoccum*, (E) Sumai-3, (F) DBC 480-1 (König et al., 2016)



Abbildung 11: Anfällige Elite-Eltern: (A) Durobonus, (B) SDZ1029K, (C) Karur, (D) Floradur (König et al., 2016)

Tabelle 2: Kreuzungsplan

Kreuzung	Kreuzung	Elter	Elter		Kreuzung	Elter	Elter
T101	S150	I19-32-1	Heli123-1	X	S173	I17-122-1	DBC480-1
T102	S173	I17-122-1	DBC480-1	X	S150	I19-32-1	Heli123-1
T103	S173	I17-122-1	DBC480-1	X	S159	I19-8-1	Heli123-1
T104	S159	I19-8-1	Heli123-1	X	S173	I17-122-1	DBC480-1

Kreuzung	Kreuzung	Elter	Elter		Kreuzung	Elter	Elter
T105	S174	I18-14-1	DBC480-1	X	S165	Floradur	I19-32-1
T106	S165	Floradur	I19-32-1	X	S174	I18-14-1	DBC480-1
T107	S174	I18-14-1	DBC480-1	X	S170	I19-32-3	Durobonus
T108	S174	I18-14-1	DBC480-1	X	S154	I19-32-3	Karur
T109	S154	I19-32-3	Karur	X	S174	I18-14-1	DBC480-1
T110	S152	I19-32-3	DBC480-1	X	S166	Heli123-1	Durobonus
T111	S166	Heli123-1	Durobonus	X	S152	I19-32-3	DBC480-1
T112	S141	DBC480-1	Heli123-1	X	S170	I19-32-3	Durobonus
T113	S141	DBC480-1	Heli123-1	X	S165	Floradur	I19-32-1
T114	S165	Floradur	I19-32-1	X	S175	Heli31-1	DBC480-1
T115	S175	Heli31-1	DBC480-1	X	S157	I19-39-1	Karur
T116	S157	I19-39-1	Karur	x	S175	Heli31-1	DBC480-1
T117			Flora122-1	X	S152	I19-32-3	DBC480-1
T118			Flora122-2	X	S152	I19-32-3	DBC480-1
T119	S152	I19-32-3	DBC480-1	X		Flora122-1	
T121	S154	I19-32-3	Karur	X		Flora122-1	
T122	S173	I17-122-1	DBC480-1	X		Flora122-2	
R209		DBC480-1	I19-32-1				
R210		I17-122-1	Heli31-1				
R212		Heli52-1	SZD1029K				
R219		I19-29	Colladur				
R221		Colladur	I19-106				
S171		I17-122-1		X		Heli31-1	
S172		Heli106-1		X		I17-122-1	

Tabelle 3: Legende des Kreuzungsplans

Farbe	Resistenzquellen
	DBC480-1 (Resistenz-QTL <i>Fhb1</i> von <i>T. aestivum</i> , Sumai 3 x Semperdur)
	Triticum dicoccoides (I19) - wilder tetraploider Emmer
	Triticum dicoccoides (I17, I18) - wilder tetraploider Emmer
	<i>T. dicoccum</i> (Heli, Flora) – kultivierter tetraploider Emmer
	Hochertragssorten ohne Resistenz-QTL (Floradur, Karur, Durobonus, Colladur, SZD1029K)

2.2 Genotypisierung

2.2.1 Vorbereitung der Proben

Zu Beginn der praktischen Arbeit wurde das Saatgut nach neun Plänen in Multitopfplatten angebaut und für das optimale Wachstum in das Gewächshaus gestellt. Zehn Tage später, als die Pflanzen zirka 10 cm groß waren, begann das Ernten des Pflanzenmaterials. Dazu wurden die PCR-Tubes beschriftet (z.B.: DD1 für Platte 1 und 1-12 für die Tubes) und mit je drei kleinen Glasperlen, für das anschließende Mahlen, versehen. Dann wurden pro Linie mindestens fünf Pflanzen abgeschnitten und der unterste Zentimeter davon in die Röhrrchen übergeführt (Abb 12). Anschließend wurden die, mit Pflanzenmaterial befüllten Platten mindestens eine Nacht bei 37 °C im Trockenschrank getrocknet.

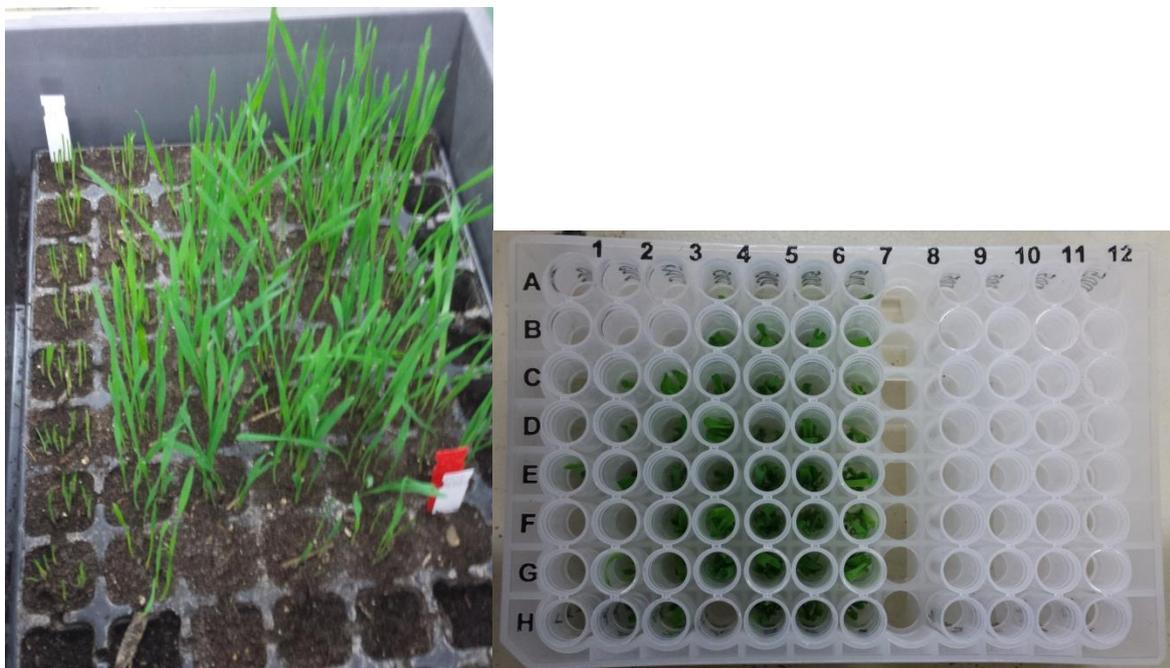


Abbildung 12: Links: Ernten der Blätter, rechts: Pflanzenmaterial in einer 96 Well Platte

2.2.2 DNA-Extraktion

Die DNA-Extraktion (CTAB-basierte Prozedur) wurde angelehnt an das Protokoll „DNA-Extraktion auf einer 96 Well Platte mit 8er Streifen“ laut Saghai-Marroof et al. (1984) durchgeführt. Die Proben wurden in einer Retsch-Mühle (Mixer Mill MM301) für insgesamt 8 Minuten bei einer Frequenz von 30 Hz gemahlen, wobei eine Änderung der Ausrichtung nach den ersten 4 Minuten erfolgte. Um eine spätere Kontamination, durch ein an den Deckeln der PCR-Tubes klebendes Pflanzenmaterials, zu verhindern wurden die Platten auf 600 RZB zentrifugiert. Danach wurden 600 µL eines CTAB-Puffers pro PCR-Tube unter dem Abzug hinzugefügt. Der CTAB-Puffer ist dazu da, dass die Zellwände zerstört werden und somit die DNA freiliegt. Der CTAB-Puffer wurde wie in Tabelle 4 beschrieben hergestellt.

Tabelle 4: Bestandteile des CTAB-Puffers. Angaben für 2 x 96 Well Platten (0,6 mL/PCR-Tube)

Bestandteile	Endkonzentration	Mengenangabe für 2 Platten
destilliertes H ₂ O		84,5 mL
1M Tris-7.5	100 mM	13 mL
5M NaCl	700 mM	18,2 mL
0,5M EDTA-8.0	50 mM	13 mL
CTAB	1 %	1,3 g
14M BME	140 mM	1,3 mL
Endbestand		130 mL

Die verschlossenen Platten wurden kurz geschüttelt, in ein Metallgestell eingespannt und in einem Wasserbad, 60-90 Minuten bei 65 °C und leichtem Rütteln, erhitzt. Nach dem Wasserbad wurden die ausgekühlten Platten kurz in der Zentrifuge auf 600 RZB zentrifugiert. Sodann wurden in jedes PCR-Tube 300 µL Chloroform hinzugefügt und die Platten wurden für fünf Minuten invertiert. Es folgte ein weiteres Zentrifugieren der Platten auf 3000 RZB für 10 Minuten. Nach diesem Schritt wurden die verschiedenen Phasen (fest/flüssig) sichtbar. Von dem flüssigen DNA-Überstand wurden je 300 µL pro Tube abgenommen (Abb. 13) und in, mit 5 µL RNase befüllte, Tubes abgegeben. Die richtige Konzentration der RNase wurde durch Hinzufügen von 1800 µL H₂O zu 200 µL konzentrierter (10 mmol/mL) RNase hergestellt. Nach einem kurzen Schwenken der neu befüllten Tubes wurden die Platten 20-30 Minuten bei Raumtemperatur stehen gelassen, damit die RNase die RNA abbauen konnte und nur die reine DNA übrigblieb. Nach einem nochmaligen kurzen Zentrifugieren der Platten bei 600 RZB, wurden 300 µL Isopropanol hinzugefügt und die Platten 5-10 Mal vorsichtig gewendet. Die Flüssigkeit wurde anschließend weggeschüttet und es wurde visuell kontrolliert, ob die DNA-Pellets vorhanden waren (Abb. 13). Für die nachfolgenden „Wash-Schritte“ wurden zuerst 100 µL von Wash 1 (76 % EtOH, 200 mM NaOAc) hinzugefügt, die Tubes mehrmals vorsichtig gewendet und die Platten bei 600 RZB 8 Minuten lang zentrifugiert. Die Flüssigkeit wurde weggeschüttet und dieser Vorgang wurde mit Wash 2 (76 % EtOH, 10 mM NH₄OAc) wiederholt. Die Platten wurden in ein Papiertuch gewickelt und über Nacht trocknen gelassen. Am nächsten Tag wurden je 100 µL TE-8 Puffer (1 mM Tris, 0.1 mM EDTA) in die Tubes pipettiert. Danach wurden die Platten ein paar Stunden auf den Schüttler gestellt und anschließend kühl gelagert.

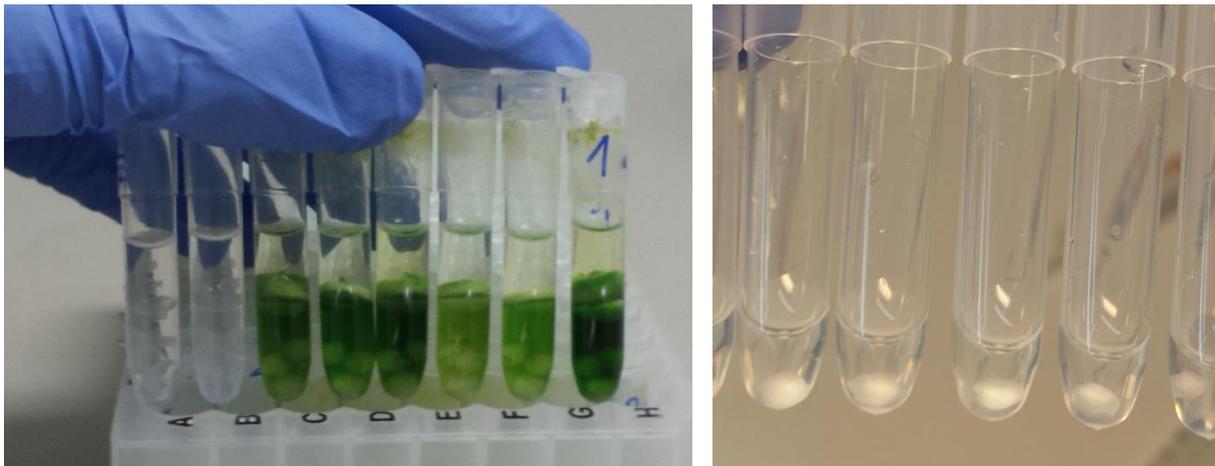


Abbildung 13: Links: Phasentrennung bei der DNA-Extraktion: oben: wässrige Phase inklusive DNA, Mitte: denaturierte Proteine, unten: organische Phase. Rechts: DNA-Pellets am Ende der Extraktion

2.2.3 Einstellung der DNA-Konzentration

Vor der Messung mit „Nanodrop“ (Firma Shimadzu) wurde die Platte auf den Schüttler („Mix Mate“ der Firma Eppendorf) gestellt. Die Platte wurde eine Minute mit der Geschwindigkeit 1000 geschüttelt. Zuerst wurde der Blindwert, des verwendeten TE-8 Puffers, bestimmt wodurch eine interne Kalibrierung erfolgte. Anschließend wurden sieben Stichproben, mit je 2 μL , pro Platte auf ihren DNA-Gehalt analysiert. Alle Platten wurden, je nach der Anfangskonzentration der DNA, auf 300 bzw. 500 ng DNA/ μL eingestellt. Die Einstellung der Verdünnung erfolgt nach folgender Formel:

$$c_1 * v_1 = c_2 * v_2$$

- c_1 Ausgangskonzentration
- v_1 Ausgangsvolumen
- c_2 Endkonzentration
- v_2 Endvolumen

Nach kurzem Schütteln und Zentrifugieren der Platten, wurde die genaue DNA-Konzentration der Photometerplatten mit dem Photometer (Infinite M200 Pro von Tecan, Wellenlängen: 230, 260 und 280 nm) bestimmt und eine exakte Einstellung der Proben auf 50 ng/ μL mittels Roboter (epMotion 5075 von Eppendorf) durchgeführt (Abb. 14). Danach wurden 120 μL /Well von den Photometerplatten in neue Photometerplatten überführt und in diese auch die Eltern hinzugefügt. Ausgehend von diesen neun Platten wurden 384-Well Platten vorgelegt.

2.2.4 Polymerase-Kettenreaktion

2.2.4.1 Marker - Analyse

Es wurden 18 Marker auf allen Eltern angewandt, um herauszufinden welche Marker die resistenten und anfälligen Eltern gut unterscheiden können (Tabelle 5). Die Untersuchung auf Polymorphismus der Eltern, wurde mit 8 *GWM* Markern, 8 *BARC* Markern, 1 *WMC* Marker sowie dem *Xumn10* Marker und dem allel-spezifischem *Rht-B1* Marker durchgeführt. Diese Marker für die Resistenz befinden sich auf den Chromosomen 2B, 3A, 3B, 4A, 6B und 7B. Von diesen Markern wurden 4 Marker für die weitere Analyse ausgewählt (Tabelle 6). Der Marker für die Wuchshöhe befindet sich am Chromosom 4B. Die Auswahl der Marker erfolgte auf Grundlage der Studien von Bürstmayr et al. (2012), Bürstmayr et al. (2013) und Prat et al. (2014).

Tabelle 5: Übersicht über die Chromosomen, die darauf angewandten Marker, die resistenten Eltern und die Resistenzdonoren

Chromosom	Marker	Resistente Eltern	Resistenzdonor
2B	<i>Xbarc167, Xbarc18, Xbarc91, Xgwm374a, Xgwm972</i>	I17, I18	<i>T. dicoccoides</i>
3A	<i>Xbarc45, Xbarc67, Xgwm2</i>	I19	<i>T. dicoccoides</i>
3B	<i>Xumn10, Xbarc133, Xgwm493</i>	DBC480-1, CM-82036	CM-82036 von <i>Fhb-1</i>
4A	<i>Xbarc106, Xgwm601, Xgwm 666b</i>	I17, I18	<i>T. dicoccoides</i>
6B	<i>Xgwm626, Xbarc146, Xwmc397a</i>	Flora122-2 und Flora122-1	<i>T. dicoccum</i>
7B	<i>Xgwm400</i>	Heli und Td161	<i>T. dicoccum</i>

Tabelle 6: Informationen über die ausgewählten Marker und die resistenten Eltern

Chromosom	Marker	Resistenter Elter	Resistenz von
2B	<i>Xbarc167</i>	I17, I18	<i>Mt. Hermon#22 (T. dicoccoides)</i>
3A	<i>Xgwm2</i>	I19	<i>Mt. Gerizim#36 (T. dicoccoides)</i>
3B	<i>Xumn10</i>	DBC480-1	<i>Sumai-3 (QTL Fhb 1 von T. aestivum)</i>
3B	<i>Xgwm493</i>	Heli, Flora	<i>T. dicoccum161</i>

Tabelle 7: Sequenzen der Primer

Primer	Sequenzen des Forward und Reverse Primers ¹
<i>Xbarc167</i>	5' AAAGGCCCATCAACATGCAAGTACC 3' 5' CGCAGTATTCTTAGTCCCTCAT 3'
<i>Xgwm2</i>	5' CTGCAAGCCTGTGATCAACT 3' 5' CATTCTCAAATGATCGAACA 3'

Primer	Sequenzen des Forward und Reverse Primers ¹
<i>Xumn10</i> ²	5' CGTGGTCCACGTCTTCTTA 3' 5' TGAAGTTCATGCCACGCATA 3'
<i>Xgwm493</i>	5' TTCCATAACTAAAACCGCG 3' 5' GGAACATCATTCTGGACTTTG 3' BF 5' GGTAGGGAGGCGAGAGGCGAG 3'
<i>Rht-B1b</i>	BF 5' CATCCCCATGGCCATCTCGAGCTG 3' MR1 5' CATCCCCATGGCCATCTCGAGCTA 3'
<i>M13-30</i>	5' CCCAGTCACGACGTTG 3'

¹Quelle: USDA GrainGenes (2018)

²Quelle: Zhenqi et al. (2018)

Für die Sichtbarmachung der Allele im Gel wurden verschiedene Farbstoffe angewandt. Die PCR-Fragmente, die später auf der C.B.S. Elektrophoresekammer geladen wurden, wurden über den fluoreszenz-markierten M13 Primer, mit den Farbstoffen FAM (6-Carboxyfluorescein) und CY5 (Cyanin-Farbstoff) gekennzeichnet. Die PCR-Fragmente, die später auf dem LI-COR Gel geladen wurden, wurden mit den Farbstoffen IRD-700 und IRD-800 gekennzeichnet. Die PCR wurde mit einem sequenzspezifischen Forward-Primer mit einem M13-Ende am 5' Ende und einem sequenzspezifischen Reverse Primer durchgeführt. Außerdem wurde ein universeller M13-30 Primer eingesetzt, welcher am 5' Ende mit dem jeweiligen Fluoreszenzfarbstoff gekennzeichnet ist (Tabelle 7). Laut Schuelke (2000) soll der Forward Primer in geringeren Mengen eingesetzt werden als der Reverse Primer. Zuerst wird der Forward Primer mit der M13-Sequenz in die PCR-Produkte eingebaut. Wenn dieser vollständig aufgebraucht ist, lagert sich der fluoreszenz-markierte M13-Primer an die PCR Produkte an. Damit können die Allelfrequenzen mithilfe des Farbstoffes sichtbar gemacht werden. Meksem und Kahl (2005) haben die Vorteile der Verwendung eines Fluoreszenzfarbstoffes wie folgt zusammengefasst: Er ist relativ ungefährlich und damit einfach zu Handhaben und zu Entsorgen. Außerdem ist die Verwendung kostengünstiger und schneller als die Verwendung anderer Methoden. Dieser Farbstoff kann länger gelagert werden und bei Anwendung verschiedener Farbstoffe können diese gleichzeitig mit dem Scanner erfasst werden.

2.2.4.2 DNA-Amplifikation

Für die Polymerase-Kettenreaktion wurde die DNA in 384-Well-Platten vorgelegt und anschließend mit dem Mastermix versehen. Das Reaktionsvolumen pro Well war 10 µL, bestehend aus 2 µL DNA (50 ng/µL) und 8 µL Mastermix. Die Bestandteile des Mastermixes sind in Tabelle 8 aufgelistet. Nach dem Hinzufügen des Mastermixes zur DNA wurden die Platten mit einer Folie verschlossen, abzentrifugiert und die DNA 1 ½ Stunden im Cycler amplifiziert. In Tabelle 9 befinden sich die Temperatureinstellungen für die DNA-Amplifikation. Dann wurden noch 2,5 µL Loading Dye (Bromphenol Blau + Glycerol + Wasser) pro Well hinzugefügt und die Platten auf den Schüttler gestellt sowie zentrifugiert.

Tabelle 8: Bestandteile des Mastermixes für die DNA-Amplifikation der SSR-Marker

PCR Mastermix	Stock-Konzentration	Endkonzentration	µL/Reaktion/ Primer	µL/384 Reaktionen/Platte ²
PCR Puffer inkl. 15 mM	10x	1x	1	410
MgCl₂				
dNTP	2 mM	0,2 mM	1	410
Reverse Primer¹	10 µM	0,2 µM	0,2	82
Forward Primer¹	10 µM	0,02 µM	0,02	8,2
TAQ	5 U/µL	0,05 U/µL	0,1	41
H₂O			5,5	2255
M13³	10 µM	0,18 µM	0,18	73,8 => 75
DNA	50 ng/µL	10 ng/µL	2	-----
Summe			10	3280

¹ Primer mit einer 1:10 Verdünnung

² Inklusive 10 % Überschuss

³ gekennzeichnet mit den Fluoreszenzfarbstoffen CY5/FAM für die C.B.S. Gelelektrophorese bzw. IRD-700 or IRD-800 für die LI-COR Gelelektrophorese

Tabelle 9: Temperatureinstellungen für die DNA-Amplifikation der SSR (Hagenguth, 2016)

Step	Temperature	Duration [min]	Number of cycles
1. Initial denaturation	95 °C	2:00	1
2. Denaturation	95 °C	0:50	6
3. Primer Annealing	63 °C	1:00	6
4. Elongation	72 °C	1:00	6
5. Denaturation	95 °C	0:30	25
6. Primer Annealing	51°C	0:30	25
7. Elongation	72 °C	0:30	25
8. Final elongation	72 °C	5:00	1
9. Cooling down	14 °C	∞	

2.2.4.3 LI-COR Gel Elektrophorese

Zu Beginn wurde eine Markeranalyse auf dem LI-COR Gel durchgeführt um jene Marker zu identifizieren, welche bei den Eltern besonders gut erkennbare Unterschiede zwischen den Banden aufweisen. Dadurch kann bei der anschließenden Gelelektrophorese Zeit und Geld gespart werden, denn die C.B.S. Elektrophorese kann die Banden nicht so klar auftrennen. Zu Beginn wurden die Glasplatten gereinigt und daraus eine Gel-Kammer gebaut. Dann wurde das LI-COR Gel aus folgenden Chemikalien hergestellt: 21,5 mL Urea; 3,6 mL Acrylamid; 265

μL DMSO; 175 μL APS, 25 μL TEMED. Anschließend wurde das Gel gegossen, mit einem Kamm versehen und die 30-minütige Polymerisationszeit abgewartet. Währenddessen wurden zur fertig amplifizierten DNA noch je 5 μL Ladepuffer (95 % Formamid deionisiert, 0,5 mM EDTA, 0,1 mg/ml Fuchsin) hinzugegeben. Die Platte wurde zentrifugiert und im Cycler für 5 Minuten auf 95 °C erhitzt und denaturiert, denn für die LI-COR Gel Elektrophorese wird einzelsträngige DNA benötigt. Nach der Polymerisationszeit wurde der Kamm aus dem Gel entfernt, das Gel in den LI-COR4200 DNA Analysierer gegeben und die LI-COR Kammer mit TBE-Puffer (1 M TBE: 89 mM Tris, 89 mM Borsäure, 3 mM EDTA) befüllt. Das Gel wurde sodann mit einer Hamilton Pipette mit je 0,8 μL geladen. Nach der Ladung der ersten Reihe der 384 Well-Platte (Fluoreszenzfarbstoff IRD-700) wurde die Elektrophoresekammer für 2 Minuten eingeschaltet und danach wurde die zweite Reihe (IRD-800) an denselben Stellen geladen. Es folgte eine 1 ½ stündige Elektrophorese mit 1500 Volt, 50 mAmpere, 40 Watts und 48 °C sowie die Auswertung des Gels am Computer.

2.2.4.4 Gel Elektrophorese auf dem C.B.S Elektrophoresesystem

Herstellung

Die gereinigten und als Kammer zusammengesetzten Platten wurden zuerst mit dem „Running gel“ und dann mit dem „Stacking gel“ befüllt. Das „Running gel“ bestand aus 35 mL Polyacrylamid (PAA 12 %), 368 μL Ammoniumpersulfat (APS) und 18,2 μL N,N'-Tetramethyldiamin (TEMED). Für einen glatten Abschluss des Gels wurden 2 Millimeter Butanol auf das fertig gegossene Gel gegeben. Nachdem das „Running gel“ 45 Minuten polymerisiert war, wurde das Butanol mit Wasser abgewaschen, ein Kamm zwischen die Glasplatten geschoben und das „Stacking gel“ hinzugefügt. Das „Stacking gel“ wurde mit folgenden Mengenangaben hergestellt: 250 μL 10 x TBE Puffer, 1,94 mL dH₂O, 310 μL Acrylamid (29:1, 40 %), 52,5 μL APS, und 2,7 μL TEMED. Die Zeit bis zur Polymerisation betrug 20 Minuten.

Elektrophorese

Folglich wurde der Kamm entfernt, das Gel in eine mit TBE-Puffer (1 M TBE: 89 mM Tris, 89 mM Borsäure, 3 mM EDTA) gefüllte Elektrophorese-Kammer (C.B.S) gestellt und geladen (Abb 14). Das Laden des Gels wurde mit einer 2 μL Hamilton Pipette durchgeführt. Es wurde erst die amplifizierte DNA mit dem Farbstoff z.B. CY5 geladen, dann 2 Minuten eingeschaltet und anschließend die amplifizierte DNA mit dem Farbstoff z.B. FAM geladen. Die Elektrophorese dauerte 2 Stunden bei 400 Volt, 53 mA und 21 Watt. Das Gel wurde mit einem Typhoon Scanner gescannt (Wellenlängen: 488 nm für FAM und 633 nm für CY5) und das entstandene Bild wurde am Computer analysiert.



Abbildung 14: C.B.S. Elektrophoresekammer.

2.2.4.5 *Rht-B1* Marker-Analyse

Für die *Rht-B1* Marker-Analyse wurde die DNA mit je 2 μL vorgelegt. Der Mastermix (Tabelle 10) wurde gevortext, zentrifugiert und davon je 3 μL in die Wells, mit der vorgelegten DNA, hinzugefügt. Die Eltern wurden nicht untersucht, da bekannt ist welches Allel sie besitzen. Zwei Kontrollproben wurden jedoch zum Vergleich eingesetzt. Diese sind: DBC480-1 mit dem Langstrohhallel *Rht-B1a* und Durobonus mit dem Kurzstrohhallel *Rht-B1b*. Außerdem wurden zum Vergleich noch ein Mix, bestehend aus DBC480-1 und Durobonus, sowie Wasser in ein paar leere Wells gegeben, um heterozygote Linien sowie Wells ohne DNA von homozygoten Linien unterscheiden zu können. Für die Amplifikation der DNA wurde die Platte für 1.5 Stunden in den Cyclor gestellt. Die dazu verwendeten Temperatureinstellungen befinden sich in Tabelle 11. Es wurde anschließend kein Gel benötigt, da es sich um eine sogenannte Kompetitive Allel Spezifische PCR (KASP) handelt. Beide Allel-spezifischen Primer (Primersequenz in Tabelle 7) haben am 5' Ende spezifische Verlängerungen die in das PCR Produkt eingebaut werden und je nach SNP-Allel binden daran FAM- oder HEX-fluoreszenzmarkierte Oligos. Mittels einer RT-PCR Maschine (Biorad CFX384), welche den Fluoreszenz-Resonanzenergietransfer des angehäuften Fluoreszenzfarbstoffs ermitteln kann, wurde die ganze Platte analysiert (Steiner et al., 2018b). Die Auswertung der Ergebnisse erfolgte dadurch, dass Punkte, welche in dem Ergebniss-Diagramm nah beieinander lagen, also eine ähnliche Wellenlänge emittierten, als die selben Allele wie das jeweilige Kontrollallel bezeichnet wurden (=Bestimmung der Allele bezogen auf die Kontrollallele). Jene Punkte die nah an den Kontrollpunkten des *Rht-B1a* Allels (FAM, langstrohige und resistente Linie DBC480-1) lagen, wurden mit orangen Kreisen gekennzeichnet. Jene Punkte die nah an den Kontrollpunkten des *Rht-B1b* Allels (kurzstrohige, aber anfällige Sorte Durobonus) lagen,

wurden mit blauen Quadraten gekennzeichnet. Heterozygote Linien wurden mit grünen Dreiecken gekennzeichnet. Wasser (=die PCR hat nicht funktioniert) wurde mit schwarzen Rechtecken gekennzeichnet.

Tabelle 10: Bestandteile des Rht-Mastermixes

PCR Mastermix	1 Reaktion [μL]	200 Reaktionen (96x2 Wells aufgerundet) [μL]	410 Reaktionen (für 384- Platte) [μL]
DNA	2	-----	-----
Kasp- Mastermix	2,5	500	1025
H2O	0,5	100	205
Primermix ¹	0,07	14	28,7
Endvolumen	5	-----	1258,7

¹Der Primermix bestand aus zwei Allel-spezifischen forward Primern (FAM Resistenzallel; HEX anfälliges Allel) und einem common reverse Primer.

Tabelle 11: Temperatureinstellungen der PCR für SNP (Steiner et al., 2018b)

Schritt	Temperatur	Dauer
1	94 °C	15 Minuten
2 ¹	94 °C	20 Sekunden
3 ¹	57 °C	60 Sekunden
4	37 °C	30 Sekunden

¹ Die Schritte 2 und 3 wiederholen (insgesamt 35 Zyklen)

2.3 Phänotypisierung – Feldversuch in Tulln 2018

2.3.1 Standort Tulln

Der Versuch wurde im Sommer 2018 am Department für Agrarbiotechnologie Tulln (IFA-Tulln), am Institut für Biotechnologie in der Pflanzenproduktion durchgeführt. Der Standort ist Teil der Universität für Bodenkultur Wien. Tulln an der Donau liegt in Niederösterreich und befindet sich auf einer Seehöhe von 175 m (ZAMG, 2018). Der Boden am Versuchstandort in Tulln besteht aus Tschernosem (BFW, 2018). Die folgenden Werte beziehen sich auf die nächstgelegene Wetterstation in Langenlebar. Die Jahresdurchschnittstemperatur liegt bei 9,5 °C und die durchschnittliche Niederschlagssumme beträgt sich auf 596,5 l/m² pro Jahr (ZAMG, 2018). Die folgenden Grafiken (Abb. 15 und Abb. 16) zeigen die Temperatur und den Niederschlag in der Vegetationsperiode. Die Luftfeuchtigkeit wurde absichtlich nicht mit einbezogen, da eine Sprühnebelanlage eingesetzt wurde. Aus der Abbildung 16 kann abgelesen werden, dass die durchschnittliche Temperatur in der Vegetationsperiode höher war als in den Jahren davor. Die höchste Temperaturdifferenz lag im April bei 6 °C. Die Niederschlagsmenge in der Vegetationsperiode war jedoch im Jahr 2018 geringer. Nur im Mai war die durchschnittliche Niederschlagsmenge höher als normalerweise.

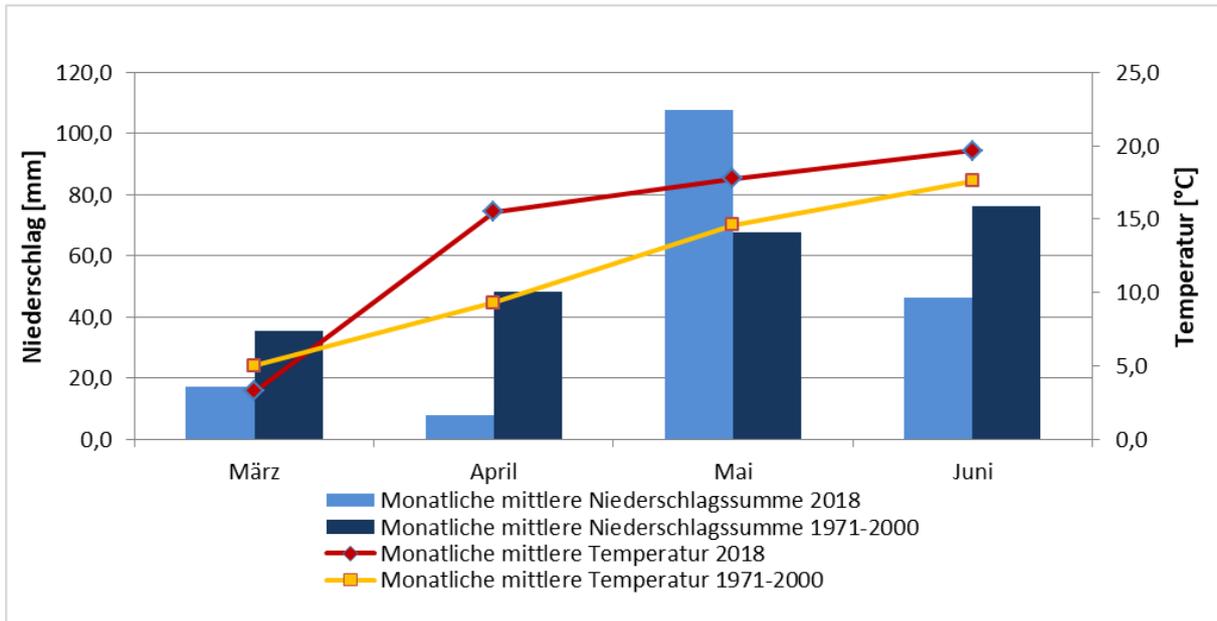


Abbildung 15: Monatliche mittlere Niederschlagssumme [mm] und monatliche mittlere Temperatur [°C] in der Vegetationsperiode von März bis Juni in Tulln 2018 verglichen mit den Daten von 1971 - 2000 (Daten von ZAMG, 2018; BOKU Department für Nutzpflanzenwissenschaften)

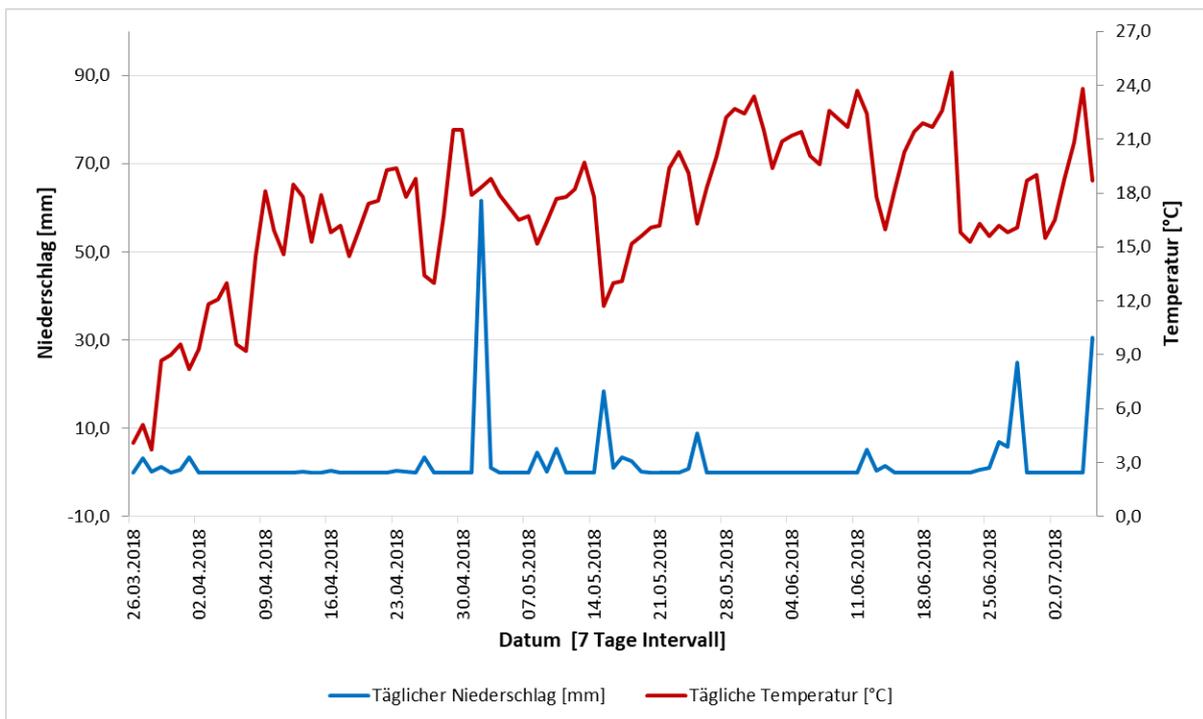


Abbildung 16: Täglicher mittlerer Niederschlag [mm] und tägliche mittlere Temperatur [°C] in der Vegetationsperiode von 26.03.2018 bis 06.07.2018 im 7 Tages Intervall (Daten vom BOKU Department für Nutzpflanzenwissenschaften)

2.3.2 Versuchsaufbau

Die Vorfrüchte in den Vorjahren waren: Sojabohne im Jahr 2017, Mais im Jahr 2016 und 2015 wurde Getreide angebaut. Daraus ergibt sich eine dreijährige Fruchtfolge. Vor der Aussaat der Durumlinien wurde das Saatgut mit dem Beizmittel „Celest Trio“ mit einer Aufwandmenge von 2 mL/kg behandelt. Anschließend erfolgte der Anbau als Einzelreihen am 26.03.2018. Die Einzelreihen waren 65 cm lang mit einem anschließenden Abstand von 35cm bis zur nächsten Einzelreihe. Das ergibt insgesamt 1 m bis zur nächsten Einzelreihe. Der Reihenabstand links und rechts der Einzelreihen war 30 cm. Für die optimale Nährstoffversorgung wurden zwei Düngergaben ausgebracht. Die erste Düngung erfolgt am 03.04.2018 mit einem NPK Volldünger in einem Verhältnis von 17 % Stickstoff zu 6 % Phosphor zu 18 % Kalium inklusive 7 % Schwefel. Eine Aufwandmenge von 300 kg/ha wurde ausgebracht. Die zweite Düngung fand am 14.05.2018 mit einem Kalk-Amon-Salpeter Dünger mit 27 % Stickstoff statt. Die Ausbringungsmenge betrug 150 kg/ha. Um den Pflanzenschutz zu gewährleisten wurden auch mehrere Spritzungen durchgeführt. Die Erste erfolgte mit Andiamo Flexx, ein Mittel gegen Mehrkeimblättrige, am 14.05.2018. Die Menge betrug 1,35 l/ha. Darauf folgte Puma Extra mit 0,85 l/ha gegen Gräser, insbesondere gegen Flughafer und Hirse, sowie Decis forte mit 0,75 l/ha gegen das Getreidehähnchen. Die beiden letzten Mittel wurden gleichzeitig am 23.05.2018 ausgebracht.

2.3.3 Inokulation mit *Fusarium culmorum*

Da die Weizenpflanzen zur Zeit der Blüte am anfälligsten für die Ährenfusariose sind, wurden sie ab dem Zeitpunkt an dem die erste Einzelreihe blühte bis zu dem Zeitpunkt an dem die letzte Einzelreihe blühte jeden zweiten Tag mit *F. culmorum* sprüh-inokuliert. Das Inokulum wurde tiefgefroren in Tubes bei -80 °C aufbewahrt. Für die Verwendung wurden die benötigten Tubes im lauwarmen Wasser aufgetaut. Ein Tube reichte für 10 Liter Wasser. Die Endkonzentration betrug 12.500 Konidien/mL. Diese „niedrige“ Konzentration ergibt sich aus der Tatsache, dass *T. durum* sehr anfällig für Fusarium ist. Da die Resistenz gegen die Ährenfusariose eine generelle, horizontale Resistenz ist und somit artunspezifisch ist, wurde nur ein Einzelsporeninokulat verwendet. Außerdem kann *F. culmorum* die Pflanzen auch in kühleren Nächten infizieren. Denn *F. culmorum* ist dominanter in kühleren Gebieten, im Gegensatz zu *F. graminearum*, welcher häufiger in gemäßigten Gebieten auftritt (Prat et al. 2014). Das IFA-Tulln besitzt eine Dauerkultur und das Ausgangsmaterial wurde im Tullnerfeld gesammelt. Das Inokulum (Fc91015) bestand nur aus Makrokonidien von *F. culmorum*, weil diese Art sehr aggressiv und einfach herzustellen ist. Durch eine schleimige Ummantelung der Makrokonidien, wird diesen eine hydrophile Eigenschaft zugesprochen (Leonard und Bushnell, 2003). Die Ausbringung am Feld erfolgte mit einer Rückenspritze (Abb. 17) und betrug für eine 200 Liter umfassende Wasser-Konidien-Lösung ca. 2 Stunden. Jede Einzelreihe wurde zwei Mal inokuliert, was zu einer Ausbringungsmenge von 4.5 Litern pro Fahrt, beziehungsweise zu 10 mL/Einzelreihe, führt. Die Inokulationen erfolgten vom 28.05.2018 bis zum 11.06.2018 jeden zweiten Nachmittag. Die Ausbringung erfolgte am

späten Nachmittag um eine starke Sonneneinstrahlung zu vermeiden (Bürstmayr et al., 2012).

Um optimale, feuchte Bedingungen für den Pilz *F. culmorum* zu gestalten wurde eine Sprühnebelanlage (Abb. 17) eingesetzt. Der Einsatz erfolgte an denselben Tagen wie die Inokulationen jeweils von 15:00 bis 12:00 des darauffolgenden Tages. Die Anlage wurde automatisch alle 20 Minuten für je 10 Sekunden pro Sprüheinheit eingeschaltet. Wenn jedoch mehr Niederschlag aufgetreten ist, wurde die Sprühnebelanlage seltener eingeschaltet. Außerdem wurde die Anlage in der Nacht oft nur ein Mal pro Stunde aktiviert, da es in der Nacht generell feuchter ist.



Abbildung 17: Inokulation mit *Fusarium culmorum* und Einsatz der Sprühnebelanlage

2.3.4 Bonitur

Blühdatum

Sobald die erste Durumlinie in Blüte stand wurde das Blühdatum der Einzelreihen jeden zweiten Tag evaluiert. Der Blühzeitpunkt wurde festgelegt als Tag an dem mindestens 50 % der Ähren in einer Einzelreihe blühten. Das früheste Blühdatum wurde am 28.05.2018 verzeichnet und das Letzte am 11.06.2018.

Ährenfusariose

Mittels Bonitur können unterschiedlich anfällige Linien unterschieden werden (Miedaner, 2010). Die erste Bonitur erfolgte 14 Tage nach der Blüte (Abb. 18) und anschließend jeden vierten Tag (Tag 18, 22 und 26) bis zur Abreife. Der Befall wurde visuell, als Prozent (von 0-100 %) der befallenen Ährchen, bestimmt (Tabelle 12).



Abbildung 18: Beginnender Fusarienbefall bei *T. durum*, 14 Tage nach der Blüte.

Tabelle 12: Boniturbogen für die Stärke des Fusarium-Befalls (Quelle: Mitt. Biol. Bundesanst. Land-Forstwirtsch. 374, 2000 Berlin, Deutschland).

Prozentsatz der infizierten Ährchen pro Einzelreihe [%]	Visuell geschätzter Durchschnitt pro Einzelreihe
0	Keine sichtbaren Symptome
0,1	Spuren der Ährenfusariose
0,5	0,1 infizierte Ährchen pro Ähre
1	0,2 infizierte Ährchen pro Ähre
2	0,4 infizierte Ährchen pro Ähre
3	0,6 infizierte Ährchen pro Ähre
5	1 infiziertes Ährchen pro Ähre
10	2 infizierte Ährchen pro Ähre
15	3 infizierte Ährchen pro Ähre
20	4 infizierte Ährchen pro Ähre
25	5 infizierte Ährchen pro Ähre
30	6 infizierte Ährchen pro Ähre
40	8 infizierte Ährchen pro Ähre
50	10 infizierte Ährchen pro Ähre
60	12 infizierte Ährchen pro Ähre
70	14 infizierte Ährchen pro Ähre
80	16 infizierte Ährchen pro Ähre
90	18 infizierte Ährchen pro Ähre
100	Alle Ährchen pro Ähre sind infiziert

2.3.4.1 Bonitur weiterer Eigenschaften

Die Bonitur, abgesehen von der Wuchshöhe, bewertet die Merkmalsausprägung mit einer Skala von 1-9, wobei 1 den besten Wert darstellt und 9 den Schlechtesten (Miedaner, 2010). Die Bonitur dieser Eigenschaften, außer der Homogenität, erfolgte am Ende der Vegetationsperiode.

Bestand

Die Dichte des Bestandes, bezugnehmend auf den Feldaufgang und die Bestockung, wurde bewertet.

Wuchshöhe

Die Wuchshöhe [cm] wurde in einem Intervall von 5 cm vom Boden bis zur Ähre (ohne Grannen) bestimmt.

Homogenität

Die Homogenität wurde, bezugnehmend auf eine einheitliche Farbe und Größe der Pflanzen, evaluiert.

Lagerung

Da die Weizenpflanzen aufgrund von Trockenheit nicht stark lagerten wurde die Lagerung ab einem Wert von 4 bonitiert. Dieser Wert ist für die Ernte und somit ökonomisch sehr wichtig.

2.4 Statistische Analyse

Um die statistische Analyse zu gewährleisten wurden die Daten von den Feldbüchern in eine Excel Tabelle übertragen und sodann mit der Statistiksoftware R (R core team 2018) analysiert. Da diese Masterarbeit von quantitativer Genetik handelt wurde zur Auswertung der Daten, wie von Covarrubias-Pazaran (2018) empfohlen, das Paket „sommer“ (Solving Mixed Model Equations in R) verwendet.

2.4.1 Auswertung der phänotypischen Daten

Für die phänotypische Analyse wurden die Anfälligkeit für die Ährenfusariose (Bonituren B1-B4) inklusive der Fläche unter der Befallsverlaufkurve (AUDPC3), sowie die Wuchshöhe und das Blühdatum einzeln für die Jahre 2017 und 2018 analysiert. Eine Zwei-Schritt-Analyse wurde durchgeführt, da im Jahr 2016 nur eine Wiederholung, anstatt zwei Wiederholungen, angebaut wurde. Dazu wurde analog zu Miedaner und Longin (2014) das Modell der vollständigen Blockanlage herangezogen.

$$y_{in} = \mu + g_i + r_n + e_{in}$$

y_{in}	Phänotypische Beobachtung für die i -te Durumlinie getestet in der n -ten Wiederholung
μ	Mittelwert
g_i	Genetischer Effekt des i -ten Linien
r_n	Effekt der n -ten Wiederholung
e_{in}	Fehler

Mithilfe dieses Modells konnten die Varianzkomponenten (genotypische und phänotypische Varianz) und in weiterer Folge die Heritabilität (h^2) berechnet werden. Wenn die Heritabilität groß ist (>0.5), dann wird ein Großteil der phänotypischen Variation durch die Linie erklärt. Wenn die Heritabilität klein ist, dann wird die phänotypische Variation größtenteils durch die Umwelt beeinflusst (Kearsey, 1989). Die Heritabilität wurde mit folgender Formel berechnet:

$$h^2 = \frac{vg}{vg + \left(\frac{ve}{n_{rep}}\right)}$$

vg	Genotypische Varianz
ve	Fehlervarianz
n_{rep}	Anzahl der Wiederholungen

n_{rep} stellt für die Berechnungen in den einzelnen Jahren jeweils die zwei Wiederholungen dar und für die Berechnung über die Jahre die Anzahl der Jahre, also 3.

Anschließend wurde, für die oben genannten Eigenschaften, eine Datenanalyse über alle Jahre (2016-2018) durchgeführt. Dazu wurde folgendes Model analog zu Miedaner und Longin (2014) verwendet:

$$y_{ip} = \mu + g_i + env_p + d_{ip}$$

y_{ip}	Beste Lineare Erwartungstreue Schätzfunktion (BLES) für die i -te Durumlinie im p -ten Jahr
μ	Mittelwert
g_i	Effekt des i -ten Linien
env_p	Effek des p -ten Jahrs
d_{ip}	Fehler = Linie-Jahr-Interaktion + Fehler

Für die grafische Veranschaulichung der Verteilung der Linien bezogen auf die Anfälligkeit, die Wuchshöhe und das Blühdatum wurden Histogramme über alle Jahre und nur für das Jahr 2018 erstellt. Das Histogramm für die Verteilung der Linien bezogen auf die Anfälligkeit wurde nur über die Jahre 2016 und 2018 erstellt. Das Jahr 2017 wurde nicht mit einbezogen,

da in diesem Jahr fast kein Fusarien-Befall zu verzeichnen war und das die Ergebnisse verfälschen würde. Der Flächeninhalt der einzelnen Rechtecke im Histogramm entspricht der absoluten Häufigkeit von Daten in der Klasse (Strelec et al., 2017).

Die Befallsstärke wurde mithilfe der Fläche unter der Befallsverlaufkurve (AUDPC) mit folgender Formel berechnet. Aufgrund von Abreifeerscheinungen bei der Bonitur B4 wurde zur statistischen Auswertung immer die Bonitur B3 herangezogen.

Die folgende Formel für die Fläche unter der Befallsverlaufkurve (APS, 2019) fasst die Befallsstärke über die Boniturzeitpunkte hinweg zusammen. Damit konnte ein Vergleich der Anfälligkeit zwischen den verschiedenen Jahren stattfinden.

$$A_k = \sum_{i=1}^{N_i-1} \frac{(y_i + y_{i+1})}{2} (t_{i+1} - t_i)$$

A_k Fläche unter der Befallskurve

y_i Messung der Befallsstärke

t_i Boniturzeitpunkte

$y(0)=y_0$ Inokulationszeitpunkt ($t=0$)

Weiters erfolgte eine Korrelationsanalyse zwischen der Anfälligkeit und der Wuchshöhe beziehungsweise dem Blühdatum.

2.4.2 Auswertung der genotypischen Daten

Zuerst wurde jeder Marker über alle relevanten Linien und dann für jede einzelne Subpopulation, bezogen auf die Anfälligkeit und die Wuchshöhe (nur für den *Rht-B1* Marker) über die Jahre 2016-2018, getestet. Dazu wurde eine einfache Varianzanalyse (ANOVA) mit nachfolgendem Modell durchgeführt. Die Varianzanalyse testet ob ein signifikanter Unterschied zwischen den Allelen für die untersuchte Eigenschaft besteht (Kearsey, 1998). Um das empirische Signifikanzniveau zwischen zwei bestimmten Allelen bestimmen zu können, wurde ein paarweiser Vergleich über alle relevanten Linien und für jede Population einzeln durchgeführt.

$$x_i = \mu + M_i + \varepsilon_i$$

x_i Mittlerer phänotypischer Wert

μ Populationsmittel

M_i Effekt des Genotyps des i -ten Marker

ε_i Fehler

3 Ergebnisse

Eine Population von 730 Durumlinien wurde über drei Jahre auf Fusariumresistenz getestet. Um die Durumlinien weiter zu charakterisieren wurden außerdem die Wuchshöhe und das Blühdatum erhoben.

3.1 Phänotypen der Durumlinien für die Fusariumresistenz

Die Linien zeigten eine breite Variation für die Fusariumresistenz 22 Tage nach der Blüte (Abb. 19 und 20). In den Jahren 2016-2018 zeigten die Linien jedoch ein unterschiedliches Befallsniveau für die Fusariumresistenz (Tabelle 13). Die Anzahl der Linien wurde im Jahr 2018, wegen geringem Feldaufgang, insgesamt (beide Wiederholungen zusammen) um 60 Linien minimiert. Wohingegen im Jahr 2017 keine einzige Linie ausgeschlossen werden musste und im Jahr 2016 nur neun Linien nicht bewertet werden konnten.

Um die statistischen Parameter darzustellen wurde eine Tabelle (Tab. 13) mit den Varianzkomponenten, den Heritabilitäten, den Minima, den Mittelwerten und den Maxima über die einzelnen Eigenschaften erstellt. Diese Eigenschaften sind die Anfälligkeit für Ährenfusariose (in % Befall 22 und 24 Tage nach der Blüte), die AUDPC3, das Blühdatum und die Wuchshöhe.

Die genetische Varianz setzt sich aus den dominanten, epistatischen und additiven Allelwirkungen zusammen (Willam und Simianer, 2017). Laut Bernardo (2010) ist eine Züchtungspopulation dann ideal, wenn sie eine hohe genotypische Varianz aufweist. Die genotypische Varianz für die Fusarienbonitur 22 Tage nach der Blüte war im Jahr 2018 (127.65) deutlich größer als die genotypische Varianz über alle Jahre (20.69).

Eine hohe Heritabilität (h^2) besagt, dass eine zuverlässige Messung der Eigenschaften erfolgte (Bürstmayr et al., 2002). Die Heritabilität für die Fusarienanfälligkeit, 22 Tage nach der Blüte, betrug im Jahr 2018 0.55. Eine etwas höhere Heritabilität (0.60) wurde für das Jahr 2017 errechnet. Über die Jahre hinweg ergibt sich jedoch nur eine geringe Heritabilität von 0.36.

Der Mittelwert der Fusarienbonitur im Jahr 2018, 22 Tage nach der Blüte, liegt bei 80.26 % Befall und ist damit deutlich höher als der Mittelwert über alle Jahre (34.69 % Befall). Die 50 % Befallsgrenze wurde im Jahr 2018 schon bei der Bonitur B2, 18 Tage nach der Blüte, überschritten (Mittelwert: 59.62, Daten nicht in der Tabelle). Der höchste Mittelwert der Area under disease progress curve (AUDPC3) ergab sich im Jahr 2018 mit einem AUDPC3 Wert von 778.1. Ein viel niedrigerer AUDPC3 Wert von 110.88 wurde für das Jahr 2016 errechnet. Im Jahr 2017 ergab sich der niedrigste AUDPC3 Wert von nur 31.06.

Tabelle 13: Dargestellt sind die Varianzkomponenten, Heritabilität, Minimum, Mittelwert und Maximum bezogen auf die Fusariumanfälligkeit (Bonituren B3 und B4), auf die Area Under Disease Progress Curve (AUDPC3), auf die Wuchshöhe in Zentimetern und das Blühdatum (als Tage nach dem 1.Mai). Die Werte der einzelnen Jahre sowie die Werte über alle Jahre sind aufgelistet

Eigenschaft	Jahr	σ_g^2	σ_{ge}^2	σ_e^2	h^2	Min	Mean	Max
FHB (B3)	2018	127.65		210.70	0.55	19.94	80.26	100.00
	2017	30.12		39.74	0.60	0.00	5.31	60.00
	2016					1.00	18.05	90.00
	Series	20.69	109.41		0.36	11.90	34.69	100.00
FHB (B4)	2018	67.29		78.19	0.63	35.00	91.04	100.00
	2017	196.72		130.99	0.75	0.00	14.39	85.00
	2016					2.00	31.83	100.00
	Series	43.64	160.81		0.45	16.92	45.98	100.00
AUDPC3	2018	24985		66555.52	0.43	18.0	778.1	1408.0
	2017	953.86		1690.02	0.53	0.20	31.06	311.50
	2016					6	110.88	820
	Series	1504.31	21147.56		0.18	64.92	307.49	1017.02
Wuchshöhe	2018	65.14		45.26	0.74	42.50	67.63	90.00
	2017	212.47		21.92	0.95	37.5	91.0	125
	2016					50.00	91.96	135
	Series	112.30	79.46		0.81	51.49	83.43	110.00
Blühdatum	2018	2.35		4.66	0.50	28.00	35.55	41.07
	2017	2.03		1.16	0.78	32.00	34.58	40.00
	2016					30.00	38.98	54.00
	Series	1.91	2.65		0.68	31.33	36.40	49.41

Genotypische Varianz (σ_g^2), Genotyp-Umwelt-Varianz (σ_{ge}^2), Phänotypische Varianz (σ_e^2).

Die folgende Häufigkeitsverteilung (Abb. 19) zeigt die Anzahl der befallenen Linien, 22 Tage nach der Blüte, für die Mittelwerte über die Jahre 2016 und 2018. Aus der Grafik kann abgelesen werden, dass der Großteil der Linien (ca. 300), einen Befall von 50 bis 60 % aufweist. Außerdem kann aufgrund der Verteilung (0-90 % Befall) ein Rückschluss auf die quantitative Resistenz gezogen werden.

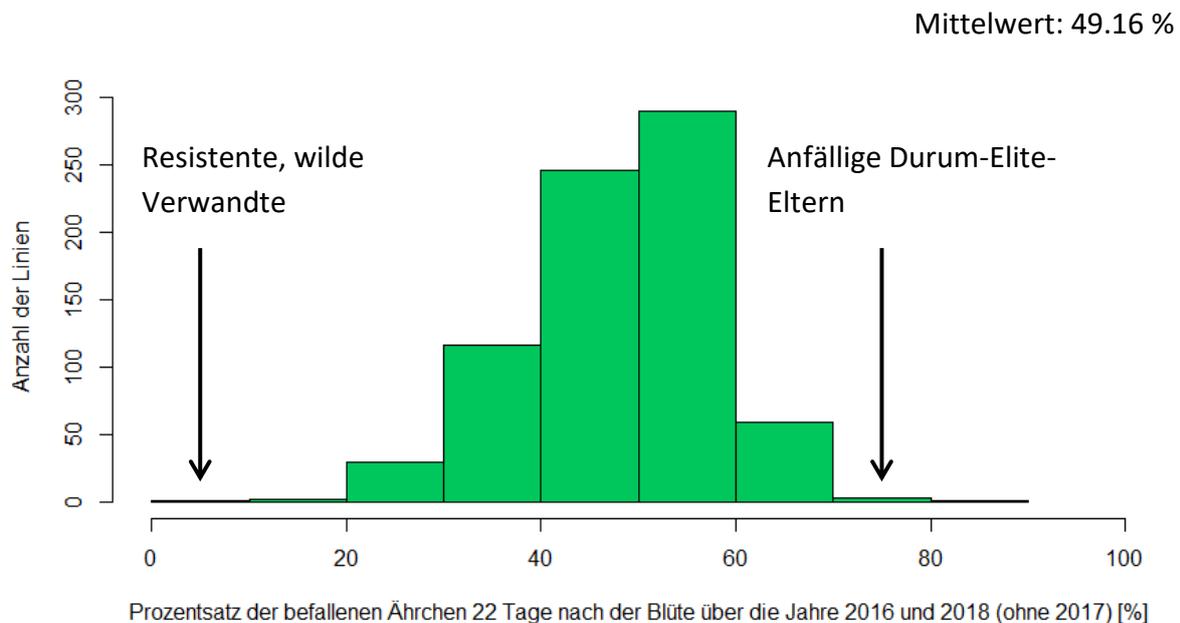


Abbildung 19: Histogramm über die Anzahl der Linien für die Mittelwerte bezogen auf den Befall mit Ährenfusariose, 22 Tage nach der Blüte (2016 und 2018). Die jeweilige Befallsausprägung der resistenten und anfälligen Eltern ist mit Pfeilen dargestellt. Außerdem ist der Mittelwert aller Linien rechts oben angegeben

Die folgende Abbildung 20 zeigt die Anzahl der befallenen Linien für die Mittelwerte, 22 Tage nach der Blüte, im Jahr 2018. Aus dieser Grafik kann geschlussfolgert werden, dass ein Großteil der Linien (über 200 Linien) hoch anfällig ist, da der Mittelwert bei 80 % liegt, und somit genau gleich anfällig ist wie die Elite-Eltern. Jedoch zeigt diese Grafik auch die moderat resistenten Linien, welche eine geringe Anfälligkeit von 10 bis 50 % aufweisen.

Mittelwert: 80.26 %

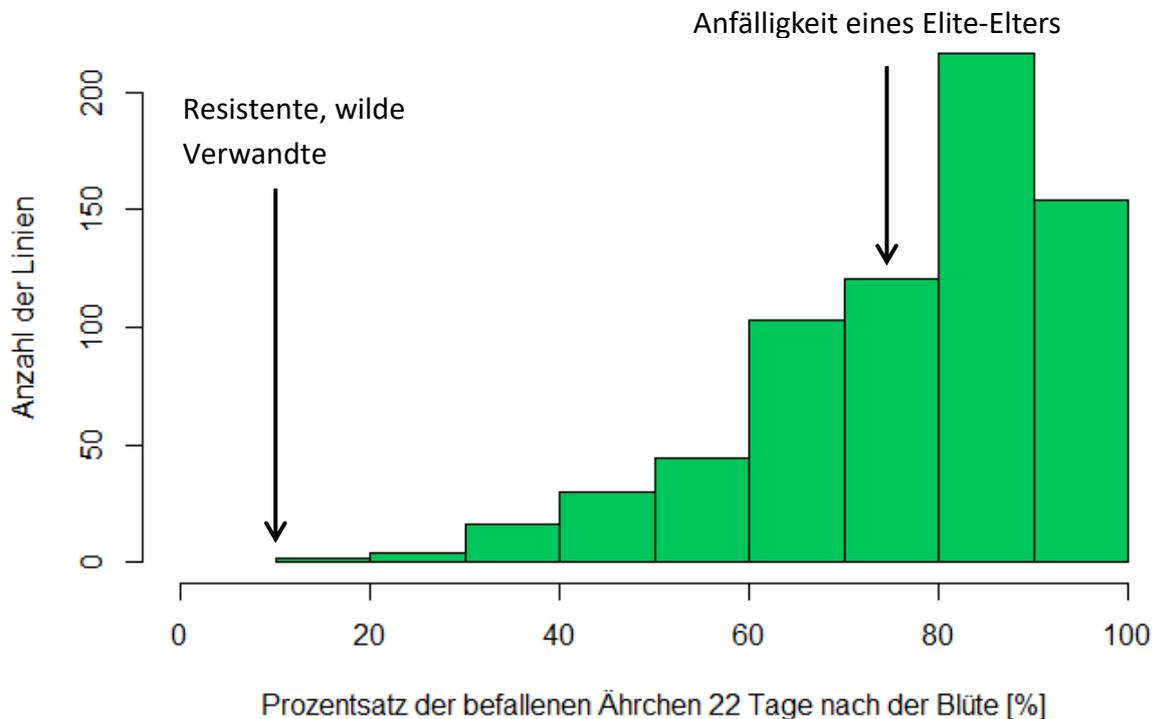


Abbildung 20: Verteilung der Linien im Jahr 2018 bezogen auf den Prozentsatz der befallenen Ährchen 22 Tage nach der Blüte [%]. Die Anfälligkeit der resistenten und anfälligen Eltern ist mit Pfeilen angegeben. Rechts oben befindet sich der Mittelwert mit 80 % Befall

Die Mittelwerte über alle Jahre für die Boniturzeitpunkte (B1-B4), die Befallsverlaufskurve (AUDPC zur Bonitur B3) sowie die Wuchshöhe [cm] und das Blühdatum (Tage nach dem ersten Mai) befinden sich im Anhang (Kapitel 10.1).

3.2 Phänotypen der Durumlinien für die Wuchshöhe und das Blühdatum

Für die Eigenschaften Wuchshöhe und Blühdatum wurden generelle statistische Parameter errechnet (Tabelle 13) und Histogramme über die Jahre (Abb. 21 und Abb. 23) und nur für das Jahr 2018 (Abb. 22 und Abb. 24) erstellt. Die Linien zeigten über die Jahre eine breite genotypische Varianz für die Wuchshöhe (112.30), aber eine geringe genotypische Varianz für das Blühdatum (1.91).

Die Heritabilität der Wuchshöhe im Jahr 2018 wird mit 0.74 als hoch eingestuft. Die Berechnung über alle Jahre ergab sogar eine Heritabilität von 0.81. Für das Jahr 2018 ergab die Heritabilität für das Blühdatum nur 0.50 und über die Jahre 0.68.

Die durchschnittliche Wuchshöhe von 67.63 cm im Jahr 2018, ist um 15.8 cm geringer als der Mittelwert über die Jahre (83.43 cm). Die Mittelwerte für das Blühdatum im Jahr 2018 (35.55 Tage nach dem 1.Mai) und über alle Jahre (36.40 Tage nach dem 1.Mai) sind nur sehr gering voneinander abweichend.

Die Verteilung der Linien bezogen auf die Wuchshöhe in den Jahren 2016-2018, wird in nachfolgendem Histogramm (Abb. 21) dargestellt. Es sind zwei Maxima bei einer Wuchshöhe von 70-75 cm und von 90-95 cm, mit durchschnittlich je 120 Linien, erkennbar.

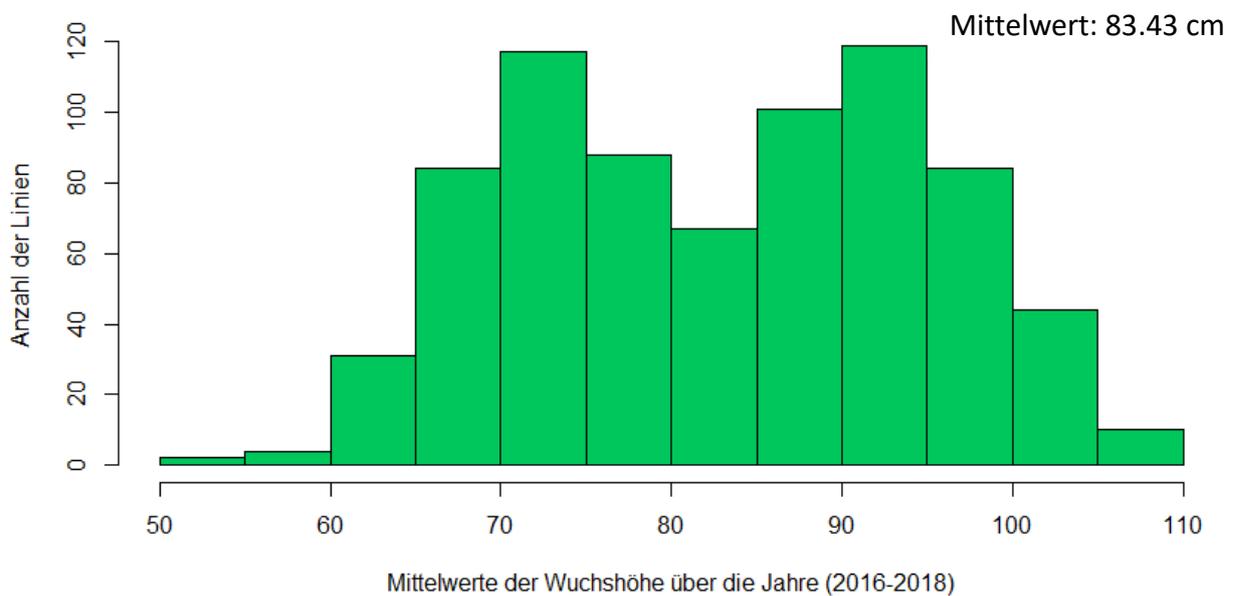


Abbildung 21: Häufigkeitsverteilung der Linien bezogen auf die Mittelwerte der Wuchshöhe über die Jahre 2016 bis 2018

Die Abbildung 22 zeigt die Verteilung der Linien bezogen auf die Wuchshöhe im Jahr 2018. In jenem Jahr ist die Hälfte der Linien unter 70 cm hoch geworden und es sind, im Gegensatz zur Abbildung 21, keine zwei Maxima erkennbar. Die kleinste Wuchshöhe lag bei 40-45 cm und die Größte bei 85-90 cm. Im Vergleich zur vorherigen Grafik ist erkennbar, dass dieser letzte Wert um 20 cm geringer ist als der Höchstwert der 3 Jahre.

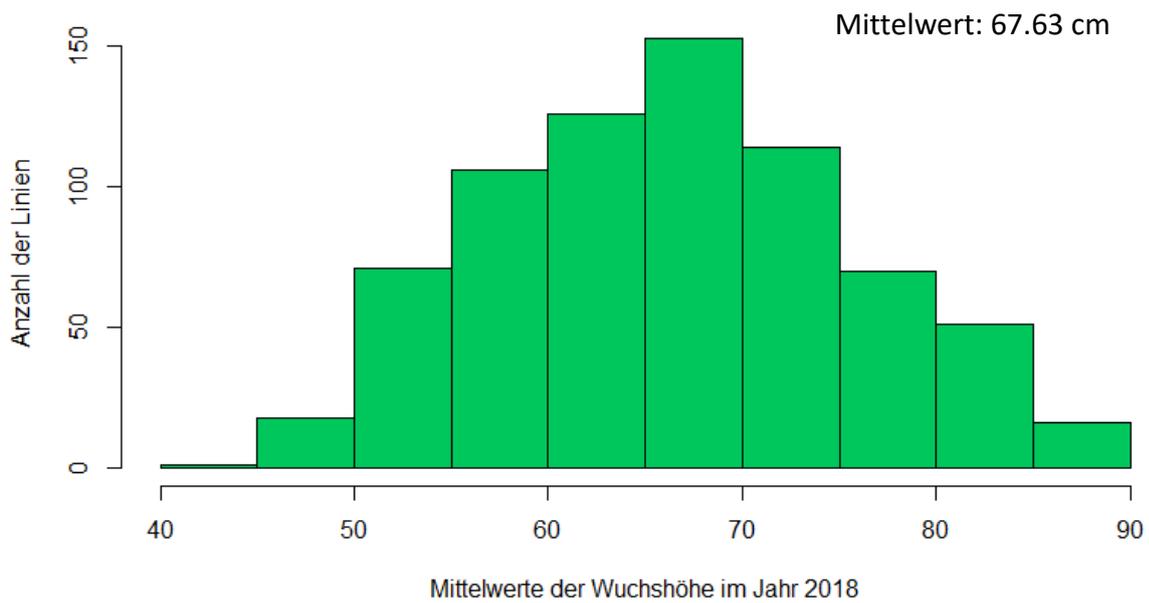


Abbildung 22: Anzahl der Linien bezogen auf die Wuchshöhe (2018)

Die folgende Grafik (Abb. 23) stellt die Verteilung der Linien bezogen auf das Blühdatum (Tage nach dem ersten Mai) über die Jahre 2016-2018 dar. Über 300 Linien blühten zwischen dem 34 und dem 36 Tag nach dem ersten Mai. Auch die Zahl der Linien die zwischen dem 36 und 38 Tag blühten war annähernd hoch. Die Anzahl der früher oder später blühenden Linien fiel gering aus.

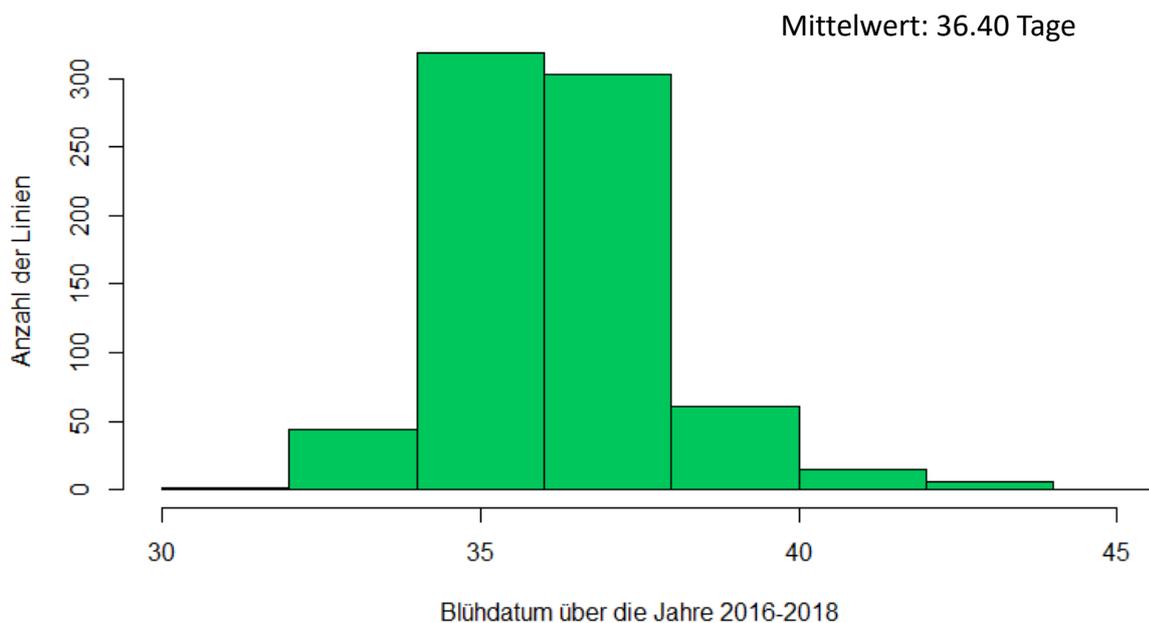


Abbildung 23: Anzahl der Linien für die Mittelwerte bezogen auf das Blühdatum, als Tage nach dem ersten Mai (2016-2018)

Die unten dargestellte Häufigkeitsverteilung (Abb. 24) zeigt auf der x-Achse das Blühdatum im Jahr 2018 (Tage nach dem ersten Mai) sowie auf der y-Achse die Anzahl der Linien. Auch hier befinden sich der Maximalwert mit insgesamt zirka 250 Linien zwischen dem 34 und dem 36 Tag.

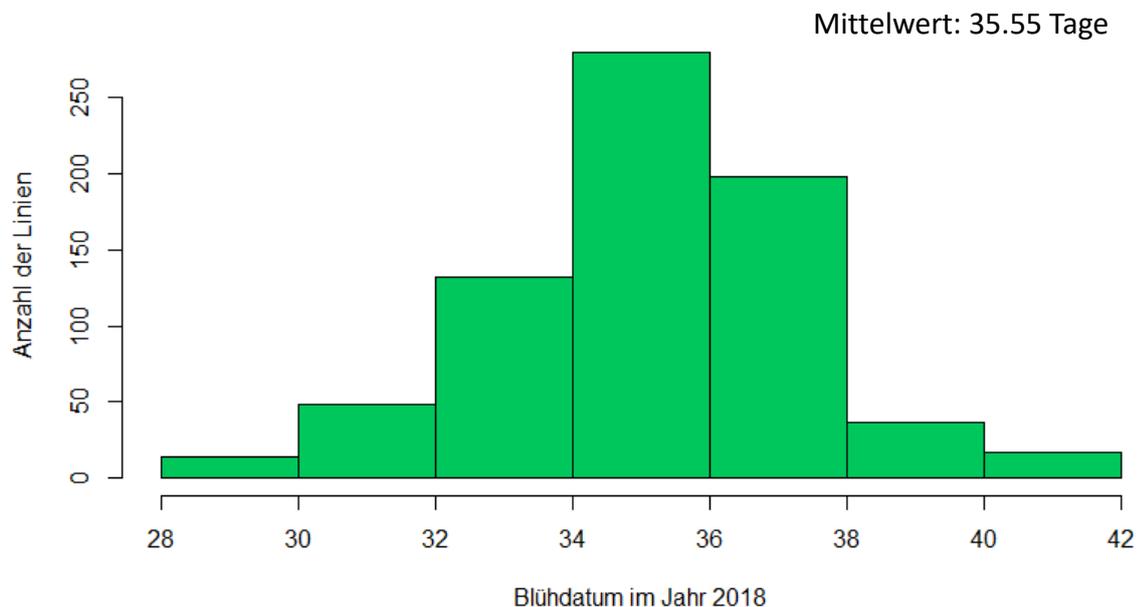


Abbildung 24: Anzahl der Linien bezogen auf das Blühdatum im Jahr 2018

Die Histogramme der weiteren Eigenschaften befinden sich im Anhang (Kapitel 10.2).

3.3 Korrelation der Fusariumresistenz mit der Wuchshöhe und dem Blühdatum

Aus Tabelle 14 ist ersichtlich, dass je enger die Zeitpunkte der Bonitur für die Fusariumresistenz zusammenliegen, desto stärker ist auch die Korrelation. Je weiter die Boniturzeitpunkte für die Fusariumresistenz auseinander liegen, desto kleiner ist die Korrelation. Alle Korrelationskoeffizienten in Tabelle 14 sind hoch signifikant, außer die Korrelation der Wuchshöhe mit dem Blühdatum. In Tabelle 15 ist ersichtlich, dass auch der Korrelationskoeffizient für das Jahr 2018 für die Wuchshöhe bezogen auf die Bonitur, 22 Tage nach der Blüte, negativ signifikant ist (-0.22). Jedoch ist diese Korrelation nicht so stark wie über alle Jahre (-0.41).

Tabelle 14: Korrelation zwischen den Bonituren 1-4 für die Fusarienanfälligkeit, die Wuchshöhe (WUH) und das Blühdatum (Tage nach dem ersten Mai) über die Jahre 2016-2018. Signifikante Werte sind fett markiert.

	B1	B2	B3	B4	Blühdatum
WUH	-0.28***	-0.29***	-0.41***	-0,43***	ns
B1		0.55***	0.47***	0.25***	0.27***

	B1	B2	B3	B4	Blühdatum
B2			0.70***	0.37***	0.20***
B3				0.57***	0.23***
B4					0.40***

Signifikanz Levels: < 0.001 = ***, < 0.01= **, < 0.05 = *, ns = nicht signifikante lineare Korrelation

Tabelle 15: Korrelation zwischen der Bonitur B3 für die Fusarienanfälligkeit und der Wuchshöhe (WUH) für das Jahr 2018. Da der Wert signifikant ist, ist er fett markiert.

	B3
WUH	-0.22***

Signifikanz Levels: < 0.001 = ***

Der unten abgebildete Scatterplot (Abb. 25) zeigt die Korrelation zwischen der Wuchshöhe und der Bonitur B3 (22 Tage nach der Blüte) über die Jahre 2016-2018. In der Grafik ist eine hoch signifikante ($p < 2.2 \cdot 10^{-16}$) negative Korrelation mit einem Pearson's Korrelationskoeffizienten von $r = -0.41$ zu erkennen. Das 95 % Konfidenzintervall liegt zwischen -0.47 und -0.35. Das heißt: je größer der Befall, desto geringer ist die Wuchshöhe und je kleiner der Befall, desto größer ist die Wuchshöhe.

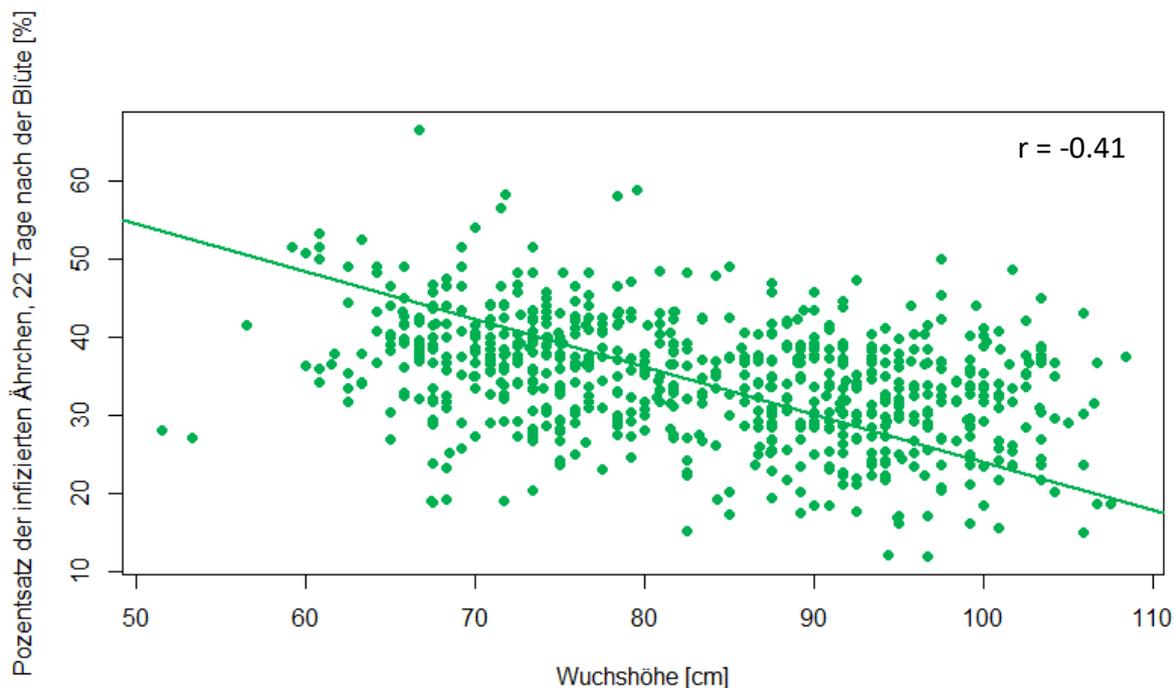


Abbildung 25: Korrelation zwischen der Wuchshöhe [cm] und der Befallsschwere, 22 Tage nach der Blüte [%] über die Jahre 2016-2018

Die nachfolgende Abbildung 26 zeigt den Zusammenhang zwischen dem Blühdatum (Tage nach dem ersten Mai) und dem Prozentsatz der befallenen Ährchen, 22 Tage nach der Blüte, über die Jahre 2016-2018. Eine schwache positive Korrelation mit einem Pearson's

Korrelationskoeffizienten von $r = 0.23$ ist sichtbar. Dieser Korrelationskoeffizient wird mit einem p-Wert von $1.796 \cdot 10^{-10}$ als signifikant angesehen. Woraus zu schließen ist, dass ein spätes Blühdatum zu einer gering höheren Anfälligkeit führt. Diese Korrelation ist jedoch nicht sehr stark. Die Grenzen des Konfidenzintervalls liegen bei 0.16 und 0.30.

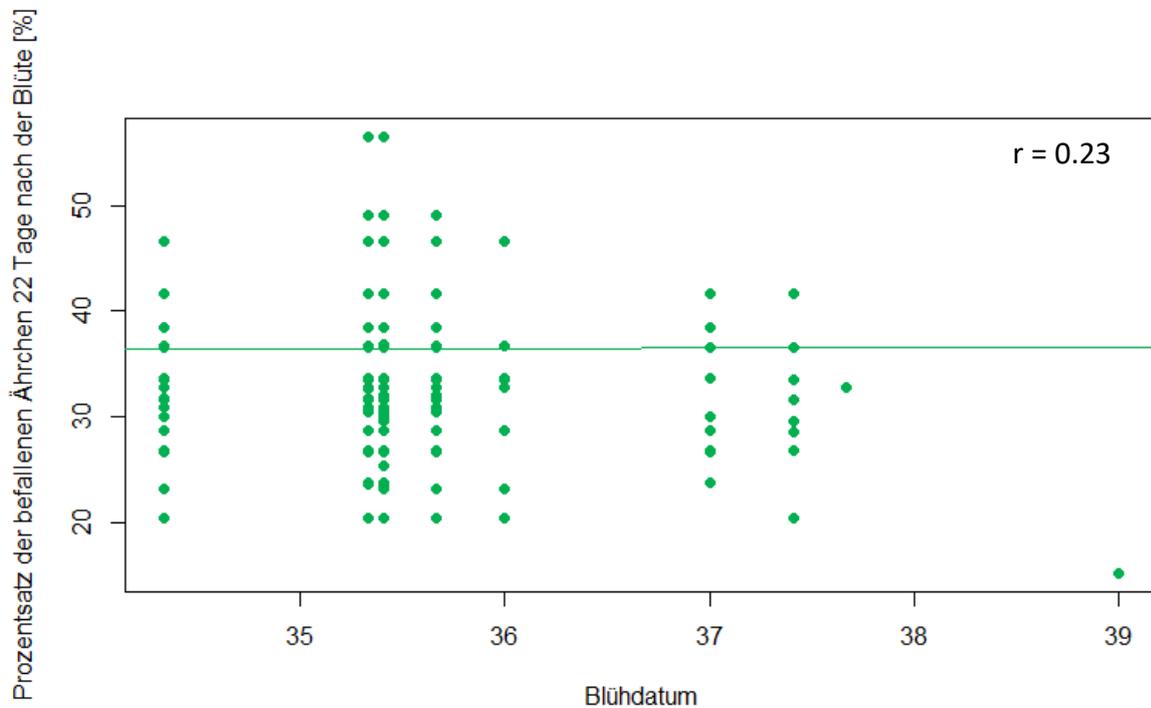


Abbildung 26: Zusammenhang zwischen dem Blühzeitpunkt der Durumlinien und dem Prozentsatz der befallenen Ährchen, 22 Tage nach der Blüte (2016-2018)

3.4 Genotypisierung

3.4.1 Markerdaten der Eltern

Vor der Genotypisierung aller Durumlinien wurde eine Genotypisierung der resistenten und anfälligen Eltern durchgeführt. Die Ergebnisse werden in Tabelle 16 gezeigt.

Tabelle 16: Auswertung der Markerdaten der Eltern (oberste Zeile). In den ersten Spalten befinden sich die Art des Gels, die ausgewählten Marker, die Chromosomen auf welchen sie sich befinden, sowie die Auswertung der Ergebnisse. Die Zahlen (1-7) stellen die Allele dar und x bezeichnet einen fehlenden Wert.

		chromosome	I19-39-1	I19-8-1	I19-106	I19-32-1	I19-32-3	I19-29	DBC480-1	CM-82036	I18-14-1	I17-122-1	Flora122-2	Flora122-1	Hel1106-1	Hel131-1	Hel1123-1	Hel152-1	Td161	Helidur	Semperdur	Floradur	SZD1029K	Colladur	Durobonus	Karur
licor	barc167	2B	1	3	x	3	3	1	2	2	1	1	1	1	1	1	1	1	x	1	1	1	1	1	1	1
CBS	barc167	2B	1	3	1	3	3	1	2	2	1	1	1	1	x	1	1	1	1	2	1	x	1	1	1	1
CBS	barc18	2B	1	3	1	1	x	1	2	4	1	1	1	1	1	1	1	4	1	1	1	x	1	2	1	
licor	barc18	2B	1	3	1	1	x	1	2	6	1	1	1	1	1	1	1	x	1	1	1	1	x	4	1	
CBS	barc91	2B	1	3	1	1	1	1	2	5	1	1	1	1	x	1	1	1	x	1	1	x	1	1	4	
licor	barc91	2B	1	3	1	1	1	1	2	6	1	1	1	x	1	1	1	1	7	1	1	1	5	1	4	
CBS	gwm374a	2B	1	2	1	1	1	1	2	1	x	1	1	1	1	1	1	1	?	1	1	1	1	1	1	
licor	gwm374a	2B	1	2	x	x	1	1	2	1	1	1	1	1	1	1	1	3	1	x	1	1	1	1	1	
CBS	gwm972	2B	2	x	1	1	?	x	1	1	1	1	x	1	1	1	x	1	x	1	1	1	x	1	2	
licor	gwm972	2B	2	3	2	2	2	2	1	2	2	2	4	4	2	2	2	2	5	2	2	4	4	1	4	
CBS	barc45	3A	2	1	1	2	2	2	1	4	1	1	4	4	1	1	1	3	3	1	1	4	1	1	1	
licor	barc45	3A	2	1	1	2	2	2	x	4	1	1	x	4	1	1	1	3	3	1	1	4	1	1	1	
CBS	barc67	3A	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	
licor	barc67	3A	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	
CBS	gwm2	3A	2	1	1	2	2	2	1	1	1	1	x	1	1	1	1	1	1	1	1	1	x	1	1	
licor	gwm2	3A	2	1	1	2	2	2	1	3	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	
CBS	umn10	3B	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	
CBS	umn10	3B	0	3	0	0	0	0	1	1	4	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2	0	0	1	4	
licor	umn10	3B	x	x	x	x	x	x	1	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	2	x	x	x	1	2	
CBS	barc106	4A	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	
licor	barc106	4A	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	
CBS	gwm601	4A	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	
licor	gwm601a	4A	2	2	x	x	2	?	1	3	2	2	2	2	2	2	2	4	2	x	2	2	1	1	1	
licor	gwm601b	4A	1	1	1	1	1	1	1	2	1	1	1	1	1	1	1	3	1	1	1	1	1	1	1	
CBS	gwm666	4A	2	3	1	3	3	1	1	1	1	1	3	3	3	1	3	1	3	1	1	1	1	1	1	
licor	gwm666	4A	2	4	1	1	5	3	3	8	7	6	1	5	5	1	5	1	5	x	3	1	1	x	5	
CBS	gwm626	6B1	2	2	2	2	x	2	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	
licor	gwm626	6B	2	2	2	2	2	2	1	x	1	1	3	1	1	1	1	1	3	3	1	1	1	1	1	
CBS	barc146	6B2	1	2	1	1	1	4	1	3	3	1	x	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	
licor	barc146	6B2	1	3	1	1	1	3	1	5	4	1	1	1	2	1	1	2	2	1	1	1	2	1	1	
CBS	wmc397	6B2	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	
licor	wmc397	6B2	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	
CBS	gwm400	7B	1	1	2	3	x	3	1	4	2	1	1	1	1	1	2	1	1	2	2	2	2	1	1	
licor	gwm400	7B	1	1	2	4	4	4	1	5	2	1	3	3	1	3	1	5	3	2	2	2	1	1	2	
CBS	gwm493	3B	1	1	1	1	1	1	2	2	1	1	1	1	1	1	2	2	2	1	1	1	3	1	3	
CBS	barc133	3B	2	2	2	2	2	2	1	1	2	2	2	2	2	3	3	3	2	2	1	2	2	1	2	

Bezugnehmend auf die Tabelle 16 wurden die Marker mit besonders guter Auftrennung der Banden ausgewählt, um auf allen Durumlinien angewandt zu werden. Diese waren: *Xgwm2*, *Xgwm493*, *Xumn10* inklusive *BE 425 161* und *Xbarc167* (Tabelle 17) auf den Chromosomen 2B, 3A und 3B.

Tabelle 17: Genotypisierung der Elternlinien für drei Fusariumresistenz-QTL

DD9 Eltern	CBS	comment	I19-39-1	I19-8-1	I19-106	I19-32-1	I19-32-3	I19-29	DBC480-1	CM-82036	I18-14-1	I17-122-1	Flora122-2	Flora122-1	Hel1106-1	Hel131-1	Hel1123-1	Hel152-1	Td161	Helidur	Semperdur	Floradur	SZD1029K	Colladur	Durobonus	Karur
DD9	gwm 2		2	1	1	2	2	2	1	1	1	1	x	1	1	1	1	1	1	1	1	1	x	1	1	1
DD9	gwm493		1	1	1	1	1	1	2	2	1	1	1	1	1	1	2	2	2	1	1	1	3	1	3	3
DD9	umn10+BE 425 161		0	1	0	0	0	0	2	2	3	0	0	0	0	0	0	0	0	0	4	0	0	2	3	0
DD9	barc 167		1	3	1	3	3	1	2	2	1	1	1	1	x	1	1	1	2	1	x	1	1	1	1	1

Es waren alle Marker, welche anschließend auf allen Durumlinien angewandt wurden, meist einfach zu bewerten. Einzig der Marker *Xgwm2* war etwas schwerer zu bewerten, da er

mehrere Banden pro Linie aufwies. Alle Marker, außer *Xumn10*, konnten heterozygote Linien von homozygoten Linien unterscheiden. Denn der Marker *Xumn10* ist dominant und zeigt daher ein Allel oder ein Nullallel.

3.4.2 Genotypisierung der Subpopulationen

Da manche Kreuzungen reziprok sind wurden diese Kreuzungen zu Subpopulationen zusammengefasst und die Anwendbarkeit der Marker auf den Subpopulationen in Tabelle 18 ersichtlich gemacht.

Für die Analyse mit dem Marker *Xbarc167* wurden die Kreuzungen T105, T106, T107, T108 und T109 zusammengefasst. Denn nur in diesen Kreuzungen sind die Allele der I17- und I18-Linien unterscheidbar von den Linien DBC480-1, I19-8-1, I19-32-1, I19-32-3 und Td161.

Der Marker *Xgwm2* wurde hier über alle Kreuzungen, außer für die Kreuzungen T103, T104 und R221, getestet, da dieser Marker die resistenten I19-8-1 und I19-106 Linien nicht von den anfälligen Linien unterscheiden kann. Außerdem wurden die Kreuzungen T122, R210, R212, S171 und S172 aus der Analyse ausgeschlossen, da diese Kreuzungen keine der resistenten I19 Linien enthalten.

Der Marker *Xgwm493* wurde nur auf den Kreuzungen R210, R212, S171, T114, T115, T116, T117, T118, T119, T121 und T122 angewandt. In allen anderen Kreuzungen kommen keine Heli/Flora-Linien vor oder es kommt die Linie DBC480-1 gleichzeitig mit den Linien Heli123-1, Heli52-1 oder TD161 vor. Denn wenn diese Linien gleichzeitig vorkommen, dann kann der Marker *Xgwm493* diese nicht voneinander unterscheiden.

Der *Xumn10* Marker ist gekoppelt mit *Fhb1* und kann das resistente Allel in allen Kreuzungen, außer in den Kreuzungen T121, R210, R212, R219, R221, S171 und S172 vom anfälligen Allel unterscheiden. Denn in diesen Kreuzungen war kein resistenter *DBC480*-Elter vorhanden oder es war die anfällige Sorte *Colladur* in der Kreuzung, die dieser Marker nicht von den resistenten Eltern unterscheiden konnte.

Tabelle 18: Zusammengefasste Kreuzungen, die dazu gehörige Populationsnummer und die Anwendbarkeit der Marker auf den Populationen (✓=anwendbar, ✗=nicht anwendbar)

Kreuzungen	Population	<i>Xgwm2</i>	<i>Xgwm493</i>	<i>Xumn10</i>	<i>Xbarc167</i>	<i>Rht-B1b</i>
T113	1	✓	✗	✓	✗	✓
T101, T102	2	✓	✗	✓	✗	✓
T105, T106	3	✓	✗	✓	✓	✓
T107	4	✓	✗	✓	✓	✓
T110, T111, T112	5	✓	✗	✓	✗	✓
T103, T104	6	✗	✗	✓	✗	✓
T115, T116	7	✓	✓	✓	✗	✓
R209	8	✓	✗	✓	✗	✓
T108, T109	9	✓	✗	✓	✓	✓

Kreuzungen	Population	Xgwm2	Xgwm493	Xumn10	Xbarc167	Rht-B1b
S172	10	x	x	x	x	✓
T114	11	✓	✓	✓	x	✓
S171, R210	12	x	✓	x	x	✓
T122	13	x	✓	✓	x	✓
T117, T118	14	✓	✓	✓	x	✓
T119	15	✓	✓	✓	x	✓
T121	16	✓	✓	x	x	✓
R219	17	✓	x	x	x	✓
R221	18	x	x	x	x	✓
R212	19	x	✓	x	x	✓

3.4.3 Assoziation von molekularen Markern mit Fusariumresistenz und Wuchshöhe für alle Durumlinien

Nachfolgend befinden sich die Bilder der Polyacrylamid Gelelektrophoresen und der anschließend mit RStudio erstellten Boxplots, welche die Allele mit der tatsächlichen Anfälligkeit am Feld (22 Tage nach der Blüte) über alle Jahre in Verbindung bringen. Die Boxplots zeigten nur diejenigen Linien, welche mit dem jeweiligen Marker unterscheidbar waren (vgl. Kapitel 3.4.2.). Nur die Boxplots für den Marker Xumn10 zeigen einen signifikanten Unterschied ($p < \alpha$) zwischen den Allelen. Die Nummerierung der Allele wurde nach der Auswertung der Gelelektrophoresen in Einklang gebracht, damit alle Linien eine einheitliche Allel-Nummerierung aufweisen. Eine Tabelle der Allele aller Linien befindet sich im Anhang (Kapitel 10.1).

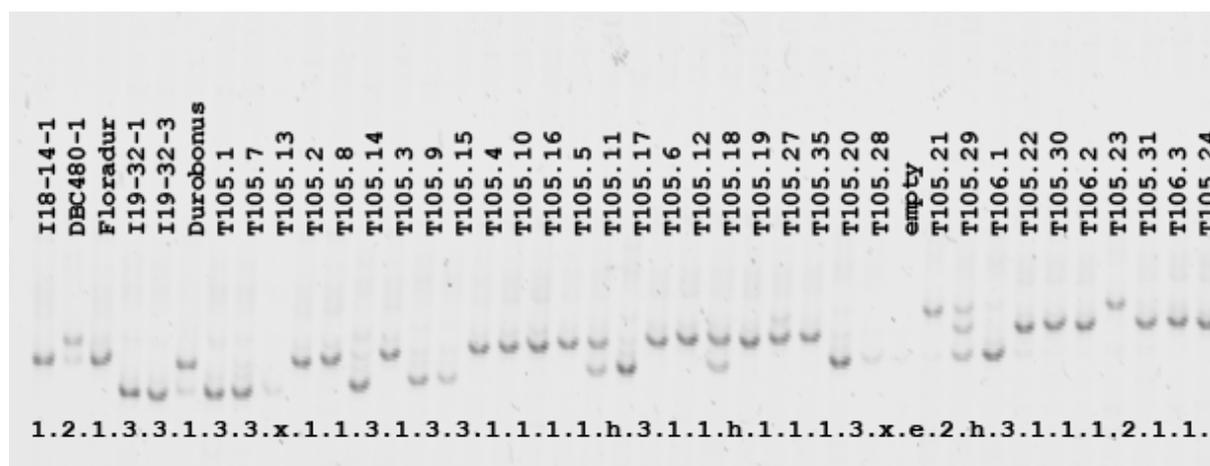


Abbildung 27: PCR-Produkte des Markers *Xbarc167* auf der Polyacrylamid Gelelektrophorese (1=resistent, 2/3=anfällig, h=heterozygot, x=fehlender Wert, e=leer). Die resistenten Eltern für den Marker *Xbarc167* sind die I17 und I18 Linien

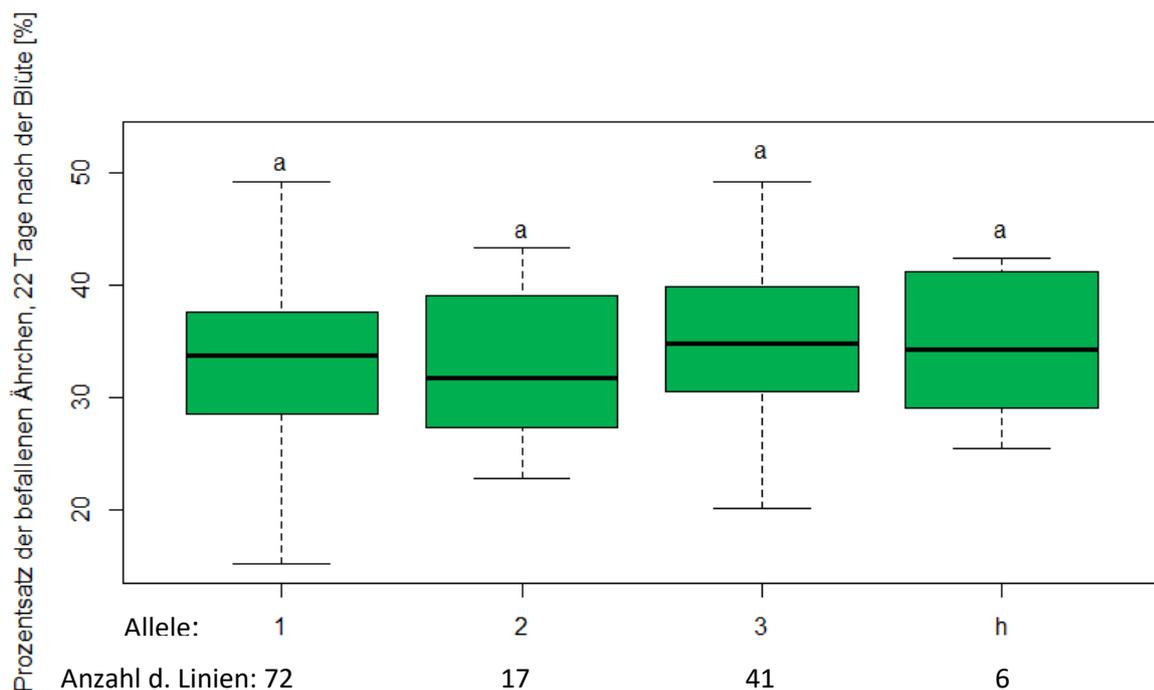


Abbildung 28: Allele der anfälligen (2/3), resistenten (1) (I17, I18 Linien) und heterozygoten (h) Linien des Markers *Xbarc 167* im Zusammenhang mit dem tatsächlichen Befall, 22 Tage nach der Blüte, über alle Jahre. Dargestellt sind jene Linien, bei denen die resistenten von den anfälligen Linien unterschieden werden konnten. Gleiche Buchstaben über den Boxplots beziehen sich auf einen nicht signifikanten Unterschied zwischen den Linien ($\alpha = 5\%$)

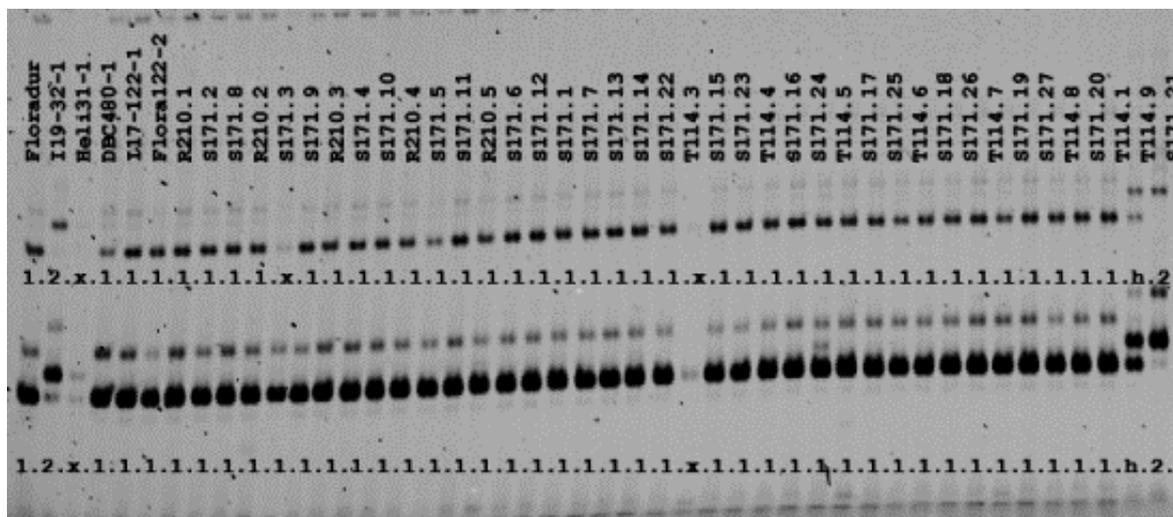


Abbildung 29: PCR-Produkte des Markers *Xgwm2* auf der Polyacrylamid Gelelektrophorese. (1=anfällig, 2=resistent, h=heterozygot, x=fehlender Wert). Die resistenten Eltern für den Marker *Xgwm2* sind die I19 Linien

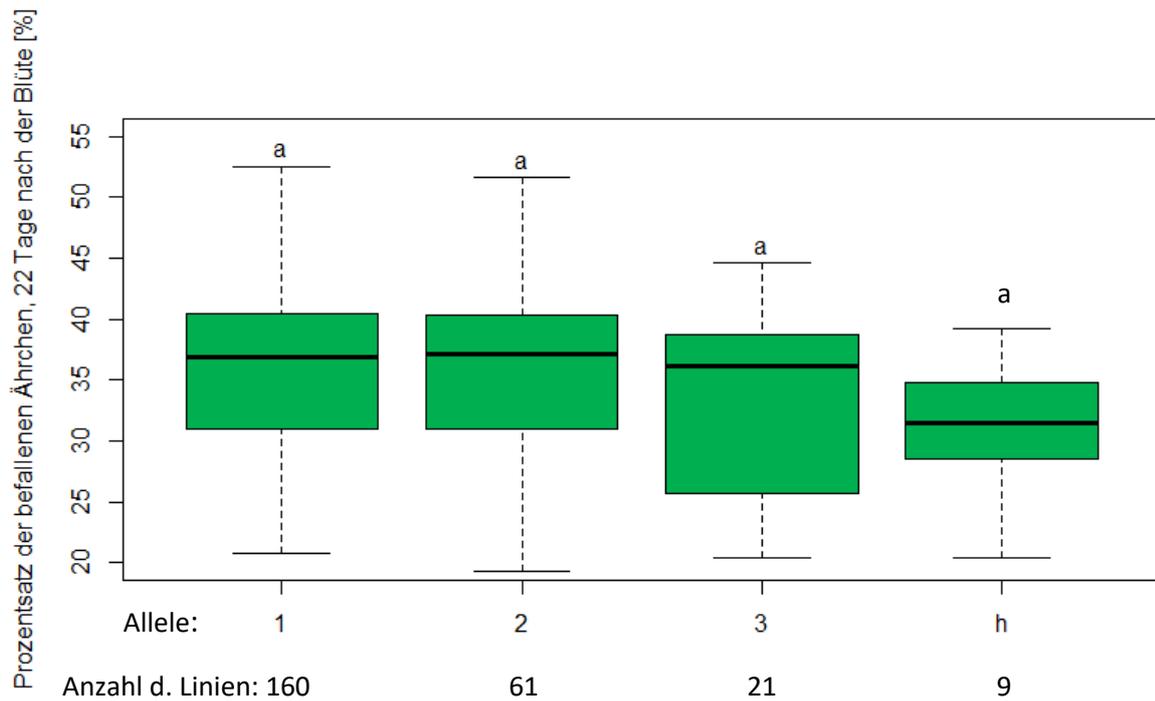


Abbildung 32: Allele der anfälligen (1 und 3), resistenten (2) und heterozygoten (h) Linien des Markers Xgwm493 in Zusammenhang mit dem tatsächlichen Befall, 22 Tage nach der Blüte, über alle Jahre. Dargestellt sind jene Linien, bei denen die resistenten von den anfälligen Linien unterschieden werden konnten. Gleiche Buchstaben über den Boxplots beziehen sich auf einen nicht signifikanten Unterschied zwischen den Linien ($\alpha = 5\%$)

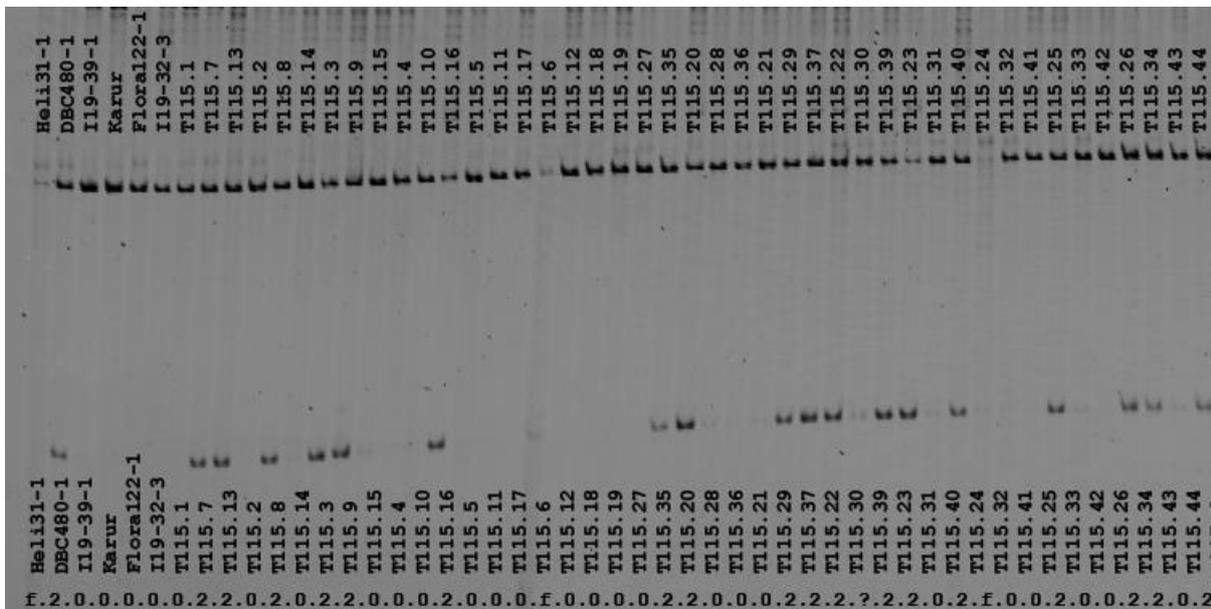


Abbildung 33: PCR-Produkte des Markers *Xumn10* (unten im Bild) inklusive *BE 425 161* (oben im Bild) auf der Polyacrylamid Gelelektrophorese (0=anfällig, 2=resistent, f=fehlender Wert). Der resistente Eltern für den Marker *Xumn10* ist die DBC480-1 Linie

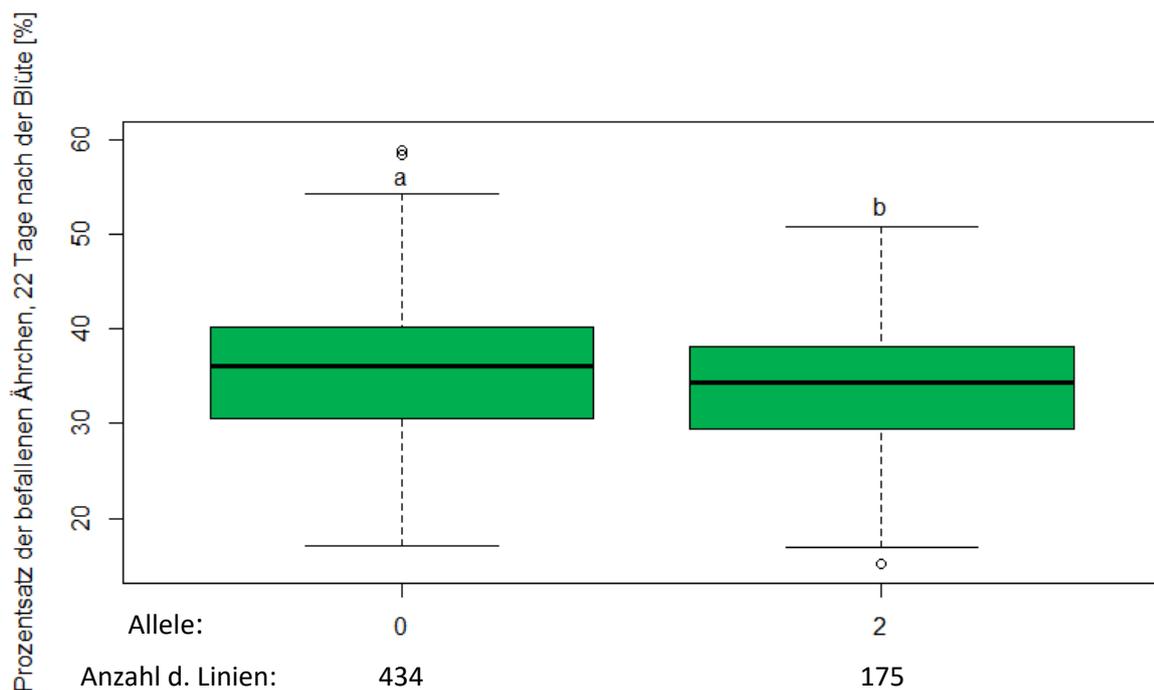


Abbildung 34: Allele der anfälligen (0) bzw. resistenten (2) Linien des Markers *Xumn10* in Zusammenhang mit dem tatsächlichen Befall, 22 Tage nach der Blüte, über alle Jahre. Dargestellt sind jene Linien, bei denen die resistenten von den anfälligen Linien unterschieden werden konnten. Verschiedene Buchstaben über den Boxplots beziehen sich auf einen signifikanten Unterschied zwischen den Linien ($\alpha = 5\%$)

Für die genotypische Bestimmung der Wuchshöhe wurde der *Rht-B1* Marker auf dem Chromosom 4B angewandt. Für die Analyse wurden zwei Linien, nämlich DBC480-1 und Durobonus als Kontrollen eingesetzt. DBC480-1 enthält das Langstrohhallel *Rht-B1a* und Durobonus enthält das Kurzstrohhallel *Rht-B1b*. Als zusätzliche Kontrolle wurden ein Mix aus DBC480-1 und Durobonus sowie Wasser analysiert. Die Analyse erfolgte durch Messung der FAM und HEX Fluoreszenz der zwei *Rht-B1* Allele in einer KASP Analyse (Abb. 35, vgl. Kapitel 2.2.4.5). Die Ergebnisse über alle Jahre in Abbildung 36 zeigen, dass das Kurzstrohhallel *Rht-B1b* (1) tatsächlich zu einer verminderten Wuchshöhe führt. Der *Rht-B1* Marker zeigt außerdem einen signifikanten Unterschied für die Anfälligkeit, über alle Jahre hinweg, zwischen den verschiedenen Allelen auf (Abb. 37). Jene Linien mit dem Kurzstrohhallel *Rht-B1b* sind tatsächlich mehr anfällig für die Ährenfusariose, als Linien mit dem *Rht-B1a* Allel.

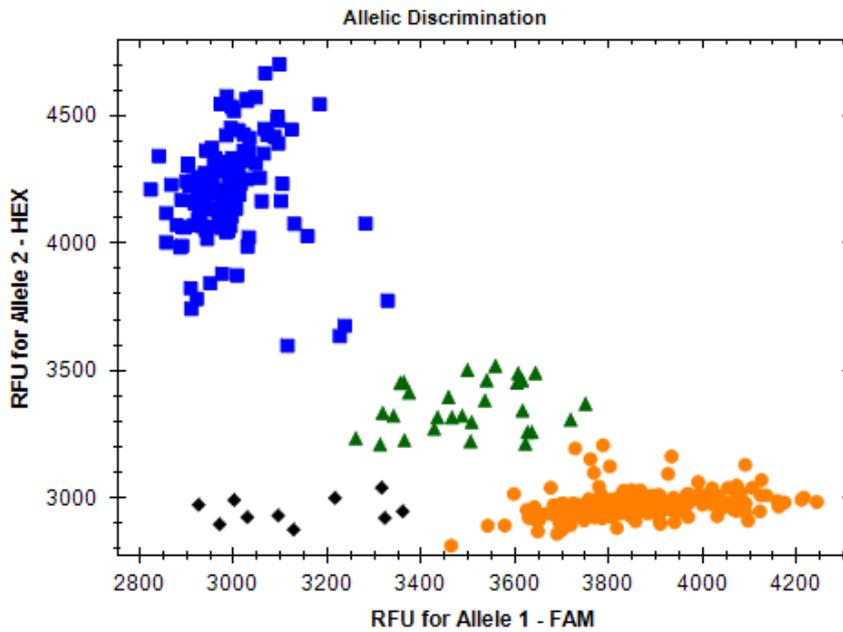


Abbildung 35: KASP-Marker Analyse mit dem *Rht-B1* Marker: Die orangen Kreise wurden als *Rht-B1a* Allel der resistenten, langstrohigen Linie DBC480-1 zugeordnet. Die blauen Quadrate zeigen das *Rht-B1b* Allel der anfälligen, kurzstrohigen Sorte Durobonus. Die grünen Dreiecke wurden als Heterozygote bezeichnet und die schwarzen Rechtecke enthalten Wasser.

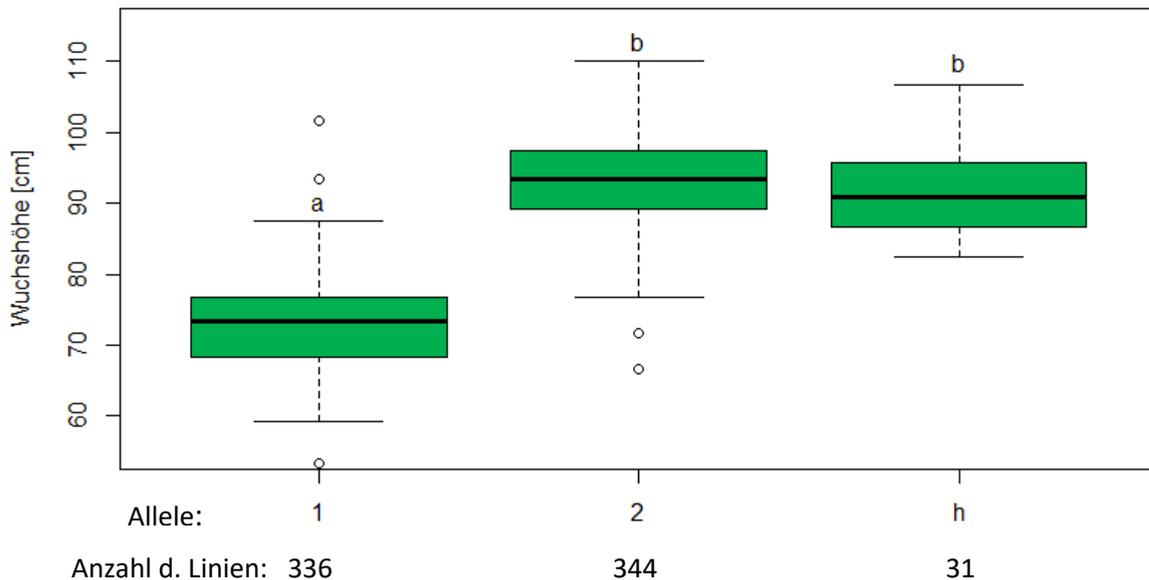


Abbildung 36: Zusammenhang zwischen der Markeranalyse mit dem *Rht-B1* Marker und der gemessenen Wuchshöhe über alle Jahre. Das Allel 1 bezeichnet das Kurzstrohalles *Rht-B1b* und das Allel 2 bezeichnet das Langstrohalles *Rht-B1a*. Das lange *Rht-B1* Allel *Rht-B1a* (der Wildtyp) ist dominant. Verschiedene Buchstaben über den Boxplots beziehen sich auf einen signifikanten Unterschied zwischen den Linien ($\alpha = 5\%$)

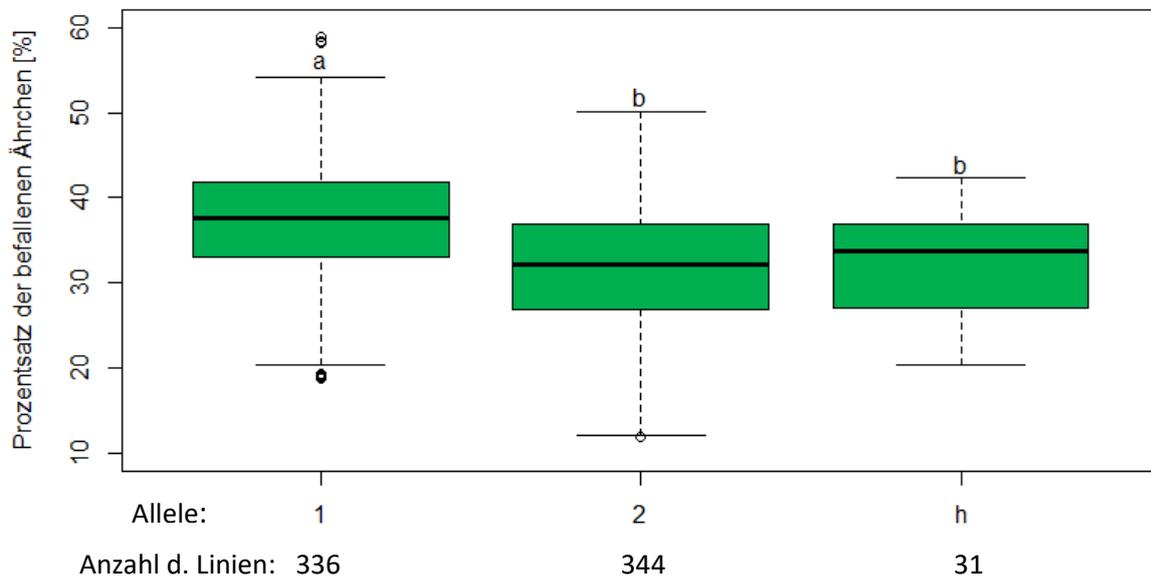


Abbildung 37: Zusammenhang zwischen dem Rht-Marker und der Anfälligkeit gegenüber der Ährenfusariose (Allel1= Rht-B1b=kurzstroh-Allel, Allel 2= Rht-B1a=langstroh-Allel) über alle Jahre. Verschiedene Buchstaben über den Boxplots beziehen sich auf einen signifikanten Unterschied zwischen den Linien ($\alpha = 5\%$)

Die Ergebnisse der Varianzanalyse über alle relevanten Linien für die Marker *Xbarc167*, *Xgwm2* und *Xgwm493* zeigten keinen signifikanten Unterschied ($p > 0.05$) zwischen den Allelen bezogen auf die Befallsstärke, 22 Tage nach der Blüte, über alle Jahre auf (Tabellen 19, 20, 21). Einzig der *Xumn10* Marker zeigte einen signifikanten Unterschied ($p < 0.05$) für die Anfälligkeit zwischen den Allelen auf (Tabelle 22). Das Bestimmtheitsmaß (R^2) des *Xumn10* Markers lag jedoch nur bei 1.5 %.

Tabelle 19: Ergebnisse der ANOVA und das angepasste Bestimmtheitsmaß (R^2) für das Auftreten der Ährenfusariose über alle Jahre bezogen auf den Marker *Xbarc167*

	FG	SS	MS	F	p
<i>barc167</i>	3	97.6	32.536	0.6438	0.5882
Fehler	132	6671.4	50.541		
R^2	0				

Signifikanz Levels: $< 0.001 = ***$, $< 0.01 = **$, $< 0.05 = *$

Tabelle 20: Ergebnisse der ANOVA und das angepasste Bestimmtheitsmaß (R^2) für das Auftreten der Ährenfusariose über alle Jahre bezogen auf den Marker *Xgwm2*

	FG	SS	MS	F	p
<i>gwm2</i>	2	181.5	90.767	1.7299	0.1782
Fehler	590	30956.7	52.469		
R^2	0.002				

Signifikanz Levels: < 0.001 = ***, < 0.01= **, < 0.05 = *

Tabelle 21: Ergebnisse der ANOVA und das angepasste Bestimmtheitsmaß (R^2) für das Auftreten der Ährenfusariose über alle Jahre bezogen auf den Marker *Xgwm493*

	FG	SS	MS	F	p
<i>gwm493</i>	3	287.8	95.923	1.8653	0.136
Fehler	247	12702.2	51.426		
R^2	0.010				

Signifikanz Levels: < 0.001 = ***, < 0.01= **, < 0.05 = *

Tabelle 22: Ergebnisse der ANOVA und das angepasste Bestimmtheitsmaß (R^2) für das Auftreten der Ährenfusariose über alle Jahre bezogen auf den Marker *Xumn10*

	FG	SS	MS	F	p
<i>umn10</i>	1	532	531.66	10.16	0.001509 **
Fehler	607	31765	52.33		
R^2	0.015				

Signifikanz Levels: < 0.001 = ***, < 0.01= **, < 0.05 = *

Die Ergebnisse der Varianzanalyse für den *Rht-B1* Marker über alle Jahre zeigten sowohl für die Wuchshöhe (Tabelle 23) als auch für die Fusariumanfälligkeit (Tabelle 25) einen signifikanten Unterschied zwischen den Allelen ($p < \alpha$) auf. Das angepasste Bestimmtheitsmaß (R^2) gibt an, dass 72.2% der phänotypischen Variation der Wuchshöhe und 15.7 % der Anfälligkeit durch den *Rht-B1* Marker beeinflusst werden. Die Linien mit dem *Rht-B1b* Allel (Kurzstrohhallel=1) sind im Mittel 72.9 cm hoch. Jene Linien mit *Rht-B1a* Allel (Langstrohhallel=2) sind um 20.2 cm höher als jene mit *Rht-B1b* Allel (Tabelle 24).

Tabelle 23: Ergebnisse der ANOVA und das angepasste Bestimmtheitsmaß (R^2) für die Wuchshöhe bezogen auf den Marker *Rht-B1*

	FG	SS	MS	F	p
<i>Rht-B1</i>	2	71643	35822	924.74	< 2.2e-16 ***
Fehler	708	27426	39		
R^2	72.2				

Signifikanz Levels: < 0.001 = ***, < 0.01= **, < 0.05 = *

Tabelle 24: Zusammenfassung für den *Rht-B1* Marker bezogen auf die Wuchshöhe.

	Parameterschätzer	SE	t-Wert	p
Konstante	72.9454	0.3395	214.83	<2e-16 ***
<i>Rht2</i>	20.2137	0.4774	42.34	<2e-16 ***
<i>Rhth</i>	18.8242	1.1683	16.11	<2e-16 ***

Signifikanz Levels: < 0.001 = ***, < 0.01= **, < 0.05 = *

Tabelle 25: Ergebnisse der ANOVA und das angepasste Bestimmtheitsmaß (R²) für das Auftreten der Ährenfusariose bezogen auf den Marker *Rht-B1*

	FG	SS	MS	F	p
<i>Rht-B1</i>	2	6524	3261.9	66.89	< 2.2e-16 ***
Fehler	708	34526	48.8		
R²	15.7				

Signifikanz Levels: < 0.001 = ***, < 0.01= **, < 0.05 = *

Da die Auswertung der Markerdaten der Marker *Xbarc167*, *Xgwm2*, *Xgwm493* und *Xumn10* in Zusammenhang mit den Felddaten für das Jahr 2018 keinen einzigen signifikanten p-Wert ergab, werden diese Ergebnisse hier nicht dargestellt. Für das Jahr 2018 zeigte nur der *Rht-B1* Marker signifikante p-Werte für die Wuchshöhe ($8,6 \cdot 10^{-29}$) und die Bonitur B3 ($3,3 \cdot 10^{-05}$) auf. Das Bestimmtheitsmaß für die Wuchshöhe lag bei 18 % und für die Bonitur B3 bei nur 2.9 %.

3.4.4 Assoziation von molekularen Markern mit Fusariumresistenz in einzelnen Subpopulationen

Für die Eigenschaften AUDPC3, B1, B2, B3, B4, Wuchshöhe und Blühdatum ließen sich über alle Jahre mit der ANOVA insgesamt 77 signifikante p-Werte für einzelne Subpopulationen errechnen (Kapitel 10.3). Die wichtigsten signifikanten Ergebnisse ($p < 0.05$) der Markeranalyse für die Resistenz-QTL der einzelnen Subpopulationen sind für die Bonitur B3 in Tabelle 26 dargestellt. Anschließend folgen die dazugehörigen Boxplots. Der Marker *Xbarc167* zeigte für die Bonitur B3 für die einzelnen Subpopulationen keinen signifikanten Unterschied für die verschiedenen Linien.

Tabelle 26: Signifikante Ergebnisse der Varianzanalyse für die Bonitur B3 für alle Marker, außer dem *Rht-B1* Marker, für die einzelnen Subpopulationen über die Jahre 2016-2018 .

Marker	p	Merkmal	Subpopulation	Größe	R ²
<i>Xumn10</i>	0.038*	B3	1	89	0.041
<i>Xgwm493</i>	0.001**	B3	3	51	0.238
<i>Xgwm2</i>	0.012*	B3	4	33	0.213
<i>Xumn10</i>	0.022*	B3	4	33	0.139
<i>Xgwm493</i>	0.045*	B3	12	32	0.105

Signifikanz Levels: < 0.001 = ***, < 0.01= **, < 0.05 = *

Die Ergebnisse des Markers *Xgwm2* bezogen auf die Bonitur B3 über alle Jahre für die Subpopulation 4 (T107) zeigt keinen signifikanten Unterschied zwischen dem anfälligen Allel 1 und dem resistenten Allel 2 (Abb. 38). Es kann nur ein signifikanter Unterschied dieser zwei Allele zu dem heterozygoten Allel hergestellt werden. Dies kann daher rühren, dass in dieser Subpopulation nur 2 Pflanzen heterozygot waren. Dieser Effekt wird als Stichprobeneffekt bezeichnet.

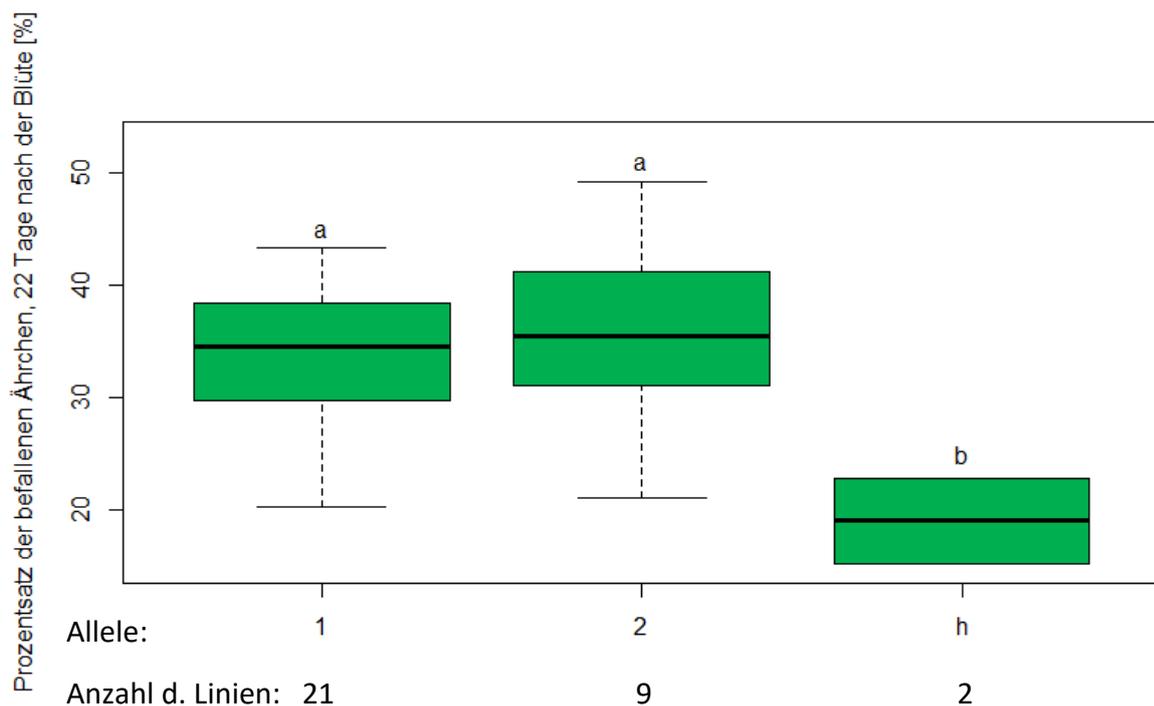


Abbildung 38: Befallsausprägung [%], 22 Tage nach der Blüte, über alle Jahre bezugnehmend auf die Allele (1=anfällig, 2=resistent, h=heterozygot) des *Xgwm2* Markers der Subpopulation 4. Gleiche Buchstaben über den Boxplots weisen auf keinen signifikanten Unterschied hin ($\alpha=0.05$)

Die Ergebnisse des Markers *Xgwm493* bezogen auf die Bonitur B3 für die Subpopulationen 3 (T105, T106) und 12 (S171, R210) lieferte widersprüchliche Ergebnisse und wurde ebenso aufgrund von zu wenigen Linien pro Markerklasse nicht weiter diskutiert.

Die Ergebnisse des Markers *Xumn10* bezogen auf die Bonitur B3, über alle Jahre zeigen für die Subpopulationen 1 (T113) und 4 (T107) signifikante Unterschiede für die Anfälligkeit zwischen den Allelen auf (Abb. 39 und 40).

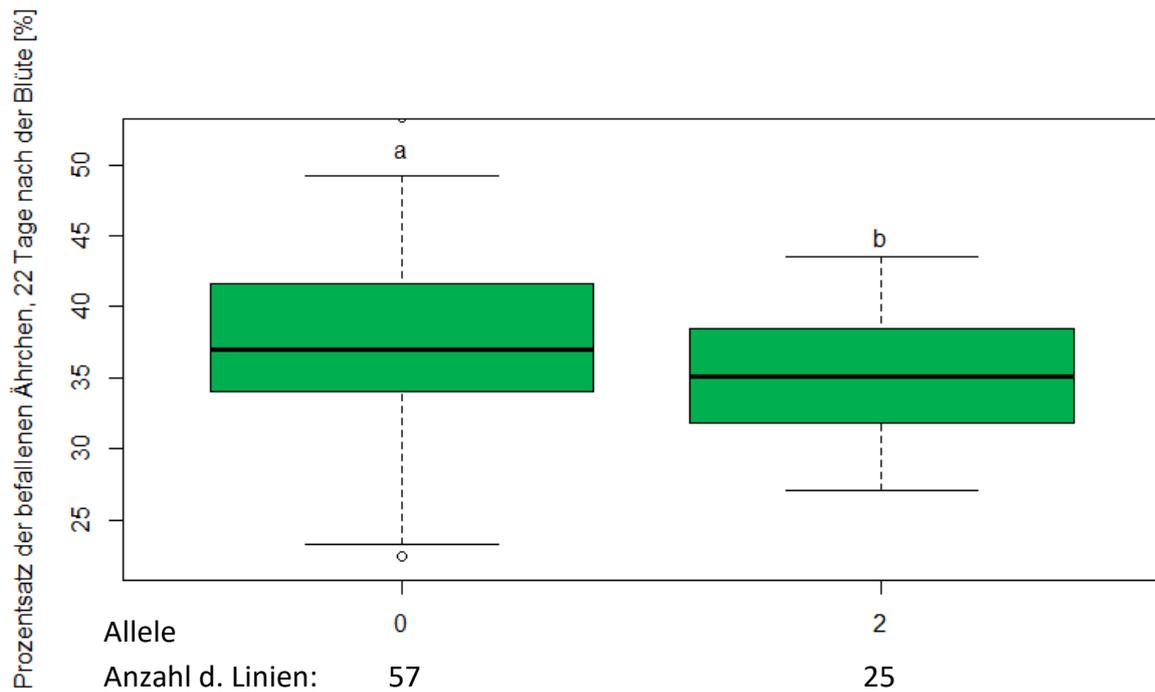


Abbildung 39: Allele (0=anfällig, 2=resistent) des Markers *Xum10* bezogen auf die Anfälligkeit [%], 22 Tage nach der Blüte, über alle Jahre für die Subpopulation 1. Verschiedene Buchstaben über den Boxplots weisen auf einen signifikanten Unterschied zwischen den Allelen hin ($\alpha=0.05$)

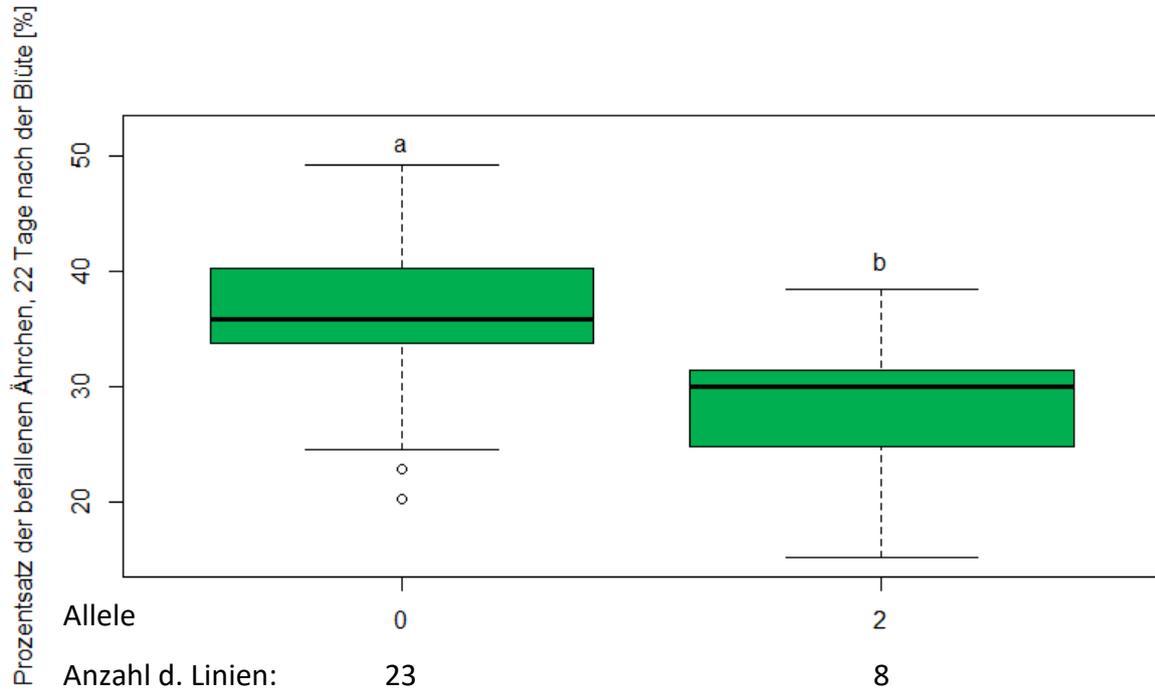


Abbildung 40: Allele (0=anfällig, 2=resistent) des Markers *Xum10* bezogen auf die Anfälligkeit [%], 22 Tage nach der Blüte, über alle Jahre für die Subpopulation 4. Verschiedene Buchstaben über den Boxplots weisen auf einen signifikanten Unterschied mit ($p < \alpha$) zwischen den Allelen hin

Die Varianzanalyse für das Jahr 2018 über die einzelnen Suppopulationen für die Bonitur B3 ergab nur bei einem Marker signifikante Ergebnisse. Der Marker *Xgwm2* zeigte für die Subpopulationen 1 und 4 signifikante p-Werte (0.028* und 0.011*). Für die Subpopulation 1 lag das Bestimmtheitsmaß bei 6 % und für die Subpopulation 4 bei 21.4 %. Jedoch ergab der paarweise Vergleich der Allele nur für Subpopulation 1 (T113) einen signifikanten Unterschied zwischen den anfälligen (1) und dem resistenten Allel (2) (Abb 41). Für die Subpopulation 4 ergab sich kein signifikanter Unterschied zwischen dem anfälligen und resistenten Allel.

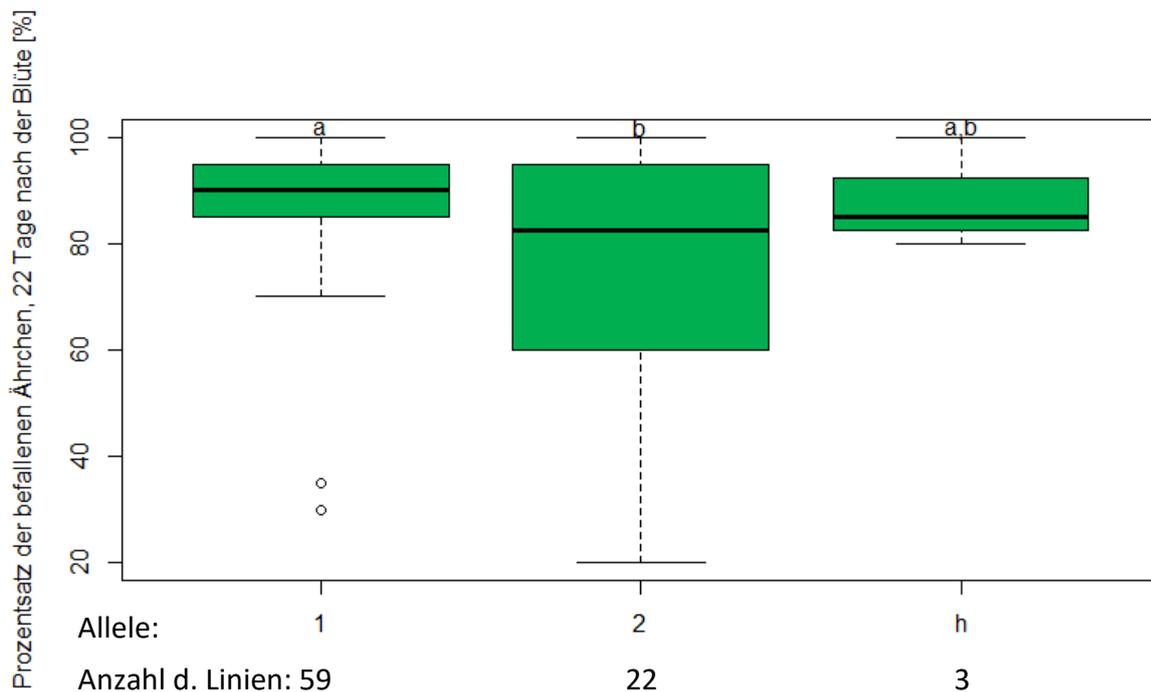


Abbildung 41: Allele (1=anfällig, 2=resistent, h=heterozygot) des Markers *Xgwm2* bezogen auf die Anfälligkeit [%] 22 Tage nach der Blüte, im Jahr 2018 für die Subpopulation 1. Verschiedene Buchstaben über den Boxplots weisen auf einen signifikanten Unterschied mit ($p < \alpha$) zwischen den Allelen hin.

3.4.5 Linien mit mehreren Resistenzloci und Kurzstrohhalle

Um jene Linien mit dem Kurzstrohhalle *Rht-B1b* und den meisten Resistenzallelen herauszufiltern (Tabelle 27) wurde in Rstudio eine „for-Schleife“ angelegt. Es konnten keine Linien, welche alle Resistenz-QTL und das Kurzstrohhalle besitzen, gefunden werden. Es wurden jedoch vier Linien mit den Resistenz-QTL der Marker *Xgwm2*, *Xgwm493*, *Xumn10* und dem Kurzstrohhalle aufgefunden. Dann wurden vier Linien mit dem Kurzstrohhalle und den Resistenzallelen der Marker *Xgwm2*, *Xbarc167*, *Xumn10* herausgefiltert und zuletzt jene Linien (insgesamt 24) mit dem Kurzstrohhalle und den Resistenzallelen der Marker *Xgwm493* und *Xumn10*.

Im vorherigen Kapitel wurden über die Jahre die Subpopulationen 1 (T113) und 4 (T107) mit dem Resistenzallel des Markers *Xumn10* als signifikant weniger anfällig beschrieben. Wenn diese Subpopulationen mit den Allelen des *Rht-B1* Markers und der Anfälligkeit in Verbindung gebracht werden, kann erkannt werden, dass nur Linien mit dem Langstrohhalle (2) weniger anfällig sind (Abb. 42 und 43). Aus Tabelle 27 ist ersichtlich, dass eine Linie (T107.15) sowohl in der Subpopulation 4 enthalten ist, als auch die Resistenz-QTL der Marker *Xgwm2*, *Xbarc167*, *Xumn10* und das Kurzstrohhalle vereint.

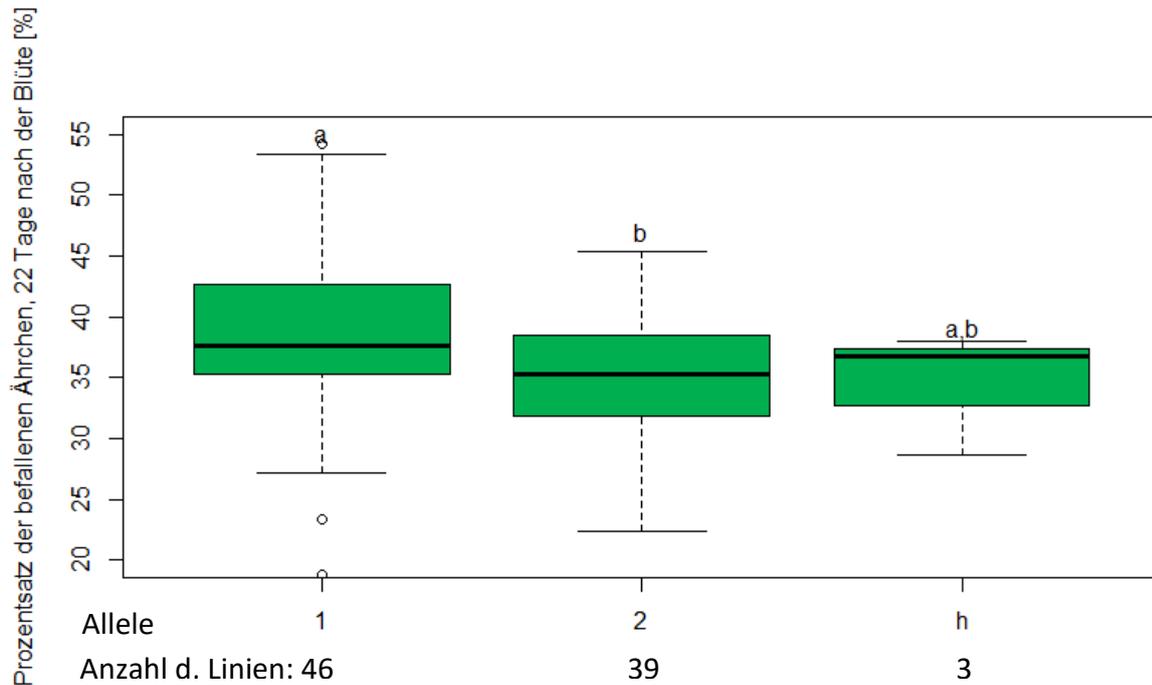


Abbildung 42: Allele (1=*Rht-B1b*=kurz, 2=*Rht-B1a*=lang) des *Rht-B1* Markers der Subpopulation 1 bezogen auf die Anfälligkeit, 22 Tage nach der Blüte, über alle Jahre. Verschiedene Buchstaben über den Boxplots weisen auf einen signifikanten Unterschied mit ($p < \alpha$) zwischen den Allelen hin.

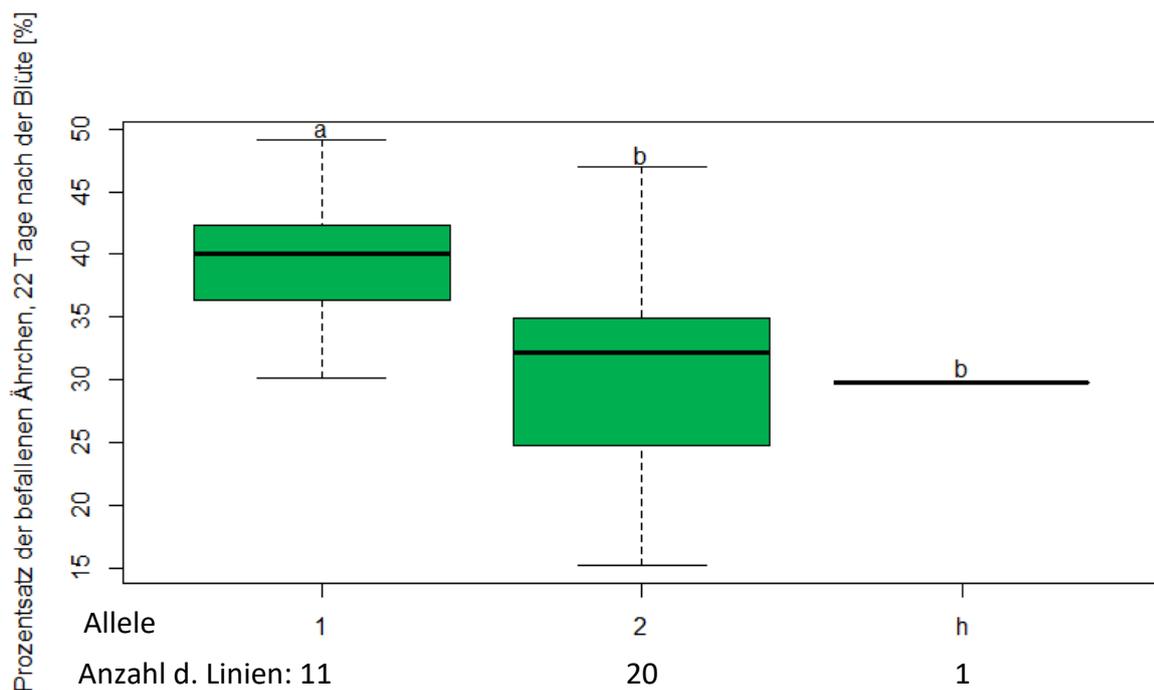


Abbildung 43: Allele (1=*Rht-B1b*=kurz, 2=*Rht-B1a*=lang) des *Rht-B1* Markers der Subpopulation 4 bezogen auf die Anfälligkeit, 22 Tage nach der Blüte, über alle Jahre. Verschiedene Buchstaben über den Boxplots weisen auf einen signifikanten Unterschied mit ($p < \alpha$) zwischen den Allelen hin.

Tabelle 27: Linien mit dem Kurzstohallel und unterschiedlicher Anzahl an Resistenzloci

Linien: Kurzstohallel und Resistenzallele der Marker: <i>Xgwm2, Xgwm493, Xumn10</i>	Linien: Kurzstohallel und Resistenzallele der Marker: <i>Xgwm2, Xbarc167, Xumn10</i>	Linien: Kurzstohallel und Resistenzallele der Marker: <i>Xgwm493, Xumn10</i>
T114.22	T101.31	T114.17
T115.20	T105.30	T114.22
T117.3	T107.15	T114.23
T117.30	T109.8	T114.27
		T114.30
		T114.6
		T115.20
		T115.23
		T115.26
		T115.3
		T115.34
		T115.44
		T115.8
		T115.9
		T116.19
		T116.26
		T116.33
		T116.57
		T117.11
		T117.24
		T117.3
		T117.30
		T117.37
		T118.6

4 Diskussion

4.1 Bewertung der Phänotypen für die Fusariumresistenz

Für die Auswertung der Ergebnisse und die grafischen Darstellungen wurde nur die Bonitur B3, 22 Tage nach der Blüte, herangezogen. Diese Bonitur stellt die repräsentativste Bonitur dar, denn die Ergebnisse der Bonitur B4, 26 Tage nach der Blüte, werden durch Abreifeerscheinungen beeinflusst. Außerdem waren einzelne Pflanzen von einem Fusariumbefall der Wurzel- und Halmbasis betroffen, wodurch diese Pflanzen ähnliche Symptome wie bei der Abreife zeigten.

Um gute Schätzwerte für das jeweilige Resistenzniveau der Linien zu bekommen, sind mindestens zwei Standorte oder Jahre empfehlenswert (Bürstmayr et al., 2009). Aus diesem Grund wurden die Jahre 2016 und 2017 in die Analyse mit einbezogen.

Wie aus Tabelle 13 ersichtlich lag der Mittelwert des Befallsniveaus der Ährenfusariose, 22 Tage nach der Blüte, im Jahr 2018 bei 80 %. Vier Tage später, am Tag 26 nach der Blüte, waren schon 91 % der Ährchen befallen. Daraus kann geschlussfolgert werden, dass die Inokulation erfolgreich war und das Wetter optimal für die Ausbreitung des Pilzes war. Die Temperatur in der Vegetationsperiode lag 2018 über den Durchschnittswerten von 1971-2000. Im April war die Temperatur um durchschnittlich 6 °C höher also normalerweise. Im Vergleich zum sehr hohen Befallsdruck im Jahr 2018, war das Befallsniveau im Jahr 2017, aufgrund von Umwelteinflüssen, viel geringer. Der Mittelwert des Befalls, 22 Tage nach der Blüte, lag im Jahr 2017 bei nur 5.31 %. Aus diesen unterschiedlichen Werten für die einzelnen Jahre, ergab sich über die Jahre ein mittlerer Befall von 35 % (22 Tage nach der Blüte). Da es sich um eine quantitative Resistenz handelt, ist die Befallsstärke je nach Umwelt und Linie-Umwelt-Interaktion sehr unterschiedlich und erschwert die Resistenzzüchtung (Bürstmayr et al., 2012).

Im Jahr 2018 betrug die Heritabilität (h^2) der Bonitur B3, 22 Tage nach der Blüte, 0.55 und liegt damit nur knapp unter dem Wert vom Jahr 2017 (0.60). Die geringe Heritabilität über die Jahre (0.36) ergibt sich aus der großen Linie-Umwelt-Interaktion. Wie schon im Ergebnisteil erwähnt, besagt eine hohe Heritabilität (h^2), dass eine zuverlässige Messung der Eigenschaften erfolgte (Bürstmayr et al., 2002). Die errechneten Werte liegen nur knapp über der Hälfte, woraus zu schließen ist, dass die Messung der Eigenschaften nur mäßig zuverlässig ist. Eine mittlere Heritabilität kann auch einen Hinweis auf einen mittleren Umwelteinfluss geben.

Aufgrund des starken Befalls im Jahr 2018 ergibt sich auch ein sehr hoher AUDPC3 Mittelwert von 778.1. Die AUDPC3 Werte der Jahre 2016 und 2017 lagen deutlich darunter. Der durchschnittliche AUDPC Wert der Linie DBC480-1 wurde in einer Studie von Prat et al. (2016) mit 125 berechnet. Wohingegen die Elite-Eltern (Karur, Durobonus, SZD1029K) in

besagter Studie einen 5-fach höheren AUDPC-Wert aufwiesen. Da im Jahr 2018 ein sehr hoher Infektionsdruck bestand, wirkten die Resistenz-QTL weniger effektiv und ihr Effekt ist daher weniger gut sichtbar.

Zur Veranschaulichung der Verteilung der Durumlinien bezogen auf die Anfälligkeit wurden Histogramme erstellt. Die Grafik (Abb. 19) welche für die Jahre 2016 und 2018 erstellt wurde, zeigt aufgrund der quantitativen Eigenschaft vieler Gene, eine Normalverteilung auf, welche durch den Effekt vieler Gene im Zusammenhang mit den Umwelteinflüssen entsteht (Kearsey, 1998). Quantitative Eigenschaften werden viel stärker von Umweltfaktoren beeinflusst als qualitative Eigenschaften. Umweltfaktoren beeinflussen den phänotypischen Wert und sind gegliedert in Bodeneigenschaften, Sonneneinstrahlung, Klimafaktoren sowie Einfluss von biologischen Organismen. Die Umwelt kann einerseits auf eine einzelne Pflanze bezogen sein, und andererseits zwischen verschiedenen Jahren und Standorten schwanken (Bernardo, 2010). Daher sollen die einzelnen Versuche auf verschiedenen Standorten und in mehreren Jahren angebaut und bonitiert werden (Bernardo, 2010 und Prat et al., 2014). Im Histogramm für die Resistenz im Jahr 2018 (Abb. 20) sind die moderat resistenten Linien, welche zwischen 10-50 % befallen sind, interessant für die weitere Resistenzzüchtung. Das bedeutet, dass es zwar keine Linien mit vollkommener Resistenz gibt, aber es sind einige moderat resistente Linien entstanden. Die meisten Linien weisen, 22 Tage nach der Blüte, im Jahr 2018 eine hohe Anfälligkeit von 80 % auf.

Der Einfluss der als Inokulum verwendeten Fusarium-Art auf die Resistenz kann ausgeschlossen werden. Denn Bürstmayr et al. (2009) und Bürstmayr et al. (2012) schreiben, dass, obwohl es große Unterschiede in der Aggressivität der einzelnen Fusariumarten gibt, keine spezifische Pflanze-Pathogen-Interaktion besteht. Die Resistenz gegen die Ährenfusariose ist nicht Spezies spezifisch und wird als horizontal bezeichnet.

4.2 Bewertung der Phänotypen für die Wuchshöhe und das Blühdatum

Die Heritabilität der Wuchshöhe lag im Jahr 2018 bei 0.74 und liegt damit unter dem Wert vom Jahr 2017. Über die Jahre ergibt sich eine hohe Heritabilität von $h^2 = 0.81$. Die mittelhohe Heritabilität kann an einem Gradienten im Boden liegen, welcher bei der Bonitur am Feld deutlich erkennbar war. Denn an manchen Stellen des Feldversuchs war der Feldaufgang nur sehr gering und die wenigen Pflanzen blieben klein.

Die Linien zeigten über die Jahre eine breite Variation für die Wuchshöhe. Einen Einfluss auf die Variation hat die Größe der Population, die Inokulationstechnik, die Umwelt und der genetische Hintergrund (Prat et al., 2016). Die Analyse der Wuchshöhe zeigte zwei Maxima auf und weist damit auf den Einfluss des Kurzstrohallel *Rht-B1b* hin. Im Jahr 2018 blieb der Großteil der Durumlinien sehr klein und es gab nur einen Maximalwert im Gegensatz zur

Analyse über alle Jahre. Die Niederschlagsmenge während der Vegetationsperiode im Jahr 2018 war, außer im Mai, geringer als die durchschnittliche monatliche Niederschlagsmenge von 1971-2000. Diese geringere Niederschlagsmenge während der Vegetationsperiode hat dazu geführt, dass die Wirkung des Langstrohhallels (*Rht-B1a*) vermindert wurde. Das *Rht-B1b* Allel wird nicht nur mit einer verminderten Wuchshöhe und somit verminderter Lagerung assoziiert, sondern auch mit einem höheren Ertrag (Prat et al., 2016). Wenn die Pflanzen mittels genomischer Selektion auf eine verbesserte Strohstärke (verminderte Lagerung) selektiert werden, kann eine höhere Wuchshöhe akzeptiert werden (Steiner et al., 2018).

Im Jahr 2018 lag die Heritabilität des Blühdatums (0.50) unter dem Wert vom Jahr 2017. Dieser geringe Wert kann durch eine ungenaue Bewertung des Blühdatums entstehen oder durch einen hohen Umwelteinfluss.

Die Linien zeigten sowohl über die Jahre als auch im Jahr 2018 eine geringe genotypische Variation für das Blühdatum. Woraus geschlossen wird, dass Gene mit geringem Effekt das Blühdatum beeinflussen. Da in allen Jahren das Blühdatum der meisten Pflanzen um den 35. Tag, nach dem ersten Mai (Anfang Juni), liegt und keine große Varianz zwischen den Linien festzustellen ist, lässt sich kein maßgeblicher Einfluss des Wetters auf das Blühdatum feststellen.

4.3 Bewertung der Korrelationen

Die Korrelationsanalyse zwischen der Wuchshöhe und der Anfälligkeit ergab eine negative signifikante Korrelation mit einem Korrelationskoeffizienten von -0.41. Das heißt: je größer die Linie, desto geringer ist der Befall. Dieser Effekt, wird teilweise der Pflanzhöhe an sich zugeschrieben, da unter den Ähren kurzer Pflanzen das feuchte Mikroklima länger erhalten bleibt, weil sie nicht so schnell abtrocknen (Prat et al., 2016). Trotz Sprühnebelanlage und Sprühinokulation, welche einen gleichmäßigen Befallsdruck erhalten sollen, sind kürzere Pflanzen somit einem größeren Infektionsdruck ausgesetzt (Prat et al., 2016). Außerdem wird beschrieben, dass wenn der Infektionsdruck sehr hoch ist, der positive Effekt der Wuchshöhe vermindert wird (Bürstmayr et al., 2012). Dieses Ergebnis, der signifikanten negativen Korrelation der Anfälligkeit mit der Wuchshöhe, erhielten auch Bürstmayr et al. (2012) Steiner et al. (2018), Prat et al. (2016), sowie Dürr (2014) bei der Untersuchung von drei Wintertriticale Populationen und König et al. (2016) mit den gleichen Durumlinien wie in der vorliegenden Masterarbeit.

In dieser Masterarbeit wurde eine schwache, aber signifikante positive Korrelation ($r = 0.23$) für das Blühdatum errechnet. Woraus zu schließen ist, dass ein spätes Blühdatum zu einer gering höheren Anfälligkeit führt. Dieser Zusammenhang ist jedoch mit Vorsicht zu interpretieren, denn eine Studie von Bürstmayr et al. (2012) ergab, dass die Befallsstärke (über alle Populationen) negativ mit dem Blühdatum korreliert war. Auch die Studie von Prat et al. (2016) lässt auf kein eindeutiges Ergebnis schließen, denn es wurden je nach

Population verschiedene schwach negative oder positive Korrelationskoeffizienten für die Korrelation von Anfälligkeit und Blühdatum errechnet. Es konnte kein direkter Zusammenhang zwischen dem Blühdatum und der Anfälligkeit erhoben werden. Dass das Blühdatum bezogen auf die Anfälligkeit nur einen geringen und nicht signifikanten Korrelationskoeffizienten ($r = 0.09$) aufwies, war auch in der Studie von Steiner et al. (2018) der Fall. Diese voneinander abweichenden Ergebnisse lassen vermuten, dass die Umwelteffekte, besonders die Temperatur zum Blühzeitpunkt, eine große Rolle spielen.

4.4 Bewertung der Genotypisierung für Fusariumresistenz und Wuchshöhe

Aufgrund der Überlappung der QTL in tetraploidem Weizen mit den QTL in hexaploidem Weizen wird eine gemeinsame genetische Basis für die Fusariumresistenz angenommen (Prat et al, 2014). Studien berichten die verbesserte Resistenz von Durumweizen durch Einkreuzung des QTL *Fhb1* aus hexaploidem Weizen in Durumweizen. Aber die Gene des anfälligen Elters haben auch eine große Auswirkung auf die Wirksamkeit des *Fhb1* QTL (Steiner et al., 2018). Die Studie von Prat et al. (2016) zeigte, dass der *Fhb1* QTL 5-16 % der phänotypischen Varianz erklärt. Außerdem wurde bestätigt, dass die Einkreuzung von QTL mit kleinen Effekten gleichzeitig mit dem *Fhb1* Allel möglich ist und anschließend kurze Pflanzen selektiert werden können. Jedoch wurde auch gezeigt, dass der Effekt des *Fhb1* QTL, die erhöhte Anfälligkeit kurzstrohiger Sorten nur teilweise kompensieren kann.

In dieser Studie zeigten die Marker für die Resistenz-QTL, *Xbarc167*, *Xgwm2* und *Xgwm493*, über alle Jahre über alle Kreuzungen, in denen sie polymorph sind, keinen signifikanten Unterschied für die Fusariumresistenz zwischen den Linien mit resistenten bzw. anfälligen Allelen auf. Einzig der Marker *Xumn10*, indikativ für *Fhb1*, zeigte einen signifikanten Unterschied ($p < \alpha$) für die Anfälligkeit auf. Die Wirkung der Resistenzgene hängt stark von der Umwelt ab, dadurch zeigen die gleichen Sorten in verschiedenen Umwelten unterschiedliche Anfälligkeit (Miedaner, 2012).

Laut Prat et al. (2014) wurden bis jetzt keine zu Sumai-3 vergleichbaren resistenten Akzessionen gefunden. Außerdem ist die Einkreuzung resistenter wilder Verwandter, aufgrund von „linkage drag“ schwierig. Viele Studien verwenden nur eine kleine Population um eine QTL Kartierung durchzuführen, was zu einer Überbewertung der QTL Effekte führt. Daher empfehlen Bürstmayr et al. (2009) viele Linien (>300) für die QTL Kartierung zu verwenden und viele Marker anzuwenden (kein größerer Abstand als >2 cM).

Laut Hedden und Sponsel (2015) steht das *Rht-B1b* Allel für eine SNP mutation. Diese Mutation in Zusammenhang mit einem Stop-Codon führt zu einer verminderten Empfindlichkeit gegenüber Gibberelin. Dadurch bleiben die Pflanzen klein und sind daher

einem höheren Infektionsdruck ausgesetzt. Außerdem unterliegt das *Rht-B1b* Allel einem pleiotropischen Effekt (ein Gen beeinflusst mehrere Merkmale). Zum Beispiel beeinflusst das besagte Allel die Antheren Extrusion negativ (Bürstmayr und Bürstmayr, 2016). Wenn die Antheren in den Ährchen stecken bleiben, sind die Pflanzen sehr anfällig für die Ährenfusariose, da die Antheren ein gutes Nährmedium für den Pilz darstellen (Prat et al., 2016). In dieser Masterarbeit wurde über alle Jahre ein signifikanter Unterschied ($p < \alpha$) zwischen dem *Rht-B1b* und dem *Rht-B1a* Allel für die Wuchshöhe festgestellt. 72.2 % ($=R^2$) der phänotypischen Varianz für die Wuchshöhe wurde durch die genotypische Varianz erklärt. Jene Linien mit dem *Rht-B1a* Allel waren durchschnittlich um 20 cm höher als jene Linien mit dem *Rht-B1b* Allel. Eine Studie von Bürstmayr et al. (2013) über die Durumlinien, entstanden aus der Kreuzung mit *T. dicoccoides*, zeigte einen großen Effekt des Kurzstrohgens auf die tatsächliche Pflanzenhöhe, denn 82 % der phänotypischen Varianz wurden dadurch erklärt. Es ergab sich eine durchschnittliche Differenz von 36 cm Wuchshöhe der homozygoten Pflanzen mit dem *Rht-B1b* Allel im Vergleich zu den homozygoten *Rht-B1a* Allelen. Außerdem wurde gezeigt, dass kurze Pflanzen mehr Befall aufwiesen. Auch in der Studie von Prat et al. (2016) erklärte der *Rht-B1* Marker zwischen 37 % und 95 % der Variation (je nach Population) der Wuchshöhe. Weitere Studien welche den großen Einfluss des Kurzstrohallel auf die Wuchshöhe bestätigen wurden von Bürstmayr et al. (2012) und Steiner et al. (2018) durchgeführt.

Die Varianzanalyse für die Fusariumresistenz der Linien über die Jahre bezogen auf die Allele des *Rht-B1* Markers zeigt einen signifikanten Unterschied ($p < \alpha$) zwischen den Allelen auf. Der Anteil der phänotypischen Variation für die Anfälligkeit der durch den *Rht-B1* Marker erklärt wird beträgt 15.7 %. Der Wert über die Jahre stimmt annähernd mit der Literatur überein. In der Studie von Prat et al. (2016) erklärte der *Rht-B1* Marker zwischen 19 % und 64 % der Variation (je nach Population) der Fusariumresistenz.

Die Varianzanalyse wurde nicht nur über alle Jahre durchgeführt, sondern auch nur für das Jahr 2018. Es wurde jedoch über alle Linien, in denen die Marker aussagekräftig sind, kein signifikanter Zusammenhang zwischen den Resistenzallelen und der tatsächlichen Anfälligkeit am Feld ermittelt. Diese Ergebnisse sind auf den hohen Befallsdruck zurückzuführen. Einzig für den *Rht-B1* Marker ergab sich ein signifikanter Zusammenhang, sowohl für die Wuchshöhe als auch für die Bonitur B3. Dabei wurden 18 % der phänotypischen Variation der Wuchshöhe durch die genotypische Variation erklärt. Für die Anfälligkeit lag das Bestimmtheitsmaß bei nur 3 %. Aufgrund der geringen Aussagekraft dieser Ergebnisse, wurden keine ANOVA-Tabellen und keine Boxplots für das Jahr 2018 gezeigt. Analysen über mehrere Jahre sind ohnehin zu bevorzugen, da es sich um eine quantitative Eigenschaft handelt, welche stark durch die Linie-Umwelt-Interaktion beeinflusst wird.

4.4.1 Bewertung der Genotypisierung einzelner Subpopulationen und Linien

Die Ergebnisse der Markeranalyse über einzelne Subpopulationen über alle Jahre zeigten nur bei den Subpopulationen 1 (T113) und 4 (T107) einen signifikanten Unterschied für die Anfälligkeit zwischen den Allelen für den Marker *Xumn10*. Insgesamt gibt es acht Linien die drei verschiedene Resistenzallele sowie das Kurzstrohhallel vereinen. Aus der weiteren Analyse ergab sich, dass eine Linie (T107.15) aus der Subpopulation 4 mehrere Resistenz-QTL (*Xgwm2*, *Xbarc167*, *Xumn10*) und das Kurzstrohhallel vereint. Die Aussagekraft der anderen Marker über die einzelnen Subpopulationen über alle Jahre konnte nicht bestätigt werden. Für das Jahr 2018 zeigte der Marker *Xgwm2* in der Subpopulation 1 (T113) einen signifikanten Unterschied zwischen den Allelen auf.

5 Schlussfolgerung

Die Züchtung auf Fusariumresistenz bei Durumweizen ist wichtig, um die Mykotoxinkontamination des Ernteguts gering zu halten und gleichzeitig den Ertragsverlust zu verringern. Die Resistenzzüchtung gegen die Ährenfusariose ist sehr schwierig, da es sich um eine quantitative Resistenz handelt und daher viele Gene, sowie die Umwelt bei der Resistenz eine große Rolle spielen. Außerdem führt die Einkreuzung resistenter Verwandter zu einem unerwünschten „linkage-drag“. Das heißt es werden auch unerwünschte Gene, die zum Beispiel den Ertrag vermindern, in das Elite-Material eingebracht. Deshalb wird meist eine Rückkreuzung mit den Elite-Eltern durchgeführt.

Diese Masterarbeit zielte auf die Evaluierung des Resistenzniveaus von Durumlinien, entstanden aus Kreuzungen resistenter, wilder Verwandter mit anfälligen Durum-Elite-Eltern, ab. Dieses Ziel wurde mittels Genotypisierung und Phänotypisierung sowie anschließender Analyse mit Rstudio verfolgt. Die Ergebnisse für das Jahr 2018 zeigten eine mittlere Heritabilität für die Anfälligkeit. Dies lässt auf eine große Linie-Umwelt-Interaktion schließen. Es wurde außerdem gezeigt, dass sehr viele Durumlinien im Jahr 2018 stark (> 80 %) befallen waren. Es sind aber auch wenige mäßig resistente Linien (10-50 % Befall) entstanden, welche wichtig für die weitere Resistenzzüchtung sind. Die Wuchshöhe zeigte, im Gegensatz zum Blühdatum, über die Jahre eine breite Varianz und eine mittelhohe Heritabilität. Dies ist auf Umwelteinflüsse zurückzuführen. Die Auswertung zeigte außerdem eine negative signifikante Korrelation zwischen der Wuchshöhe und der Anfälligkeit. Die Markeranalyse über alle Jahre zeigte nur für den *Xumn10* Marker, assoziiert mit dem Resistenz-QTL *Fhb1*, über alle Linien und über zwei einzelne Subpopulationen (T113, T107) einen signifikanten Unterschied für die Anfälligkeit zwischen den Allelen auf. Eine interessante Linie ist daher T107.15, da sie mehrere Resistenz-QTL (*Xgwm2*, *Xbarc167*, *Xumn10*) und das Kurzstrohhalle vereint. Die Markeranalyse für das Jahr 2018 über alle Linien zeigte nur für den *Rht-B1* Marker ein signifikantes Ergebnis. Sie bestätigt aber den signifikanten Unterschied für die Anfälligkeit zwischen den Allelen des Markers *Xgwm2* für die Subpopulation 1 (T113). Mit dieser Masterarbeit konnte außerdem der große Einfluss des *Rht-B1* Markers auf die Wuchshöhe und ein mittlerer Einfluss auf die Anfälligkeit für Ährenfusariose bestätigt werden.

Für die Validierung dieser Ergebnisse sind weitere Untersuchungen notwendig, um die Resistenz der Durumlinien in verschiedenen Umwelten und Jahren zu evaluieren. Weiters ist eine genomische Selektion zu empfehlen, da sie nicht nur QTL mit großen Effekten, sondern auch QTL mit kleinen Effekten mit einbezieht, was für die quantitative Resistenzzüchtung von großer Bedeutung ist.

6 Danksagung

Zuerst möchte ich mich bei meinen Betreuern Herrn Prof. Dr. Hermann Bürstmayr und Frau Dr. Barbara Steiner für die Leitung meiner Masterarbeit bedanken. Danke für die Klärung all meiner Fragen und die Anleitungen und Korrekturen im Laufe der Arbeit.

Außerdem bedanke ich mich herzlich bei den Damen im Labor: Dr. Maria Bürstmayr für die Aufsicht und Hilfe im Labor, Petra Schwarz, die mir immer mit Rat und Tat zur Seite stand und Simone Zimmerl für die Erklärung der DNA-Extraktion. Danke für die Geduld, die Erklärungen und die umfangreiche Hilfe.

Ein großer Dank geht auch an Dr. Sebastian Michel. Mit seiner Hilfe konnten die umfangreichen Ergebnisse in richtiger Weise analysiert werden. Danke für den Beistand bei diesem doch langwierigen Prozess.

Sebastian Michel und Christian Wagner möchte ich für die Sprühhinokulation am Feld danken.

Auch bei Matthias Fidesser und Evelyn Weissbacher möchte ich mich für den Feldanbau und die Beantwortung meiner Fragen diesbezüglich bedanken.

Ricarda Pernold danke ich für den Zusammenhalt und die gegenseitige Hilfe bei allen Unklarheiten.

Last but not least bedanke ich mich bei meiner Familie für die emotionale und finanzielle Unterstützung bei diesem Projekt, sowie meinem Freund Francesco, der in jeder Weise ein offenes Ohr für mich hatte.

Nur mit Hilfe all dieser Personen konnte diese umfangreiche Masterarbeit gelingen. Danke für alles!

7 Tabellenverzeichnis

Tabelle 1: Informationen zu den QTL in tetraploidem und hexaploidem Weizen und deren Effekt (nach Prat et al., 2014 und Bürstmayr et al., 2009).....	25
Tabelle 2: Kreuzungsplan	30
Tabelle 3: Legende des Kreuzungsplans.....	31
Tabelle 4: Bestandteile des CTAB-Puffers. Angaben für 2 x 96 Well Platten (0,6 mL/PCR-Tube)	33
Tabelle 5: Übersicht über die Chromosomen, die darauf angewandten Marker, die resistenten Eltern und die Resistenzdonoren	35
Tabelle 6: Informationen über die ausgewählten Marker und die resistenten Eltern	35
Tabelle 7: Sequenzen der Primer	35
Tabelle 8: Bestandteile des Mastermixes für die DNA-Amplifikation der SSR-Marker	37
Tabelle 9: Temperatureinstellungen für die DNA-Amplifikation der SSR (Hagenguth, 2016). ..	37
Tabelle 10: Bestandteile des Rht-Mastermixes	40
Tabelle 11: Temperatureinstellungen der PCR für SNP (Steiner et al., 2018b)	40
Tabelle 12: Boniturbogen für die Stärke des Fusarium-Befalls (Quelle: Mitt. Biol. Bundesanst. Land- Forstwirtsch. 374, 2000 Berlin, Deutschland).	44
Tabelle 13: Dargestellt sind die Varianzkomponenten, Heritabilität, Minimum, Mittelwert und Maximum bezogen auf die Fusariumanfälligkeit (Bonituren B3 und B4), auf die Area Under Disease Progress Curve (AUDPC3), auf die Wuchshöhe in Zentimetern und das Blühdatum (als Tage nach dem 1.Mai). Die Werte der einzelnen Jahre sowie die Werte über alle Jahre sind aufgelistet	49
Tabelle 14: Korrelation zwischen den Bonituren 1-4 für die Fusarienanfälligkeit, die Wuchshöhe (WUH) und das Blühdatum (Tage nach dem ersten Mai) über die Jahre 2016-2018. Signifikante Werte sind fett markiert.	54
Tabelle 15: Korrelation zwischen der Bonitur B3 für die Fusarienanfälligkeit und der Wuchshöhe (WUH) für das Jahr 2018. Da der Wert signifikant ist, ist er fett markiert.	55
Tabelle 16: Auswertung der Markerdaten der Eltern (oberste Zeile). In den ersten Spalten befinden sich die Art des Gels, die ausgewählten Marker, die Chromosomen auf welchen sie sich befinden, sowie die Auswertung der Ergebnisse. Die Zahlen (1-7) stellen die Allele dar und x bezeichnet einen fehlenden Wert.....	57
Tabelle 17: Genotypisierung der Elternlinien für drei Fusariumresistenz-QTL.....	57
Tabelle 18: Zusammengefasste Kreuzungen, die dazu gehörige Populationsnummer und die Anwendbarkeit der Marker auf den Populationen (✓=anwendbar, ✗=nicht anwendbar).....	58
Tabelle 19: Ergebnisse der ANOVA und das angepasste Bestimmtheitsmaß (R^2) für das Auftreten der Ährenfusariose über alle Jahre bezogen auf den Marker <i>Xbarc167</i>	65
Tabelle 20: Ergebnisse der ANOVA und das angepasste Bestimmtheitsmaß (R^2) für das Auftreten der Ährenfusariose über alle Jahre bezogen auf den Marker <i>Xgwm2</i>	65
Tabelle 21: Ergebnisse der ANOVA und das angepasste Bestimmtheitsmaß (R^2) für das Auftreten der Ährenfusariose über alle Jahre bezogen auf den Marker <i>Xgwm493</i>	66

Tabelle 22: Ergebnisse der ANOVA und das angepasste Bestimmtheitsmaß (R^2) für das Auftreten der Ährenfusariose über alle Jahre bezogen auf den Marker <i>Xumn10</i>	66
Tabelle 23: Ergebnisse der ANOVA und das angepasste Bestimmtheitsmaß (R^2) für die Wuchshöhe bezogen auf den Marker <i>Rht-B1</i>	66
Tabelle 24: Zusammenfassung für den <i>Rht-B1</i> Marker bezogen auf die Wuchshöhe.	66
Tabelle 25: Ergebnisse der ANOVA und das angepasste Bestimmtheitsmaß (R^2) für das Auftreten der Ährenfusariose bezogen auf den Marker <i>Rht-B1</i>	67
Tabelle 26: Signifikante Ergebnisse der Varianzanalyse für die Bonitur B3 für alle Marker, außer dem <i>Rht-B1</i> Marker, für die einzelnen Subpopulationen über die Jahre 2016-2018 ..	67
Tabelle 27: Linien mit dem Kurzstrohhalle und unterschiedlicher Anzahl an Resistenzloci.....	72

8 Abbildungsverzeichnis

Abbildung 1: Entstehung des Brotweizens und des Durumweizens (Newhallmill, 2018)	10
Abbildung 2: Durumweizenanbaugebiete in Österreich (Statistik Austria, 2018).....	12
Abbildung 3: Durumweizenanbaufläche in Österreich in den Jahren 2001-2018. Eigene Darstellung aus den Daten der Agrarmarkt Austria (AMA, 2017)	12
Abbildung 4: Befallene Ähre, helle Ährchen sind infiziert (links, eigenes Bild) und befallene Schmachtkörner mit rosa Pilzmycel (rechts) (Schmale und Bergstrom 2003)	14
Abbildung 5: Infektionsweg von <i>F. culmorum</i> (APS, 2018)	15
Abbildung 6: Makrokonidien von <i>F. culmorum</i> (Barron, 2013)	17
Abbildung 7: Schneeschimmel an der Ähre (BASF, 2019).....	18
Abbildung 8: Chromosomen mit QTL für die Resistenz gegen Ährenfusariose. Die Resistenzträger sind eingezeichnet und die QTL Positionen auf den Chromosomen sind angegeben (Prat et al., 2014)	25
Abbildung 9: Codominante Marker (a) können zwischen homozygoten und heterozygoten Allelen unterscheiden. Dominante Marker (b) können diese Allele nicht unterscheiden, da sie ein Nullallel aufweisen (Collard et al., 2005).	26
Abbildung 10: Resistente Eltern: (A) <i>T. dicoccoides</i> , (B) <i>T. dicoccoides</i> Akzession I18, (C) <i>T. dicoccoides</i> Akzession I19, (D) <i>T. dicoccum</i> , (E) Sumai-3, (F) DBC 480-1 (König et al., 2016)..	30
Abbildung 11: Anfällige Elite-Eltern: (A) Durobonus, (B) SDZ1029K, (C) Karur, (D) Floradur (König et al., 2016)	30
Abbildung 12: Links: Ernten der Blätter, rechts: Pflanzenmaterial in einer 96 Well Platte.....	32
Abbildung 13: Links: Phasentrennung bei der DNA-Extraktion: oben: wässrige Phase inklusive DNA, Mitte: denaturierte Proteine, unten: organische Phase. Rechts: DNA-Pellets am Ende der Extraktion	34
Abbildung 14: C.B.S. Elektrophoresekammer.	39
Abbildung 15: Monatliche mittlere Niederschlagssumme [mm] und monatliche mittlere Temperatur [°C] in der Vegetationsperiode von März bis Juni in Tulln 2018 verglichen mit den Daten von 1971 -2000 (Daten von ZAMG, 2018; BOKU Department für Nutzpflanzenwissenschaften)	41
Abbildung 16: Täglicher mittlerer Niederschlag [mm] und tägliche mittlere Temperatur [°C] in der Vegetationsperiode von 26.03.2018 bis 06.07.2018 im 7 Tages Intervall (Daten vom BOKU Department für Nutzpflanzenwissenschaften)	41
Abbildung 17: Inokulation mit <i>Fusarium culmorum</i> und Einsatz der Sprühnebelanlage	43
Abbildung 18: Beginnender Fusarienbefall bei <i>T. durum</i> , 14 Tage nach der Blüte.	44
Abbildung 19: Histogramm über die Anzahl der Linien für die Mittelwerte bezogen auf den Befall mit Ährenfusariose, 22 Tage nach der Blüte (2016 und 2018). Die jeweilige Befallsausprägung der resistenten und anfälligen Eltern ist mit Pfeilen dargestellt. Außerdem ist der Mittelwert aller Linien rechts oben angegeben	50
Abbildung 20: Verteilung der Linien im Jahr 2018 bezogen auf den Prozentsatz der befallenen Ährchen 22 Tage nach der Blüte [%]. Die Anfälligkeit der resistenten und	

anfälligen Eltern ist mit Pfeilen angegeben. Rechts oben befindet sich der Mittelwert mit 80 % Befall	51
Abbildung 21: Häufigkeitsverteilung der Linien bezogen auf die Mittelwerte der Wuchshöhe über die Jahre 2016 bis 2018	52
Abbildung 22: Anzahl der Linien bezogen auf die Wuchshöhe (2018)	53
Abbildung 23: Anzahl der Linien für die Mittelwerte bezogen auf das Blühdatum, als Tage nach dem ersten Mai (2016-2018).....	53
Abbildung 24: Anzahl der Linien bezogen auf das Blühdatum im Jahr 2018.....	54
Abbildung 25: Korrelation zwischen der Wuchshöhe [cm] und der Befallsschwere, 22 Tage nach der Blüte [%] über die Jahre 2016-2018.....	55
Abbildung 26: Zusammenhang zwischen dem Blühzeitpunkt der Durumlinsen und dem Prozentsatz der befallenen Ährchen, 22 Tage nach der Blüte (2016-2018).....	56
Abbildung 27: PCR-Produkte des Markers <i>Xbarc167</i> auf der Polyacrylamid Gelelektrophorese (1= resistent, 2/3=anfällig, h=heterozygot, x=fehlender Wert, e=leer). Die resistenten Eltern für den Marker <i>Xbarc167</i> sind die I17 und I18 Linien.....	59
Abbildung 28: Allele der anfälligen (2/3), resistenten (1) (I17, I18 Linien) und heterozygoten (h) Linien des Markers <i>Xbarc 167</i> im Zusammenhang mit dem tatsächlichen Befall, 22 Tage nach der Blüte, über alle Jahre. Dargestellt sind jene Linien, bei denen die resistenten von den anfälligen Linien unterschieden werden konnten. Gleiche Buchstaben über den Boxplots beziehen sich auf einen nicht signifikanten Unterschied zwischen den Linien ($\alpha = 5\%$).....	60
Abbildung 29: PCR-Produkte des Markers <i>Xgwm2</i> auf der Polyacrylamid Gelelektrophorese. (1=anfällig, 2=resistent, h=heterozygot, x=fehlender Wert). Die resistenten Eltern für den Marker <i>Xgwm2</i> sind die I19 Linien.....	60
Abbildung 30: Allele der anfälligen (1), resistenten (2), und heterozygoten (h) Linien des Markers <i>Xgwm2</i> in Zusammenhang mit dem tatsächlichen Befall, 22 Tage nach der Blüte, über alle Jahre. Dargestellt sind jene Linien, bei denen die resistenten von den anfälligen Linien unterschieden werden konnten. Gleiche Buchstaben über den Boxplots beziehen sich auf einen nicht signifikanten Unterschied zwischen den Linien ($\alpha = 5\%$)	61
Abbildung 31: PCR-Produkte des Markers <i>Xgwm493</i> auf der Polyacrylamid Gelelektrophorese (1=resistent, 2=anfällig, h=heterozygot hw=schwach heterozygot, x=fehlender Wert). Die resistenten Eltern für den Marker <i>Xgwm493</i> sind die Heli und Flora Linien	61
Abbildung 32: Allele der anfälligen (1 und 3), resistenten (2) und heterozygoten (h) Linien des Markers <i>Xgwm493</i> in Zusammenhang mit dem tatsächlichen Befall, 22 Tage nach der Blüte, über alle Jahre. Dargestellt sind jene Linien, bei denen die resistenten von den anfälligen Linien unterschieden werden konnten. Gleiche Buchstaben über den Boxplots beziehen sich auf einen nicht signifikanten Unterschied zwischen den Linien ($\alpha = 5\%$).....	62
Abbildung 33: PCR-Produkte des Markers <i>Xumn10</i> (unten im Bild) inklusive <i>BE 425 161</i> (oben im Bild) auf der Polyacrylamid Gelelektrophorese (0=anfällig, 2=resistent, f=fehlender Wert). Der resistente Eltern für den Marker <i>Xumn10</i> ist die DBC480-1 Linie	62

Abbildung 34: Allele der anfälligen (0) bzw. resistenten (2) Linien des Markers <i>Xumn10</i> in Zusammenhang mit dem tatsächlichen Befall, 22 Tage nach der Blüte, über alle Jahre. Dargestellt sind jene Linien, bei denen die resistenten von den anfälligen Linien unterschieden werden konnten. Verschiedene Buchstaben über den Boxplots beziehen sich auf einen signifikanten Unterschied zwischen den Linien ($\alpha = 5\%$).....	63
Abbildung 35: KASP-Marker Analyse mit dem <i>Rht-B1</i> Marker: Die orangen Kreise wurden als <i>Rht-B1a</i> Allel der resistenten, langstrohigen Linie DBC480-1 zugeordnet. Die blauen Quadrate zeigen das <i>Rht-B1b</i> Allel der anfälligen, kurzstrohigen Sorte Durobonus. Die grünen Dreiecke wurden als Heterozygote bezeichnet und die schwarzen Rechtecke enthalten Wasser.	64
Abbildung 36: Zusammenhang zwischen der Markeranalyse mit dem <i>Rht-B1</i> Marker und der gemessenen Wuchshöhe über alle Jahre. Das Allel 1 bezeichnet das Kurzstrohallen <i>Rht-B1b</i> und das Allel 2 bezeichnet das Langstrohallen <i>Rht-B1a</i> . Das lange <i>Rht-B1</i> Allel <i>Rht-B1a</i> (der Wildtyp) ist dominant. Verschiedene Buchstaben über den Boxplots beziehen sich auf einen signifikanten Unterschied zwischen den Linien ($\alpha = 5\%$).....	64
Abbildung 37: Zusammenhang zwischen dem <i>Rht</i> -Marker und der Anfälligkeit gegenüber der Ährenfusariose (Allel1= <i>Rht-B1b</i> =kurzstroh-Allel, Allel 2= <i>Rht-B1a</i> =langstroh-Allel) über alle Jahre. Verschiedene Buchstaben über den Boxplots beziehen sich auf einen signifikanten Unterschied zwischen den Linien ($\alpha = 5\%$)	65
Abbildung 38: Befallsausprägung [%], 22 Tage nach der Blüte, über alle Jahre bezugnehmend auf die Allele (1=anfällig, 2=resistent, h=heterozygot) des <i>Xgwm2</i> Markers der Subpopulation 4. Gleiche Buchstaben über den Boxplots weisen auf keinen signifikanten Unterschied hin ($\alpha=0.05$)	68
Abbildung 39: Allele (0=anfällig, 2=resistent) des Markers <i>Xumn10</i> bezogen auf die Anfälligkeit [%], 22 Tage nach der Blüte, über alle Jahre für die Subpopulation 1. Verschiedene Buchstaben über den Boxplots weisen auf einen signifikanten Unterschied zwischen den Allelen hin ($\alpha=0.05$)	69
Abbildung 40: Allele (0=anfällig, 2=resistent) des Markers <i>Xumn10</i> bezogen auf die Anfälligkeit [%], 22 Tage nach der Blüte, über alle Jahre für die Subpopulation 4. Verschiedene Buchstaben über den Boxplots weisen auf einen signifikanten Unterschied mit ($p<\alpha$) zwischen den Allelen hin	69
Abbildung 41: Allele (1=anfällig, 2=resistent, h=heterozygot) des Markers <i>Xgwm2</i> bezogen auf die Anfälligkeit [%] 22 Tage nach der Blüte für die Subpopulation 1. Verschiedene Buchstaben über den Boxplots weisen auf einen signifikanten Unterschied mit ($p<\alpha$) zwischen den Allelen hin.	70
Abbildung 42: Allele (1= <i>Rht-B1b</i> =kurz, 2= <i>Rht-B1a</i> =lang) des <i>Rht-B1</i> Markers der Subpopulation 1 bezogen auf die Anfälligkeit, 22 Tage nach der Blüte, über alle Jahre. Verschiedene Buchstaben über den Boxplots weisen auf einen signifikanten Unterschied mit ($p<\alpha$) zwischen den Allelen hin.	71

Abbildung 43: Allele (1=*Rht-B1b*=kurz, 2=*Rht-B1a*=lang) des *Rht-B1* Markers der Subpopulation 4 bezogen auf die Anfälligkeit, 22 Tage nach der Blüte, über alle Jahre. Verschiedene Buchstaben über den Boxplots weisen auf einen signifikanten Unterschied mit ($p < \alpha$) zwischen den Allelen hin. 72

9 Quellenangabe

Agrios G (2005) Plant Pathology. 5. Auflage . Academic Pres., Burlington, USA

AMA (2017) Anbauflächen inklusive Bioflächen in Österreich 2004-2017. Stand: 09.01.2019.
<https://www.ama.at/Marktinformationen/Getreide-und-Olsaaten/Produktion>

AMA (2018) Getreideanbauflächen in Österreich 2018 (inkl. Bioflächen). Stand: 09.01.2019.
<https://www.ama.at/Marktinformationen/Getreide-und-Olsaaten/Produktion>

Anderson JA, Chao S und Liu S. (2007): Molecular Breeding Using a Major QTL for Fusarium Head Blight Resistance in Wheat. Crop Science. USA. pp.112-119

APS (2018) Fusarium head blight (FHB) or scab. Stand: 11.02.2019.
<https://www.apsnet.org/edcenter/intropp/lessons/fungi/ascomycetes/Pages/Fusarium.aspx>

APS (2019) Calculating the area under the disease progress curve to quantify disease progress. Stand: 01.03.2019.
<http://www.apsnet.org/EDCENTER/ADVANCED/TOPICS/ECOLOGYANDEPIDEMIOLOGYINR/DISEASEPROGRESS/Pages/AUDPC.aspx>

Barron G (2013): Fusarium culmorum. Stand 09.01.2019.
<https://atrium.lib.uoguelph.ca/xmlui/handle/10214/6081>

BASF (2019) Schneeschimmel-Infektionen vermeiden. Stand: 09.01.2019.
https://www.agrar.basf.de/agroportal/de/de/produkte_/kulturen/getreide/schneeschimmel_infektionen_vermeiden.html

Becker H (2011) Pflanzenzüchtung. 2. Auflage. Eugen Ulmer KG. Stuttgart, Deutschland

Bernardo R (2010) Breeding for Quantitative Traits in Plants. Second Edition. Stemma Press. Woodbury, USA

Bernardo R (2014) Essentials of Plant Breeding. Stemma Press. Woodbury, USA

BMNT (2018): Getreideanbau und Getreidearten in Österreich, Stand: 04.12.2018.
<https://www.bmnt.gv.at/land/produktion-maerkte/pflanzliche-produktion/getreide/Getreide.html>

Boldt B (2017) Mit Zuchtwerten schneller zu neuen Gerstensorten, Stand: 05.12.2018.
<https://biooekonomie.de/mit-zuchtwerten-schneller-zu-neuen-gerstensorten>

- Börner H (2009) Pflanzenkrankheiten und Pflanzenschutz. 8.Auflage. Springer-Verlag. Berlin Heidelberg
- Bundesforschungs- und Ausbildungszentrum für Wald, Naturgefahren und Landschaft (2018) eBod - Digitale Bodenkarte von Österreich. Stand: 06.12.2018. http://gis.lebensministerium.at/eBOD/frames/index.php?&gui_id=eBOD
- Bürstmayr H, Adam G, and Lemmens M (2012) Resistance to Head Blight Caused by *Fusarium* spp. in Wheat. In: Sharma (Hrsg) Disease Resistance in Wheat. CAB International, Oxfordshire, UK, pp. 236–276
- Bürstmayr H, Ban T, Anderson J A (2009) QTL mapping and marker-assisted selection for *Fusarium* head blight resistance in wheat: a review. *Plant Breeding* 128:1-26. Blackwell Verlag, Berlin.
- Bürstmayr M, Bürstmayr H (2016) The semi-dwarfing alleles *Rht-D1b* and *Rht-B1b* show marked differences in their associations with anther-retention in wheat heads and with *Fusarium* head blight susceptibility. *Phytopathology* 106:1544 - 1552
- Bürstmayr H, Bürstmayr M, Schweiger W, and Steiner B (2014) Breeding for resistance to head blight caused by *Fusarium* spp. in wheat. *CAB Reviews* 9, No. 007
- Bürstmayr H, Lemmens M, Hartl L, Doldi L, Seiner B, Stierschneider M, Ruckenbauer P (2002) Molecular mapping of QTLs for *Fusarium* head blight resistance in spring wheat. I. Resistance to fungal spread (Type II resistance). Springer-Verlag. *Theor Appl Genet* 104:84–91
- Bürstmayr H, Steiner B, Hartl L, Griesser M, Angerer N, Lengauer D, Miedaner T, Schneider B, Lemmens M (2003) Molecular mapping of QTLs for *Fusarium* head blight resistance in spring wheat. II. Resistance to fungal penetration and spread. Springer-Verlag. *Theor. Appl. Genet* 107:503-8
- Bürstmayr M, Alimari A, Steiner B, Buerstmayr H (2013) Genetic mapping of QTL for resistance to *Fusarium* head blight spread (type 2 resistance) in a *Triticum dicoccoides* × *Triticum durum* backcross-derived population. In: Springer-Verlag Berlin Heidelberg, *Theor Appl Genet* 126:2825–2834
- Bürstmayr M, Huber K, Heckmann J, Steiner B, Nelson JC, Buerstmayr H (2012) Mapping of QTL for *Fusarium* head blight resistance and morphological and developmental traits in three backcross populations derived from *Triticum dicoccum* × *Triticum durum*. In: Springer-Verlag Berlin Heidelberg, *Theor Appl Genet* 125:1751–1765

- Collard BCY, Brouwer JB, Jahufer Z, Pang ECK (2005) An introduction to markers, quantitative trait loci (QTL) mapping and marker-assisted selection for crop improvement: The basic concepts. Springer, *Euphytica* (2005) 142: 169–196
- Covarrubias-Pazaran G (2018) Quantitative genetics using the sommer package. Stand: 31.12.2018. <https://cran.r-project.org/web/packages/sommer/vignettes/sommer.pdf>
- Diepenbrock W, Ellmer F, Leon J. (2009) Ackerbau, Pflanzenbau und Pflanzenzüchtung. Grundwissen Bachelor. 2. Auflage. Eugen Ulmer KG, Stuttgart
- Dürr SR (2014) Evaluation of three winter triticale (x Triticosecale Wittmack) populations and a collection of triticale cultivars and breeding lines for resistance against Fusarium head blight. Masterarbeit, Universität für Bodenkultur Wien
- Ellis M, Spielmeier W, Gale K, Rebetzke G, Richards R (2002) “Perfect” markers for the Rht-B1b and Rht-D1b dwarfing genes in wheat. *Theor Appl Genet* 105:1038–1042
- Gerres R (2013) Testen von Antagonisten gegen die Ährenfusariose auf Weizen im Glashaus - „Screening von Kandidaten Antagonisten gegen die Ährenfusariose“. Dissertation, Universität für Bodenkultur Wien
- Gladysz C (2016) Pflanzenzüchtung – Aktivitäten bei Saatbau Linz und Saatzucht Donau, PPP
- Hedden P, Sponsel V (2015) A century of gibberellin research. *J Plant Growth Regul* 34:740–760
- Hoffmann G M und Schmutterer H (1983) Parasitäre Krankheiten und Schädlinge an landwirtschaftlichen Kulturpflanzen. Eugen Ulmer, Stuttgart, Deutschland
- Kearsey M J (1998) The principles of QTL analysis (a minimal mathematics approach). *Journal of Experimental Botany* 49:1619-1623
- König M, Maier M und Schlagitweit (2016) Evaluation of durum wheat accessions for Fusarium Head Blight resistance. Bachelorarbeit, Universität für Bodenkultur Wien
- Kück U, Nowrousian M, Hoff B, Engh I (2009) Schimmelpilze: Lebensweise, Nutzen, Schaden, Bekämpfung. 3. Auflage. Springer Verlag, Berlin Heidelberg
- Leonard K J und Bushnell W R (2003) Fusarium Head Blight of Wheat and Barley. The American Phytopathological Society. St. Paul, Minnesota, USA
- Meksem K und Kahl G (2005) The Handbook of Plant Genome Mapping. Genetic and Physical Mapping. Wiley-VCH Verlag. Weinheim

- Miedaner T (2010) Grundlagen der Pflanzenzüchtung. DLG-Verlags-GmbH. Frankfurt am Main, Deutschland
- Miedaner T (2012) Mykotoxine in Weizen und Mais – Fusarien erfolgreich vorbeugen. DLG-Verlag. Frankfurt am Main, Deutschland
- Miedaner T (2017) Pflanzenkrankheiten die die Welt beweg(t)en. Springer-Verlag. Berlin Heidelberg, Deutschland
- Miedaner T, Longin CFH (2014) Genetic variation for resistance to Fusarium head blight in winter durum material. *Crop & Pasture Science* 65:46–51
- Newhallmill (2018) The Evolution of Wheat – Introduction, Stand: 06.12.2018. <http://www.newhallmill.org.uk/wht-evol.htm>
- Nielsen L K, Justesen A F, Jensen J D und Jorgensen L N (2013) *Microdochium nivale* and *Microdochium majus* in seed samples of Danish small grain cereals. *Crop Protection* 43:192-200
- Parry D (1990) Plant pathology in agriculture. Cambridge University Press. Cambridge
- Pflanzenforschung (2019) Linkage Disequilibrium / Kopplungsungleichgewicht (LD). Stand 27.02.2019 <https://www.pflanzenforschung.de/de/themen/lexikon/linkage-disequilibrium-kopplungsungleichgewicht-ld-10254>
- Poehling und Verreet (2013): Lehrbuch der Phytomedizin. 4. Auflage. Eugen Ulmer KG. Stuttgart
- Prat N, Bürstmayr M, Steiner B, Robert O und Bürstmayr H (2014) Current knowledge on resistance to Fusarium head blight in tetraploid wheat. *Mol Breeding* 34: 1689-1699.
- Prat N, Guilbert C, Prah U, Wachter E, Steiner B, Langin T, Robert O, Buerstmayr H (2016) QTL mapping of Fusarium head blight resistance in three related durum wheat populations. *Theor Appl Genet* 130:13–27
- Proplanta (2018) SommerDurumweizen Karur. Stand: 09.11.2018. https://www.proplanta.de/Pflanzenbauberater/Sorten/2014-Karur-SommerDurumweizen_sks_j_l_673HWS12014.html

- Qi L L, Pumphrey M O, Friebe B, Chen P D und Gill B S (2008) Molecular cytogenetic characterization of alien introgressions with gene Fhb3 for resistance to Fusarium head blight disease of wheat. *Theor Appl Genet* 117:1155–1166
- Saatzucht-Donau (2018) Registrierte Sorten. Stand: 20.12.2018. <http://www.saatzucht-donau.at/deutsch/sorten/sorten.htm>
- Saghai-Marouf MA, Soliman KM, Jorgensen RA, Allard RW (1984) Ribosomal DNA spacer-length polymorphisms in barley: mendelian inheritance, chromosomal location, and population dynamics. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America* 81:8014–8018
- Schmale D G und Bergstrom G C (2003): Fusarium head blight in wheat. In: *The Plant Health Instructor*
- Schuelke M (2000) An economic method for the fluorescent labeling of PCR fragments. Nature America Inc. Deutschland, Berlin
- Statistik Austria (2018) Feldfrüchte – Feldfruchternte 2017, Stand: 04.12.2018. http://www.statistik.at/web_de/statistiken/wirtschaft/land_und_forstwirtschaft/agr_arstruktur_flaechen_ertraege/feldfruechte/index.html
- Steiner B, Bürstmayr M, Michel S, Schweiger W, Lemmens M, Bürstmayr H (2017) Breeding strategies and advances in line selection for Fusarium head blight resistance in wheat. *Trop. plant pathol.* 42:165–174
- Steiner B, Bürstmayr M, Schleder T, Zimmerl S (2018b) *Molecular Plant Breeding Practical. Übungsunterlagen*, BOKU, IFA-Tulln
- Steiner B, Michel S, Maccaferri M, Lemmens M, Tuberosa R, Bürstmayr H (2018) Exploring and exploiting the genetic variation of Fusarium head blight resistance for genomic-assisted breeding in the elite durum wheat gene pool. *Theoretical and Applied Genetics*
- Strelec H, Laaha G, Leisch F, Spangl B (2017) *Statistik Skriptum Boku*
- Summers R W und Brown J K M (2013) Constraints on breeding for disease resistance in commercially competitive wheat cultivars. *Plant Pathology* 62, 115-121
- USDA GrainGenes (2018) A Database for Triticeae and Avena. <http://wheat.pw.usda.gov/cgi-bin/GG3/report.cgi?class=marker&name=&id=66522>. Stand: 19.12.2018

- Van Eeuwijk E A, Mesterhazy A, Kling C I, Ruckebauer P, Saur L, Bürstmayr H, Lemmens M, Keizer L C R, Maurin N, Snijders H A (1995) Assessing non-specificity of resistance in wheat to head blight caused by inoculation with European strains of *Fusarium culmorum*, *F. graminearum* and *F. nivale* using a multiplicative model for interaction. *Theor Appl Genet* 90: 221-228
- Willam A und Simianer H (2017) *Tierzucht*, 2. Auflage, Eugen Ulmer KG, Stuttgart
- WUR (2018) Characteristics of genetic markers: Codominance of alleles, Stand: 30.6.18. <https://www.wur.nl/en/show/Characteristics-of-genetic-markers-Codominance-of-alleles.htm>
- Xue S, Guoqiang L, Jia H, Xu F, Lin F, Tang M, Wang Y, An X, Xu H, Zhang L, Kong Z, Ma Z (2010) Fine mapping Fhb4, a major QTL conditioning resistance to Fusarium infection in bread wheat (*Triticum aestivum* L.). *Theor Appl Genet* 121:147–156
- Xue SL, Xu F, Tang MZ, Zhou Y, Li GQ, An X, Lin F, Xu HB, Jia HY, Zhang LX, Kong ZX, Ma ZQ (2011) Precise mapping Fhb5, a major QTL conditioning resistance to Fusarium infection in bread wheat (*Triticum aestivum* L.). *Theor Appl Genet* 123:1055–1063
- ZAMG (2018) Klimadaten von Österreich 1971 - 2000, Stand: 06.12.2018. http://www.zamg.ac.at/fix/klima/oe71-00/klima2000/klimadaten_oesterreich_1971_frame1.htm
- Zhao M, Leng Y, Chao S, Xu SS, Zhong S (2018) Molecular mapping of QTL for Fusarium head blight resistance introgressed into durum wheat. *Theor Appl Genet* 131: 1939–1951
- Zhenqi S, Sujuan J, Dadong Z, Guihua B (2018): Development and validation of diagnostic markers for Fhb1 region, a major QTL for Fusarium head blight resistance in wheat. *Theoretical and Applied Genetics* 131:2371-2380

10 Anhang

10.1 Mittelwerte und Allelbewertungen aller Drumlinien

Anhang 1: Mittelwerte über alle Jahre für die Eigenschaften Wuchshöhe [cm], Boniturzeitpunkte, Befallsverlaufskurve (AUDPC zur Bonitur B3) und Blühdatum (Tage nach dem ersten Mai). Sowie Allelbewertungen der Markern *Rht-B1*, *Xgwm2*, *Xgwm493*, *Xumn10*, *Xbarc167* (Resistenzallel=2, außer bei *Xbarc167*: Resistenzallel=1, h=heterozygot, NA=nicht verfügbar, *Rht-B1* Marker: Allel 1= *Rht-B1b*=kurzstroh-Allel, Allel 2= *Rht-B1a*=langstroh-Allel)

Linie	WUH	B1	B2	B3	B4	AUDPC3	Datum	<i>Rht-B1</i>	<i>Xgwm2</i>	<i>Xgwm493</i>	<i>Xumn10</i>	<i>Xbarc167</i>
R209.10	98	10	23	34	45	300	37	2 h	NA		0	2
R209.11	98	7	19	32	41	251	36	2	2	1	0	3
R209.12	89	17	30	39	45	396	37	2	1	1	0	3
R209.13	88	18	24	34	40	359	36	2	1	2	2	2
R209.14	93	9	18	27	37	242	37	2	1	2	2	3
R209.15	91	14	24	31	44	314	37	2	2	2	2	3
R209.16	94	9	21	32	42	278	37	2	2	1	0	3
R209.17	101	10	21	32	39	283	36	2	2	1	0	2
R209.18	92	13	23	37	44	327	37	2	1	1	0	3
R209.19	94	10	21	32	39	282	36	2	2	2	0	3
R209.2	93	12	19	30	37	277	37	2	1	2	2 h	
R209.20	99	13	23	29	44	295	37	2 NA		1	0	2
R209.21	88	9	22	30	37	275	36	2	1	2	2	3
R209.22	95	11	25	34	43	314	35	2	2	2	0	2
R209.23	81	13	19	32	44	290	37	NA	NA	NA	NA	NA
R209.24	96	1	15	30	38	189	35	2	1	1	2	3
R209.25	70	15	22	34	40	329	36	1	2	1	0	2
R209.26	99	17	24	30	37	329	36	2	1	1	2	2
R209.27	91	3	12	23	36	160	35	2	2	1	0	2
R209.28	101	12	19	37	44	303	37	NA	NA	NA	NA	NA
R209.3	94	18	26	39	42	387	37	NA		2	2	3
R209.4	96	17	27	33	39	299	37	2	2	2	2	3
R209.5	102	15	24	34	39	338	37	2	1	1	0	2
R209.6	96	12	28	39	48	350	38	2	1	1	0	3
R209.7	96	9	21	34	41	280	38	2	2	2 NA		3
R209.8	95	12	22	32	40	297	37	2	2	1	2 h	
R209.9	92	19	32	37	39	339	37	2	2	2 NA		2
R210.1	99	8	16	29	34	237	36	2	1 NA		0	1
R210.10	71	11	21	47	44	344	37	NA	NA	NA	NA	NA
R210.11	91	15	21	32	39	312	37	NA	NA	NA	NA	NA
R210.12	76	10	18	27	34	245	35	NA	NA	NA	NA	NA
R210.2	83	6	11	27	38	192	36	1	1	1	0	1
R210.3	98	0	8	20	39	114	34	h		1 h	0	1
R210.4	82	15	22	33	41	325	36	1	1	1	0	1

Linie	WUH	B1	B2	B3	B4	AUDPC3	Datum	Rht-B1	Xgwm2	Xgwm493	Xumn10	Xbarc167
R210.5	80	8	27	31	43	284	35	1	1	NA	0	1
R210.6	81	11	21	37	34	301	35	NA	NA	NA	NA	NA
R210.7	81	11	21	32	34	281	35	NA	NA	NA	NA	NA
R210.8	81	11	21	37	34	301	35	NA	NA	NA	NA	NA
R210.9	76	11	31	42	44	364	35	NA	NA	NA	NA	NA
R212.1	96	14	32	39	40	376	37	2	1	3	0	NA
R212.10	56	15	21	42	44	352	37	NA	NA	NA	NA	NA
R212.11	76	11	21	37	44	301	35	NA	NA	NA	NA	NA
R212.12	76	15	31	42	44	392	37	NA	NA	NA	NA	NA
R212.13	71	20	36	47	74	467	37	NA	NA	NA	NA	NA
R212.2	103	11	22	30	35	287	37	2	1	2	0	1
R212.3	106	6	14	24	49	191	37	2	1	2	0	1
R212.4	69	28	39	49	64	543	39	1	1	NA	0	1
R212.5	99	5	14	24	38	184	37	2	1	2	0	1
R212.6	79	6	19	30	45	238	38	2	1	2	0	1
R212.7	106	13	19	32	39	290	37	NA	NA	NA	NA	NA
R212.8	71	12	21	57	84	391	43	NA	NA	NA	NA	NA
R212.9	61	15	26	37	44	352	37	NA	NA	NA	NA	NA
R219.1	102	3	18	25	42	196	35	2	1	1	0	NA
R219.2	99	7	20	33	45	257	36	2	1	1	0	1
R219.3	88	4	11	29	38	187	34	NA	2	1	2	1
R219.4	88	12	19	27	39	264	35	2	2	1	2	1
R219.5	66	24	32	42	54	461	36	1	1	1	0	1
R219.6	94	4	12	32	43	200	36	NA	NA	1	NA	NA
R219.7	92	13	18	30	41	285	37	2	h	1	0	1
R221.1	61	17	30	34	47	374	35	1	1	1	2	1
R221.3	68	24	33	46	62	484	36	1	1	1	2	1
R221.4	64	6	25	41	60	302	36	1	1	1	2	1
R221.5	68	5	15	42	63	262	38	1	1	1	2	1
S171.1	77	9	22	31	41	276	35	1	1	1	0	1
S171.10	76	12	24	29	40	294	36	1	1	1	NA	h
S171.11	68	14	30	37	40	360	35	1	1	1	0	1
S171.12	77	12	22	34	47	308	35	1	1	1	0	1
S171.13	68	10	27	33	46	310	35	1	1	1	0	1
S171.14	72	13	24	32	40	319	35	1	1	1	0	1
S171.15	82	8	17	28	43	231	35	1	1	1	0	1
S171.16	78	12	24	35	42	317	36	1	1	1	0	1
S171.17	83	4	12	23	41	163	34	1	1	1	0	1
S171.18	76	11	20	25	62	256	37	1	1	1	0	1
S171.19	77	10	21	38	46	303	36	1	1	1	0	2
S171.2	78	10	20	30	41	272	36	1	1	1	0	1
S171.20	76	11	23	31	45	288	36	1	1	1	0	1
S171.21	79	6	17	27	40	219	35	1	1	1	0	1
S171.22	75	10	27	40	52	339	36	1	1	1	0	1

Linie	WUH	B1	B2	B3	B4	AUDPC3	Datum	Rht-B1	Xgwm2	Xgwm493	Xumn10	Xbarc167
S171.23	73	14	37	43	52	415	36	1	1	1	0	1
S171.24	77	11	22	31	42	288	36	1	1	1	0	1
S171.25	78	5	15	29	46	205	34	1	1	1	0	1
S171.26	75	10	29	39	40	344	35	1	1	1	0	1
S171.27	75	3	14	27	45	184	35	1	1	1	0	1
S171.3	81	13	26	32	41	323	35	1	1	1	0	1
S171.4	72	14	24	36	46	335	35	1	1	1	0	NA
S171.5	73	5	14	27	44	197	36	1	1	1	0	1
S171.6	79	5	13	25	42	186	35	1	1	1	0	1
S171.7	78	12	23	29	42	291	35	1	1	1	0	1
S171.8	75	15	23	34	33	334	35	1	1	1	0	1
S171.9	78	3	14	23	40	165	34	1	1	1	0	1
S172.1	91	4	13	19	41	157	37	2	1	1	0	1
S172.10	103	13	21	35	36	313	37	2	1	1	0	1
S172.11	103	7	17	24	17	214	34	2	1	1	NA	1
S172.12	95	6	10	16	58	149	41	2	1	1	0	1
S172.13	93	3	10	22	38	154	35	2	1	1	0	1
S172.14	101	3	16	22	30	169	34	2	1	1	0	1
S172.15	107	2	12	19	26	135	39	2	1	1	0	1
S172.16	94	1	6	12	36	83	41	2	1	1	0	1
S172.17	104	4	12	20	47	156	39	2	1	1	0	1
S172.18	103	10	23	35	36	303	36	2	1	1	0	1
S172.19	99	0	11	21	34	132	33	2	NA	1	0	1
S172.2	103	8	12	22	31	195	35	2	1	1	NA	NA
S172.20	93	3	9	18	38	129	37	2	1	1	0	1
S172.21	98	12	17	27	42	262	36	2	1	1	0	1
S172.22	100	6	17	34	27	245	36	2	1	1	0	1
S172.23	106	0	3	15	37	73	35	2	1	1	NA	1
S172.24	100	2	8	23	27	139	34	2	1	1	NA	1
S172.25	101	2	8	16	38	108	36	2	1	1	0	1
S172.26	99	6	14	30	37	213	35	2	1	1	0	1
S172.28	73	10	20	33	45	287	35	1	NA	1	0	1
S172.29	95	15	22	30	24	313	35	2	1	1	0	1
S172.3	99	1	7	16	29	100	34	2	1	1	0	1
S172.30	105	9	14	29	35	236	40	2	1	1	0	1
S172.31	108	7	8	19	36	160	39	2	1	1	0	1
S172.4	100	8	15	19	46	188	39	2	1	NA	NA	NA
S172.5	103	4	13	24	36	175	36	2	1	1	0	1
S172.6	106	3	14	30	34	196	34	2	1	1	0	1
S172.7	103	9	18	28	30	244	36	2	1	1	NA	1
S172.8	99	6	12	34	57	227	42	2	1	1	0	1
S172.9	98	2	9	27	22	158	36	2	1	1	0	1
T101.1	95	1	8	17	64	65	42	2	1	2	2	2
T101.10	63	13	28	38	54	352	36	1	1	1	0	h

Linie	WUH	B1	B2	B3	B4	AUDPC3	Datum	Rht-B1	Xgwm2	Xgwm493	Xumn10	Xbarc167
T101.11	68	13	24	39	56	339	37	1	1	1	0	1
T101.12	87	8	19	32	34	259	38	2	1	2	0	3
T101.13	89	1	10	18	37	116	33	2	1	1	0	1
T101.14	87	5	11	25	30	184	36	2	1	2	2	1
T101.15	89	7	17	24	27	212	34	2	1	3	0	1
T101.16	70	19	31	40	57	415	36	1	2	2	0	1
T101.17	102	12	14	24	38	234	39	1	1	2	2	3
T101.18	92	10	18	32	33	272	36	2	1	2	2	1
T101.19	65	13	19	39	55	324	37	1	1	2	2	1
T101.2	68	5	11	24	53	178	41	1	1	2	2	1
T101.20	68	16	29	47	68	413	37	1	1	1	0	2
T101.21	63	10	22	36	52	300	36	1	1	2	2	1
T101.22	65	12	26	41	44	350	37	1	1	1	0	2
T101.23	65	5	20	31	47	240	35	1	NA	2	2	1
T101.24	93	19	23	37	33	376	39	2	1	2	2	h
T101.25	92	7	13	30	34	220	37	2	1	1	0	1
T101.26	96	10	19	25	40	247	36	2	1	2	2	2
T101.27	94	5	11	24	28	172	37	h	h	2	2	1
T101.28	89	16	23	29	39	316	35	2	1	2	2	2
T101.29	90	2	9	19	42	126	40	2	1	2	0	3
T101.3	75	5	22	29	40	242	35	1	1	1	0	2
T101.30	76	17	27	40	48	327	37	1	1	2	2	2
T101.31	73	4	13	20	36	157	35	1	2	2	2	1
T101.32	93	12	21	30	41	288	35	2	1	1	0	1
T101.33	87	21	32	37	29	420	36	h	1	1	0	3
T101.34	73	8	14	27	42	217	34	1	1	1	0	1
T101.35	70	25	29	38	57	447	36	1	2	2	0	1
T101.36	85	4	7	17	36	127	39	2	1	2	2	1
T101.37	62	10	27	38	44	326	37	1	1	2	2	1
T101.38	93	6	23	35	46	271	34	2	1	2	0	1
T101.4	75	5	12	28	70	195	40	1	1	2	2	1
T101.5	75	4	12	24	40	176	36	1	1	1	0	2
T101.6	90	13	19	29	35	284	36	NA	NA	2	2	h
T101.7	88	9	19	25	39	238	36	h	1	1	0	2
T101.8	88	3	17	26	44	193	36	2	1	1	0	1
T101.9	73	9	23	34	57	289	37	1	1	1	0	1
T102.1	70	9	16	35	62	266	36	1	h	1	0	1
T102.10	84	12	21	26	39	272	38	2	2	2	2	1
T102.11	75	10	20	37	38	300	37	1	1	2	2	2
T102.12	89	12	22	29	45	286	37	2	NA	2	2	2
T102.13	95	17	26	34	40	363	37	2	1	1	0	1
T102.14	93	3	13	24	33	170	36	2	h	1	0	3
T102.15	69	14	23	38	54	337	37	1	2	2	0	3
T102.16	77	9	16	33	52	254	37	1	1	1	0	3

Linie	WUH	B1	B2	B3	B4	AUDPC3	Datum	Rht-B1	Xgwm2	Xgwm493	Xumn10	Xbarc167
T102.17	73	7	13	28	50	215	36	1	2	1	0	1
T102.18	72	10	21	34	43	292	36	NA	1	1	0	1
T102.19	73	14	24	39	56	349	36	1	1	1	0	2
T102.2	60	16	29	51	71	432	36	1	2	2	2	3
T102.20	94	0	10	22	44	133	34	2	1	1	0	3
T102.21	67	8	20	39	56	294	36	1 h		1	0	1
T102.22	88	14	21	41	49	346	37	h	1	3	0	1
T102.23	94	15	31	41	65	394	37	2	1	1	0	1
T102.24	97	1	15	30	42	188	35	2	2	1	0	2
T102.25	94	4	15	29	50	204	39	2	1	2	2	3
T102.26	65	9	17	44	60	304	36	1	1	1	0	2
T102.27	93	4	11	22	36	158	34	2	1	1	0	1
T102.28	98	9	22	32	44	280	37	2	1	1	0	2
T102.29	91	14	27	37	41	354	37	2 h		1	0 h	
T102.3	82	14	25	41	54	364	37	2	1	1	0	3
T102.30	96	14	19	27	42	280	35	2	1	1	0	1
T102.31	73	11	15	27	47	247	38	1 h		2	2	1
T102.32	82	4	18	28	37	213	36	2	2	NA	0	3
T102.33	68	2	14	30	38	188	35	1	1	1	2	3
T102.34	68	16	29	40	60	385	36	1	1	2	0	3
T102.35	61	15	29	36	60	365	36	1	NA	2	2	2
T102.36	87	8	15	29	41	232	40	h	1 h		0 h	
T102.37	88	10	23	35	38	306	37	2	1	2	2	1
T102.38	86	6	19	39	41	272	37	h	1	2	2	1
T102.39	73	6	11	28	46	197	35	1 h		1	0	1
T102.4	103	10	29	42	45	355	39	2	2	NA	0	2
T102.40	93	9	17	29	42	245	36	2	1	1	0	2
T102.41	65	12	27	39	58	348	35	1	1	2	2	2
T102.42	67	3	6	19	80	149	44	1	2	2	0	3
T102.43	68	10	27	40	48	342	37	1	1	1	0	1
T102.44	88	14	29	46	57	396	36	2 h		1	0 h	
T102.45	63	11	27	32	46	311	36	1	1	2	2	2
T102.46	93	7	19	27	43	232	35	2	1	1	0	3
T102.47	64	19	28	37	41	333	36	1	1	2	2	2
T102.48	90	0	8	29	47	148	34	2	1	2	0	2
T102.49	61	17	40	50	63	410	38	1	1	2	0	1
T102.5	81	19	27	49	59	437	37	1	2	2	0 h	
T102.50	97	13	19	26	28	271	36	2 h		1	0	2
T102.51	76	17	30	45	56	415	37	1 h		1	0 h	
T102.52	84	16	28	35	37	306	38	2	1	1	0	2
T102.6	67	9	24	38	51	315	36	1	1	1	0	1
T102.7	72	2	9	19	51	125	37	1 h	NA		2	1
T102.8	93	12	20	31	39	286	35	2	1	2	0 h	
T102.9	92	6	20	29	42	238	36	2	1	2	0	1

Linie	WUH	B1	B2	B3	B4	AUDPC3	Datum	Rht-B1	Xgwm2	Xgwm493	Xumn10	Xbarc167
T103.1	96	11	20	34	37	287	36	2	1	2	2	1
T103.2	69	9	29	47	57	363	37	1	1	1	0	1
T104.1	86	17	20	37	41	350	36	2	1	2	0	1
T104.10	91	14	16	28	37	276	36	2	NA	h	0	1
T104.12	68	12	24	44	37	360	36	1	1	1	0	2
T104.13	68	6	26	48	42	334	34	1	1	1	0	2
T104.14	74	26	38	44	43	442	36	1	1	3	0	NA
T104.15	93	13	20	39	52	329	41	2	1	h	2	1
T104.16	73	21	35	48	56	480	36	1	1	2	2	2
T104.17	68	8	19	32	74	261	39	1	1	1	0	3
T104.18	101	6	15	26	48	203	41	2	1	1	0	1
T104.19	102	7	18	23	32	216	38	2	1	1	0	1
T104.2	61	31	40	52	58	584	36	1	1	2	0	2
T104.20	68	9	20	32	33	271	37	1	1	2	2	1
T104.3	68	18	30	44	48	419	36	1	1	1	0	1
T104.4	77	7	21	33	42	261	37	2	1	1	0	3
T104.5	68	12	19	44	61	340	38	1	NA	1	0	1
T104.7	66	19	26	33	74	364	41	1	1	2	0	2
T104.8	73	9	24	39	63	320	41	1	1	2	2	2
T104.9	90	22	31	37	38	428	35	2	1	2	0	1
T105.1	85	0	9	20	38	119	34	2	1	1	0	3
T105.10	79	12	21	36	52	308	37	1	2	1	0	1
T105.11	97	9	17	29	43	243	35	2	2	1	0	h
T105.12	93	1	11	24	34	144	33	2	1	1	0	1
T105.13	97	10	18	29	41	255	36	2	NA	1	0	NA
T105.14	75	10	24	38	52	317	37	1	1	1	0	3
T105.15	77	11	23	36	47	311	35	1	1	2	0	3
T105.16	78	9	30	47	59	371	35	1	NA	2	0	1
T105.17	65	15	37	47	53	438	36	1	1	2	2	3
T105.18	83	2	19	42	49	257	34	h	h	1	0	h
T105.19	74	22	33	43	52	459	36	1	1	1	NA	1
T105.2	91	16	27	39	42	373	35	2	2	1	0	1
T105.20	66	11	22	40	51	326	35	1	1	1	0	3
T105.21	76	12	23	34	48	315	35	1	1	1	0	2
T105.22	66	5	17	39	47	257	34	1	NA	2	2	1
T105.23	69	2	15	26	41	177	33	1	1	1	2	2
T105.24	78	3	12	33	44	197	33	1	1	1	0	1
T105.25	70	1	7	27	41	141	33	1	1	1	0	NA
T105.26	69	1	19	38	39	234	33	1	1	1	NA	1
T105.27	84	15	22	34	41	327	36	1	h	h	0	1
T105.28	63	2	10	34	48	190	33	1	1	1	0	NA
T105.29	92	12	28	32	40	320	35	2	1	h	2	h
T105.3	96	8	24	33	41	285	36	2	2	1	2	1
T105.30	74	22	32	45	54	403	36	1	2	2	2	1

Linie	WUH	B1	B2	B3	B4	AUDPC3	Datum	Rht-B1	Xgwm2	Xgwm493	Xumn10	Xbarc167
T105.31	79	15	24	37	42	348	37	1	1	1	0	1
T105.32	83	16	20	22	43	239	35 h		1	1	0	1
T105.33	83	0	13	24	39	150	34	2	1	1	0	3
T105.34	66	29	43	49	65	505	38	1	1	2	0	3
T105.35	96	18	27	34	42	372	36	2	1	2	2	1
T105.4	85	14	22	30	37	302	35 h		1	1	0	1
T105.5	104	8	12	30	51	219	36	2	2	1	0	1
T105.6	80	4	19	30	40	221	35	2	1	1	0	1
T105.7	77	10	19	32	44	272	35	1	1	1	0	3
T105.8	101	12	27	34	45	328	36	2	2	1	0	1
T105.9	66	17	39	45	70	399	35	1	1 h		0	3
T106.1	106	19	24	43	45	404	37	2	1	1	NA	3
T106.10	83	12	22	35	39	310	35	2	1	1	0	3
T106.11	83	14	32	36	47	369	36	1	NA	1	0	1
T106.12	91	3	21	26	38	205	34 h		1	3	0 h	
T106.13	82	19	31	34	42	389	36	2	1	1	0	3
T106.14	103	9	32	38	40	343	37	2	1	1	2	3
T106.15	95	14	30	32	39	344	35	2	1	1	0	NA
T106.16	92	0	5	26	39	127	33	2	1	1	0	1
T106.2	107	12	23	37	42	323	36 h		1	1	NA	1
T106.3	93	9	34	36	39	341	36	2	1	1	NA	1
T106.4	100	19	34	41	43	431	36	2	1	1	0	h
T106.5	80	11	20	36	42	298	34	1	1	1	0	1
T106.6	98	18	24	34	43	358	37	2	2	1	0	1
T106.7	100	15	30	35	36	368	37 h		1	1	NA	1
T106.8	75	5	18	38	48	253	35	1	2	1	0	1
T106.9	66	24	32	42	44	459	36	1	1	2	2	2
T107.1	88	0	8	23	39	125	33	2 h		1	0	2
T107.10	88	3	24	31	38	242	34	2	2	2	2	1
T107.11	66	19	30	43	63	428	37	1	1	3	0	2
T107.12	90	7	32	40	42	336	34	2	2	1	0	2
T107.13	103	17	28	38	37	385	36	2	1	2	2	1
T107.14	72	12	27	40	46	352	35	1	1	1	0	NA
T107.15	88	1	19	30	37	207	34	1	2	2	2	1
T107.17	68	18	25	37	36	378	36	1	1	3	0	h
T107.18	88	27	33	47	50	440	36	2	2	3	0	3
T107.19	73	22	33	40	54	447	36	1	1	1	0	1
T107.2	103	5	11	27	41	187	35	2	1	1	0	1
T107.20	98	14	26	35	35	337	37	2	1	1	0	1
T107.21	83	15	19	15	32	217	34	2 h		1	2	1
T107.22	91	7	30	37	43	322	35	NA	1	1	0	3
T107.23	88	24	31	39	42	317	37	2	1	3	0	2
T107.24	97	2	24	34	42	243	33	2	1	3	0	3
T107.26	87	8	12	28	39	215	36	2	1	2	2	2

Linie	WUH	B1	B2	B3	B4	AUDPC3	Datum	Rht-B1	Xgwm2	Xgwm493	Xumn10	Xbarc167
T107.27	74	11	23	40	60	327	36	1	1	1	NA	1
T107.28	93	11	24	34	41	305	34	2	1	3	0	2
T107.29	95	11	15	24	52	231	40	2	1	1	0	3
T107.30	64	28	39	49	72	546	35	1	NA	NA	0	1
T107.31	99	2	21	25	37	196	33	2	1	3	0	1
T107.32	89	0	1	20	34	86	31	2	1	3	0	1
T107.33	102	7	22	32	39	265	35	2	1	1	2	2
T107.34	74	18	28	36	42	382	35	1	2	1	0	2
T107.35	94	9	22	30	39	273	36 h		1 h		2	1
T107.36	92	0	12	21	29	136	34	2	2	3	2	3
T107.4	63	28	37	49	64	539	35	1	2	3	0	1
T107.5	76	15	23	41	49	357	36	1	2	1	0	2
T107.6	86	15	21	35	40	333	36	2	1	1	0	3
T107.7	71	11	19	36	47	296	36	1	1	1	0	3
T107.8	85	8	20	33	38	271	34	2	2	2	NA	1
T107.9	88	8	23	34	41	281	34	2	1	3	0	1
T108.1	68	6	20	38	45	268	35	1	1	1	NA	1
T108.10	92	14	29	39	40	372	35	2	1	3	NA	3
T108.11	97	10	22	39	44	312	35 h		1	3	0	1
T108.2	73	15	29	36	43	366	36	1	1	3	0	3
T108.3	99	14	26	35	42	346	37 NA		1	3	0	1
T108.4	101	11	16	27	40	246	36	2	NA	3	2	1
T108.5	71	23	34	44	34	408	37	1	2	1	NA	1
T108.6	99	4	15	24	32	183	34	2	1	2	2	3
T108.7	102	15	20	26	35	290	35	2	1	3	0	1
T108.8	63	13	26	34	38	333	35	1	NA	1	2	1
T108.9	68	1	7	19	43	107	32	1	1	2	2	1
T109.1	94	7	19	27	41	235	36	2	1	3	0	2
T109.10	97	9	17	31	46	252	37	2	1	3	0	2
T109.11	73	15	27	40	50	375	35	1	1	1	NA	3
T109.12	71	12	28	44	62	371	36	1	1	1	0	3
T109.13	68	14	22	34	50	319	36	1	1	3	0	3
T109.14	82	10	21	34	39	290	36	2	1	3	0	1
T109.15	76	10	16	42	39	300	37 NA		NA	NA	NA	NA
T109.16	68	7	17	29	43	229	35	1	1 h		NA	1
T109.17	95	10	15	25	42	231	35 h		1	1	0	2
T109.18	91	10	19	33	45	280	35	2	1	1	0	3
T109.19	68	9	19	31	48	263	34	1	1	NA	0	3
T109.2	70	14	27	42	49	370	36	1	1	1	2	3
T109.20	82	20	32	31	42	390	38	2	2	3	0	1
T109.21	87	7	18	25	37	220	35	2	1	1	0	1
T109.22	93	8	14	28	37	224	36	2	2	1	0	1
T109.23	79	7	16	32	43	244	35	1	1	3	0	1
T109.24	86	0	10	29	41	159	34 h		1	1	0	3

Linie	WUH	B1	B2	B3	B4	AUDPC3	Datum	Rht-B1	Xgwm2	Xgwm493	Xumn10	Xbarc167
T109.25	87	1	17	34	40	212	35	2 h		1	NA	3
T109.26	82	7	20	28	35	239	34	2	2	3	0	1
T109.27	101	5	9	24	37	166	36	2	2	1	2	1
T109.28	78	15	33	43	49	405	35	1	1	1	0	1
T109.29	99	25	31	40	44	463	37	2	1	3	0	3
T109.3	69	17	29	41	42	398	36	1	1	1	NA	1
T109.30	88	15	25	31	35	319	36	2	1	3	NA	3
T109.31	93	-1	14	27	41	183	35	2	2	3	0	1
T109.32	92	1	7	23	42	123	33	2	1	3	0	1
T109.33	104	4	16	35	47	234	36 h		1	1	0	1
T109.34	94	0	7	29	40	145	35	2	1	1	0	1
T109.35	87	14	22	31	31	263	36	2	1	1	0	3
T109.36	83	4	15	27	42	198	36	2	1	3	0	1
T109.37	87	-2	7	26	46	145	34	2 h		1	0	3
T109.38	96	9	19	29	35	256	35	2	1	1	NA	2
T109.39	88	-3	18	29	44	194	34	2	1	1	0	1
T109.4	65	18	31	38	54	399	35	1	1	1	0	3
T109.40	78	22	29	41	32	434	36	1	1	1	0	1
T109.41	91	10	14	24	34	220	35 h		1	1	0	2
T109.42	99	7	26	30	43	274	35	2	1	3	0	1
T109.43	65	4	22	27	43	220	33	1	1	1	0	3
T109.44	90	7	15	31	39	233	34	2	NA	3	NA	1
T109.45	88	5	12	20	42	163	34	2	1	3	0	1
T109.46	73	24	35	38	45	396	36	1	1	2	2	1
T109.47	66	6	28	33	45	281	34	1	1	1	0	3
T109.48	66	17	29	42	48	400	37	1	2 h		0	3
T109.5	92	10	23	30	37	282	35	2	1	1	0	3
T109.6	93	15	23	34	41	333	35	2	2	3	0	NA
T109.7	68	32	36	47	59	490	37	1	1	1	0	1
T109.8	71	14	31	37	48	367	36	1	2	2	2	1
T109.9	71	0	8	29	48	150	32	1	2	2	2	3
T110.1	51	30	96	107	104	1017	47	NA	NA	NA	NA	NA
T110.10	89	4	12	28	74	190	42	2	1	2	0	1
T110.11	71	10	19	37	45	299	37	1	1	1	0	2
T110.12	89	10	24	40	50	331	35 h		1 h		0 h	
T110.13	90	15	23	37	44	345	37	2	NA	2	0	2
T110.14	67	18	32	38	42	409	35	1	1	2	2	2
T110.15	91	10	28	37	43	329	36 h		1	2	2	1
T110.16	90	19	24	34	40	362	36	2	1	1	2	1
T110.17	96	4	12	30	54	196	41	2	2	2	2	3
T110.18	68	20	33	44	67	118	39	1	2	3	0	1
T110.19	67	22	31	36	47	363	36	1	2	1	0	1
T110.2	77	2	20	37	61	76	39	1	2	1	0	1
T110.20	69	12	18	33	47	422	36	1	1	3	0	NA

Linie	WUH	B1	B2	B3	B4	AUDPC3	Datum	Rht-B1	Xgwm2	Xgwm493	Xumn10	Xbarc167
T110.21	88	14	19	35	44	201	36	2	1	2	0	2
T110.22	88	23	33	39	45	291	38	2 h		1	0 h	
T110.23	87	31	36	42	47	352	38	2	2	2	2	1
T110.24	89	1	8	24	37	364	36	2	1	2	0	2
T110.25	80	16	23	42	51	532	37	1	1	3	0	1
T110.26	74	8	22	28	39	121	34	1	1	2	2	1
T110.27	88	11	25	39	46	366	36	2	1	2	0	2
T110.28	97	10	15	31	45	271	38	2	1 h		0 h	
T110.29	81	14	32	40	49	312	36	1	1	1	0	2
T110.3	98	0	16	32	45	256	38 h		1	3	0 NA	
T110.30	90	13	22	34	48	388	35	2	1	2	0	1
T110.31	79	10	22	29	42	205	36	1 h		2	2	2
T110.32	74	1	13	29	46	316	34	1	1	2	2 h	
T110.33	89	8	28	34	38	255	36	2	1	2	0	3
T110.34	69	10	23	38	42	173	35	1	1	2	2	2
T110.35	73	17	32	43	52	341	37	1	2	1	0	1
T110.36	70	11	20	38	44	326	37	1	1	3	0	1
T110.37	90	2	11	35	40	393	34	2	1	2	2 NA	
T110.4	97	12	20	30	37	280	38	2	2	2	2	3
T110.40	73	10	19	37	54	236	37	1	1	1	0	3
T110.41	86	19	27	39	32	311	37	2	1	2	0	2
T110.42	85	3	16	41	63	327	38	2	2	3	0	3
T110.5	92	1	29	38	41	393	34	2	1	1	2	1
T110.6	89	5	15	31	45	188	36	2 NA		3	0	1
T110.7	71	22	33	35	50	293	35	1	1	3	0	3
T110.8	70	8	20	33	46	223	37	1	1	2 NA		3
T110.9	67	6	26	42	50	365	35	1	1	3	0	1
T111.1	73	6	15	32	44	267	36	1	1	2	2	1
T111.10	82	27	32	37	41	293	37	2	1	2	0	1
T111.11	73	4	15	37	47	242	35	1 NA		2	2	1
T111.12	63	28	42	52	58	553	37	1	2	1	0	1
T111.13	90	9	24	33	30	193	36	2 h	NA		0	3
T111.14	59	28	35	46	48	444	36	1	2	1	0	1
T111.15	68	14	25	52	58	402	36	1	1	3	0	3
T111.3	70	13	25	42	47	469	37	1	1	2	2	2
T111.4	88	18	28	40	47	324	37	2	1	1	0	3
T111.5	84	35	26	37	27	330	38	2 NA		1	0 h	
T111.6	90	14	21	37	49	383	38	2	1	3	0	3
T111.7	67	8	16	29	49	269	36	1	1	2	0 h	
T111.8	68	9	34	40	49	373	35	1	1	3	0	3
T111.9	91	23	26	32	42	271	38	2	1	1	0	3
T112.1	73	17	19	29	43	235	38	1	2	1	0	3
T112.10	89	10	19	27	42	364	38	2	2	3	0	2
T112.2	92	9	23	29	44	344	38	2	1	2	0	1

Linie	WUH	B1	B2	B3	B4	AUDPC3	Datum	Rht-B1	Xgwm2	Xgwm493	Xumn10	Xbarc167
T112.3	102	12	16	31	43	258	37 h		1	1	0	1
T112.4	70	14	32	49	82	308	41	1	1	1	0	1
T112.5	93	13	31	39	39	301	37	2	1	2	0	1
T112.6	78	23	31	38	54	280	37	1 h		3	0	3
T112.7	68	30	32	41	47	430	37	1	1	3	0	1
T112.8	81	19	14	25	43	456	39	2	2	3	0	2
T112.9	74	11	32	42	49	284	39	1	1	2	2	1
T113.1	73	10	29	43	60	428	36	1	1	1	0	3
T113.10	83	23	32	43	64	256	41	2	1	1 NA		1
T113.11	86	25	24	32	41	169	36	2	1	2	2	3
T113.12	92	10	24	32	39	328	36	2	1	2	2	3
T113.13	63	15	17	35	42	465	35	1	2	2	0	2
T113.14	69	7	34	45	53	212	36	1	2	1	0	1
T113.15	86	27	27	35	37	361	35	1 h		NA	2 h	
T113.16	79	16	31	37	47	241	35	1	1	1 NA		1
T113.17	72	30	35	43	58	494	36	1	1	1	0	3
T113.18	85	14	32	38	42	303	36 h		1	1	0 h	
T113.19	73	20	33	49	53	546	37	1	1	2	0	1
T113.2	61	30	27	43	50	413	37	1	2	2	0	2
T113.20	73	26	41	53	84	524	39	1	1	2	0	1
T113.21	91	15	25	34	33	468	38	2	2	2	0	1
T113.22	78	8	23	42	57	460	37	1	1	2	0	1
T113.23	71	11	24	37	43	400	37	1	1	2	2	1
T113.24	68	9	26	36	43	294	35	1 h		2	0	2
T113.25	70	18	11	19	47	295	37	1	2	1	2	3
T113.26	110	3	20	34	44	289	38	2	1	1 NA		3
T113.27	78	3	27	35	44	372	38	1	1	2	2	1
T113.28	98	16	32	45	52	154	40	2	1	2	0	1
T113.29	93	9	29	33	35	223	36 NA		1	2	2	2
T113.3	53	19	19	27	43	357	37	1	2	2 NA		2
T113.30	95	10	17	30	40	328	37	2	1	2	2	2
T113.31	71	10	22	37	47	411	37	1	1	2	0	2
T113.32	103	10	25	37	52	240	40	2	1 h		0	1
T113.33	104	7	18	37	47	276	38	2	1	1	0	1
T113.34	98	1	21	37	42	301	34	2	1	1	0	2
T113.35	89	17	26	37	44	306	37	2	1	2	2	1
T113.36	74	22	19	46	48	268	36	1	1	2	0	1
T113.37	75	11	25	33	47	362	37	1	2	1	0 h	
T113.38	73	8	25	36	47	402	38	1 NA		NA	NA	NA
T113.39	97	15	1	12	39	277	37	2	2	2	2	1
T113.4	89	1	32	44	52	298	42	2	1	2 NA		1
T113.40	92	18	25	44	51	393	40	2	2	1 NA		1
T113.41	90	8	34	43	44	105	40	2	1	2	2	1
T113.42	103	24	31	37	42	398	38 h		2	1	0	3

Linie	WUH	B1	B2	B3	B4	AUDPC3	Datum	Rht-B1	Xgwm2	Xgwm493	Xumn10	Xbarc167
T113.43	60	27	23	36	42	305	37	1	1	1	0	1
T113.44	97	2	9	22	59	259	36	2	2	2	0	1
T113.45	73	6	23	40	67	517	39	1	1	1	0	3
T113.46	73	10	17	34	44	256	36	1	NA	2	2	2
T113.47	77	12	27	37	63	171	39	1	1	1	0	1
T113.48	90	10	32	39	36	269	37	2	2	1	0	1
T113.49	89	14	22	29	36	257	35 h		2	1	0	1
T113.5	66	20	28	43	31	349	37	1	1	2	2	1
T113.50	82	17	14	27	39	370	36	2	1	2	2 h	
T113.51	69	8	22	41	57	384	37	1	1 h		0	2
T113.52	68	15	18	23	68	422	38	1	1	1	0	1
T113.53	92	3	29	34	40	215	38	2	1	2	2	3
T113.55	82	15	22	34	42	309	36	2	2	2	2	1
T113.56	100	7	31	39	47	136	39	2	2	2	2	1
T113.57	75	31	34	48	66	441	36	1	1	1	0	1
T113.58	87	24	27	41	43	270	37	2	1	1	0	2
T113.59	72	17	28	36	42	481	37	1	2	NA	2 h	
T113.6	73	15	18	46	53	504	36	1	1	2	0	1
T113.60	76	11	31	38	51	387	37	1	1	1	0	3
T113.61	86	17	30	35	41	343	36	2	1	1	0	3
T113.62	90	22	20	32	40	276	37	2	1	1	0 h	
T113.63	69	12	31	41	48	399	37	1	2	2	2	1
T113.64	67	16	19	42	60	475	40	1	1	2	2	3
T113.65	82	9	36	38	42	311	35	1	NA	h	0	2
T113.66	77	3	33	37	40	371	36	1	h	2	0	2
T113.67	95	22	28	31	41	232	36	2	1	2	0	2
T113.68	83	17	6	28	39	281	36	2	1	2	2	2
T113.69	80	1	17	32	56	408	34	1	2	1	0	3
T113.7	89	7	21	35	50	401	38	2	1	1	0	1
T113.70	100	10	16	33	41	150	35	2	1	1	0	1
T113.71	95	11	23	38	54	232	38	2	1	2	0	1
T113.72	75	7	27	29	43	282	36	1	NA	2	0	1
T113.73	89	14	23	38	42	275	36	2	2	2	2	2
T113.74	71	17	32	38	38	273	35	1	1	1	2	3
T113.75	70	28	29	54	67	415	36	1	2	1	0	1
T113.76	72	6	32	38	46	368	37	2	1	1	0	1
T113.77	76	27	29	47	57	512	36	1	1	1	0	1
T113.78	76	20	24	37	67	305	39	1	2	2	0	1
T113.79	82	11	19	39	49	427	38	1	1	1	0	1
T113.8	67	15	33	43	46	427	36	1	1	NA	0	1
T113.80	93	16	24	31	48	276	37	2	NA	1	0	3
T113.81	72	7	15	29	44	302	35	1	1	2	2	2
T113.82	93	5	30	39	42	388	35	1	1	2	2	1
T113.83	77	20	19	33	40	241	35	1	1	1	0	3

Linie	WUH	B1	B2	B3	B4	AUDPC3	Datum	Rht-B1	Xgwm2	Xgwm493	Xumn10	Xbarc167
T113.84	97	14	18	17	41	213	37	2	2	1	0	1
T113.85	87	1	25	34	44	412	37	2	1	2	0	1
T113.86	95	26	27	36	47	321	38	2	1	1	0	3
T113.87	95	16	11	17	53	155	39	2	1	2	0	1
T113.88	72	10	31	58	72	406	38	1	1	2	0	2
T113.89	93	18	28	37	41	291	36	2	1	2	0	1
T113.9	100	15	22	40	45	147	43	2	1	1	0	2
T113.90	88	15	32	40	53	405	40	2	1	2	0	2
T114.1	76	25	20	30	37	341	35	1 h		1	0	2
T114.10	75	12	25	36	40	350	36	1	2	1	0	3
T114.11	78	15	33	43	56	517	37	1	2	1	0	2
T114.12	64	17	41	48	72	401	36	1	1	1	0	1
T114.13	77	24	34	48	62	417	38	1	1	1	0	1
T114.14	88	18	32	42	43	374	38	2	1	1	0	1
T114.15	68	17	21	39	60	384	37	1 h		2	0	2
T114.16	82	10	33	43	51	410	36	1 NA		1	0 h	
T114.17	72	27	26	33	49	430	38	1	1	2	2	3
T114.18	77	5	28	45	40	323	35	1	1	1	0	3
T114.19	83	18	29	38	35	393	38	2	1	1	0	1
T114.2	67	17	30	38	44	243	36	1	2	1	0	1
T114.20	72	20	29	39	38	403	37 NA		1	2	2	1
T114.21	74	23	29	39	39	407	37 NA		2	1	2	1
T114.22	80	15	29	37	43	416	37	1	2	2	2	1
T114.23	74	22	22	31	42	472	36	1	1	2	2	1
T114.24	70	14	25	39	41	378	36	1	2	1	0	2
T114.25	98	12	23	32	44	363	36	2	1	1	0	1
T114.26	86	15	33	37	41	275	36 h		1	1	0 h	
T114.27	73	14	31	39	43	324	36	1	1	2	2	1
T114.28	80	10	27	38	43	339	36	1	1	1	0	1
T114.29	93	14	30	41	41	398	36	2	1	1	0	1
T114.3	94	17	27	37	39	347	37	2 NA		2	2	3
T114.30	71	15	29	42	42	365	35	1 NA		2	2	1
T114.31	88	15	25	35	41	367	35 h		h	h	0	1
T114.32	88	12	35	37	43	368	36	2 h		1	0	1
T114.33	88	30	28	30	41	362	36	2	1	2	2	1
T114.34	73	18	26	48	56	393	36	1 h		1	0	1
T114.35	68	11	28	42	67	437	36	1 NA		1	0	3
T114.36	73	14	20	34	43	409	35 NA		1	2	2	2
T114.37	76	12	29	42	47	347	37 NA		NA	1	0	3
T114.38	69	8	30	29	58	326	34	1 NA		1	0	1
T114.39	73	22	19	41	49	292	37	1	1	2	0	3
T114.4	78	9	28	39	32	283	36	1	1	1	0	3
T114.40	96	14	32	41	44	441	36	2	1	1	0	1
T114.41	73	18	32	29	54	277	37	1	1	1	0	1

Linie	WUH	B1	B2	B3	B4	AUDPC3	Datum	Rht-B1	Xgwm2	Xgwm493	Xumn10	Xbarc167
T114.42	84	13	25	36	43	388	35	2	1	1	0	1
T114.43	79	8	31	47	47	389	36	1	1	1	0	3
T114.44	73	23	34	42	47	410	37	1	1	1	0	3
T114.45	71	18	30	39	42	211	36	1	2	1	0	1
T114.46	100	17	31	32	37	401	37	2	1	1	0	1
T114.47	98	19	20	33	41	398	37	2	1	1	0	1
T114.48	77	9	21	37	48	390	34	1 h	NA		0	3
T114.49	80	14	28	35	44	432	38	2	1	1	0	1
T114.5	90	12	27	39	42	301	37	2	1	1	2	3
T114.50	64	17	30	43	49	376	37	1	2	1	0	1
T114.51	76	14	35	36	52	370	37	1	1	1	0 h	
T114.6	73	20	20	37	45	356	36	1	1	2	2	2
T114.7	70	10	19	41	50	392	37	1	1	1	0	3
T114.8	78	4	14	30	30	389	36	2	1	1	0	1
T114.9	72	7	28	44	67	357	37	1	2	1	0	3
T115.1	95	10	23	30	49	252	36	2	1	1	0	1
T115.10	93	7	16	36	39	228	36	2	1 NA		0	2
T115.11	92	8	37	45	62	348	37	2	1	3	0	1
T115.12	92	12	34	28	58	316	38	2	1	1	0	1
T115.13	97	15	15	42	52	274	38	2	1	2	2	1
T115.14	101	5	25	39	40	346	36	2 h		1	0	1
T115.15	99	12	24	34	39	338	37 NA		2	1	0	2
T115.16	90	12	25	34	41	156	37 h		1	2	2	1
T115.17	94	8	20	24	39	320	36 NA		1	3	0	2
T115.18	91	14	15	34	33	351	37	2	1	1	0	1
T115.19	103	6	22	45	60	389	36	2	1	1	0	2
T115.2	93	5	17	24	50	327	37	2	2	1	0	1
T115.20	72	4	15	43	44	193	35	1	2	2	2	2
T115.21	98	5	37	50	70	337	35	2	1	1	0 h	
T115.22	94	15	32	38	45	269	36	2	1	2	2	1
T115.23	73	19	24	37	52	198	36	1	1	2	2	1
T115.24	88	12	18	40	49	357	36	2	1	1 NA	h	
T115.25	90	4	24	29	44	391	33	2	1 h		2	1
T115.26	71	9	23	37	41	330	35	1	1	2	2	1
T115.27	63	17	35	53	72	327	36	1	1	1	0	1
T115.28	78	15	21	33	46	307	35	1	2 h		0	1
T115.29	96	12	24	23	30	292	36	2	2	2	2	1
T115.3	75	8	22	38	48	360	36	1	1	2	2	1
T115.30	98	10	14	21	35	293	35	2 h		1 NA	NA	
T115.31	90	5	14	39	37	293	36	2	1	3	0	1
T115.32	66	6	26	36	51	283	34	1 h		3	0	1
T115.33	92	13	27	32	38	231	37	2	1	1	0	1
T115.34	69	17	24	41	61	264	40	1	1	2	2	1
T115.35	83	14	22	32	47	369	36	1 NA	h		2	1

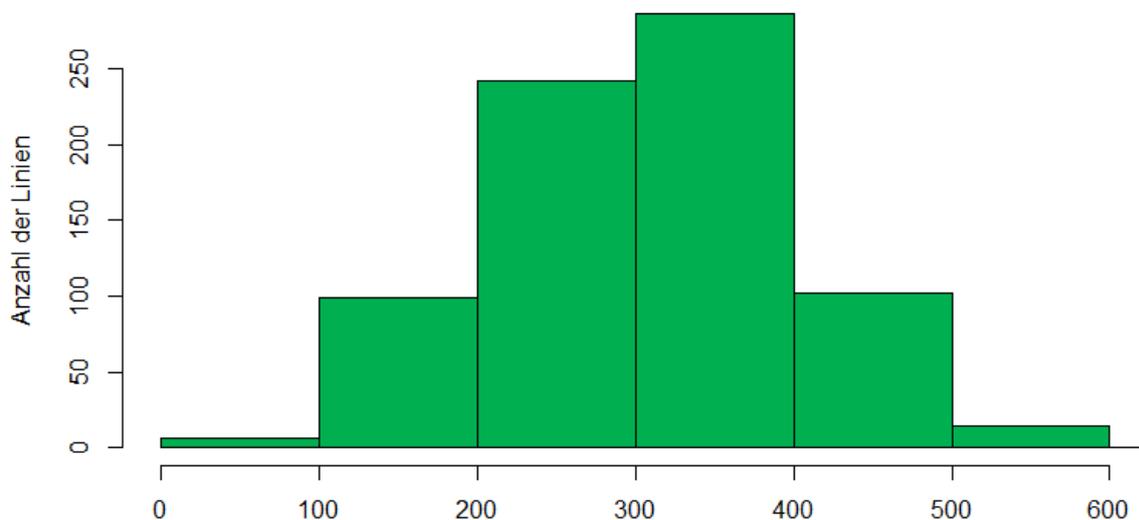
Linie	WUH	B1	B2	B3	B4	AUDPC3	Datum	Rht-B1	Xgwm2	Xgwm493	Xumn10	Xbarc167
T115.36	99	14	19	37	33	363	37	2	2	3	0	1
T115.37	81	5	26	35	52	347	36	1	1	NA	2	1
T115.38	96	11	21	37	39	301	33	NA	NA	NA	NA	
T115.39	80	14	21	38	46	331	36	1	1	NA	2	NA
T115.4	93	7	27	37	57	259	37	2	2	1	0	1
T115.40	88	15	16	22	30	315	36	2	2	2	2	h
T115.41	67	16	20	67	80	412	38	1	2	1	0	NA
T115.42	103	20	34	39	60	368	39	2	1	1	0	1
T115.43	69	19	44	52	73	411	38	1	1	2	0	1
T115.44	84	20	31	48	71	350	39	1	NA	2	2	2
T115.45	95	10	24	33	38	366	37	2	1	2	2	2
T115.5	76	20	37	38	74	370	37	1	1	2	0	1
T115.6	82	24	25	42	51	383	38	1	NA	2	NA	1
T115.7	94	7	27	22	32	327	36	2	2	2	2	1
T115.8	79	21	20	43	52	421	39	1	1	2	2	2
T115.9	83	8	30	37	42	257	36	1	1	2	2	2
T116.1	93	24	24	30	40	402	37	2	1	1	0	1
T116.10	74	14	21	40	53	248	36	1	1	1	0	1
T116.11	88	8	23	27	37	427	37	2	2	3	0	1
T116.12	87	7	17	38	49	335	35	2	2	2	2	1
T116.13	78	10	23	38	53	295	37	1	1	1	2	1
T116.14	93	10	17	21	44	296	37	h	1	1	0	1
T116.15	93	4	7	38	55	257	33	2	1	1	0	1
T116.16	90	4	23	25	40	286	37	2	2	2	2	1
T116.17	81	17	21	39	51	268	37	1	1	1	0	1
T116.18	88	10	18	26	39	107	36	2	2	3	0	1
T116.19	82	8	19	39	56	390	38	1	1	2	2	NA
T116.2	97	6	23	39	42	270	36	2	2	1	0	1
T116.20	65	19	38	40	70	311	37	1	1	1	0	1
T116.21	103	21	21	37	41	222	36	2	1	1	0	NA
T116.22	95	2	25	37	39	351	35	2	2	3	0	1
T116.23	74	17	33	30	50	470	38	1	1	1	0	1
T116.24	91	27	16	36	52	251	38	2	1	3	0	1
T116.25	77	17	31	43	74	455	38	1	1	1	0	1
T116.26	78	13	30	42	63	450	38	1	NA	2	2	1
T116.27	71	14	20	42	48	266	36	1	1	1	0	1
T116.28	90	6	25	39	44	307	36	2	1	3	2	1
T116.29	92	14	28	25	39	322	35	2	2	3	0	NA
T116.3	75	13	15	33	57	274	37	1	1	1	0	1
T116.30	87	7	15	34	40	328	35	2	1	1	0	1
T116.31	93	4	22	34	22	341	34	2	1	3	0	1
T116.32	101	8	26	33	45	224	36	2	1	3	0	1
T116.33	78	18	17	38	43	235	37	1	1	2	2	1
T116.34	98	7	27	36	48	313	36	2	1	2	0	1

Linie	WUH	B1	B2	B3	B4	AUDPC3	Datum	Rht-B1	Xgwm2	Xgwm493	Xumn10	Xbarc167
T116.35	93	13	22	22	37	340	34	2	2	1	0	1
T116.36	99	8	17	36	42	230	35	2	1	2	0	1
T116.37	98	6	26	24	41	346	37	2	1	1	2	1
T116.38	98	10	11	20	39	255	35	2	2	3	0	2
T116.39	101	4	17	31	46	216	36	2	1	1	0	1
T116.4	90	11	20	38	63	406	39	2	2	1	2	1
T116.40	72	6	15	36	46	181	36	1	2	1 NA		1
T116.41	100	7	21	34	43	213	36	2 h		1	0	1
T116.42	92	9	20	22	49	263	37	2	1	3	0	1
T116.43	95	12	9	37	50	227	37	2	2	3	0	1
T116.44	92	1	32	37	32	287	37	2	2	2	2	1
T116.45	73	24	16	34	46	302	37	1 NA		1	0	1
T116.46	94	4	24	22	38	128	36	2	2	3	0	1
T116.47	88	16	9	32	46	441	37	2	1	2	0	1
T116.48	94	3	22	35	47	231	34	2	1	2	2	1
T116.49	98	16	20	24	44	334	36	2	2	1	0	2
T116.5	93	13	17	47	62	283	39	2	1 NA		0	1
T116.50	94	3	19	25	41	324	35	2	1	1	0	2
T116.51	91	14	17	28	47	262	39	2	1	1	0	2
T116.52	81	9	18	33	40	147	36	1	1	1	0	1
T116.53	93	10	18	25	39	301	35	2	1	1	0	1
T116.54	91	12	18	41	55	280	38	2	1	3 NA		1
T116.55	95	6	30	40	38	276	36	2	1	1	0	1
T116.56	77	16	33	44	60	327	38	1	2	3	0	2
T116.57	75	20	24	28	34	190	37	1	1	2	2 NA	
T116.58	97	9	15	33	42	358	35	2	1	1	0	1
T116.59	100	9	22	29	48	457	37	2	1	1	0	1
T116.6	73	11	20	47	62	353	36	1	1	1	0	1
T116.60	98	13	35	27	37	230	37	2	1	1	0	1
T116.61	89	25	16	27	36	291	38	2	1	2	0	1
T116.62	93	1	14	39	39	241	35	2	2	1	0	1
T116.63	101	9	33	41	41	472	37	2	1	1	0	1
T116.64	78	21	36	43	50	224	37	1	1	2	0	1
T116.7	87	15	32	37	40	217	35	2	1	2	2	1
T116.8	92	17	21	39	41	417	38	2	1	1	0	1
T117.1	85	7	36	37	45	331	37	1	1 NA		2	2
T117.10	75	22	33	24	38	420	36	1	1	1	2 NA	
T117.11	74	17	14	31	48	302	36	1	1	2	2	1
T117.12	98	12	16	37	39	377	38 NA		1	1	0	3
T117.13	75	6	30	43	47	411	36 NA		1	1	0	1
T117.14	88	12	30	32	34	199	36 NA		1	1	0	1
T117.15	74	19	27	38	62	229	40	1	2	1	0	3
T117.16	103	20	24	34	52	336	40	2	1	2	2	1
T117.17	73	14	37	39	74	478	37	1	1	1	0	1

Linie	WUH	B1	B2	B3	B4	AUDPC3	Datum	Rht-B1	Xgwm2	Xgwm493	Xumn10	Xbarc167
T117.18	77	15	21	41	41	419	38	1	1	1	2	1
T117.19	103	12	27	38	50	324	40	2	NA	1	0	NA
T117.2	100	11	35	40	47	399	37	2	1	1	0	3
T117.20	82	28	27	43	74	336	38	1	1	1	0	3
T117.21	99	13	31	27	40	325	37	2	1	1	0	h
T117.22	81	25	14	43	50	483	38	1	2	1	0	1
T117.23	80	14	32	42	65	355	39	1	1	1	NA	1
T117.24	74	13	29	38	35	382	36	1	h	2	2	NA
T117.25	98	20	28	42	39	275	37	2	1	1	2	3
T117.26	94	23	30	33	50	382	39	2	NA	1	0	3
T117.27	70	22	25	37	59	471	37	1	NA	1	2	NA
T117.28	73	12	22	39	45	440	37	1	NA	1	0	3
T117.29	85	13	18	43	48	446	38	NA	NA	1	0	1
T117.3	84	5	27	19	39	293	35	1	2	2	2	1
T117.30	78	15	14	31	40	298	35	1	2	2	2	2
T117.31	78	4	22	42	44	248	38	1	1	2	0	3
T117.32	93	10	28	34	41	368	39	h	h	1	0	1
T117.33	88	6	16	42	36	162	35	2	1	2	0	3
T117.34	108	0	25	38	38	281	35	2	1	1	0	3
T117.35	83	14	25	39	83	338	41	1	h	1	0	1
T117.36	82	14	29	38	57	231	39	1	h	1	0	h
T117.37	73	15	31	37	37	354	36	1	h	2	2	2
T117.4	94	22	30	38	33	328	36	2	1	1	0	2
T117.5	73	24	33	31	62	358	38	1	1	h	0	3
T117.6	96	20	23	37	34	374	36	2	1	h	2	h
T117.7	80	11	28	36	55	423	37	1	1	1	0	1
T117.8	75	19	14	40	55	436	36	1	1	1	0	3
T117.9	75	10	27	41	44	288	36	1	1	1	0	1
T118.1	88	22	26	37	44	390	37	2	1	2	2	1
T118.2	78	17	22	28	36	262	35	1	h	h	NA	h
T118.3	71	14	14	34	42	197	49	NA	NA	NA	NA	NA
T118.4	74	10	19	42	45	411	37	1	1	1	0	NA
T118.5	83	10	33	33	54	410	36	1	1	1	0	1
T118.6	76	17	21	43	45	358	35	1	h	2	2	NA
T118.7	81	13	34	40	74	254	36	1	1	2	0	NA
T118.8	78	25	26	30	31	335	38	NA	1	1	NA	1
T119.1	88	17	15	26	32	373	36	2	2	1	0	2
T119.2	86	10	18	34	63	265	36	2	2	1	0	2
T119.3	75	7	33	39	54	448	38	1	1	1	2	2
T119.4	78	26	32	58	93	409	37	1	1	2	NA	1
T119.5	71	11	36	39	63	400	39	1	1	h	0	1
T119.6	73	24	21	43	58	256	38	1	1	1	0	1
T119.7	72	7	22	44	68	459	37	1	1	1	0	1
T119.8	83	7	38	33	60	341	39	1	2	1	0	1

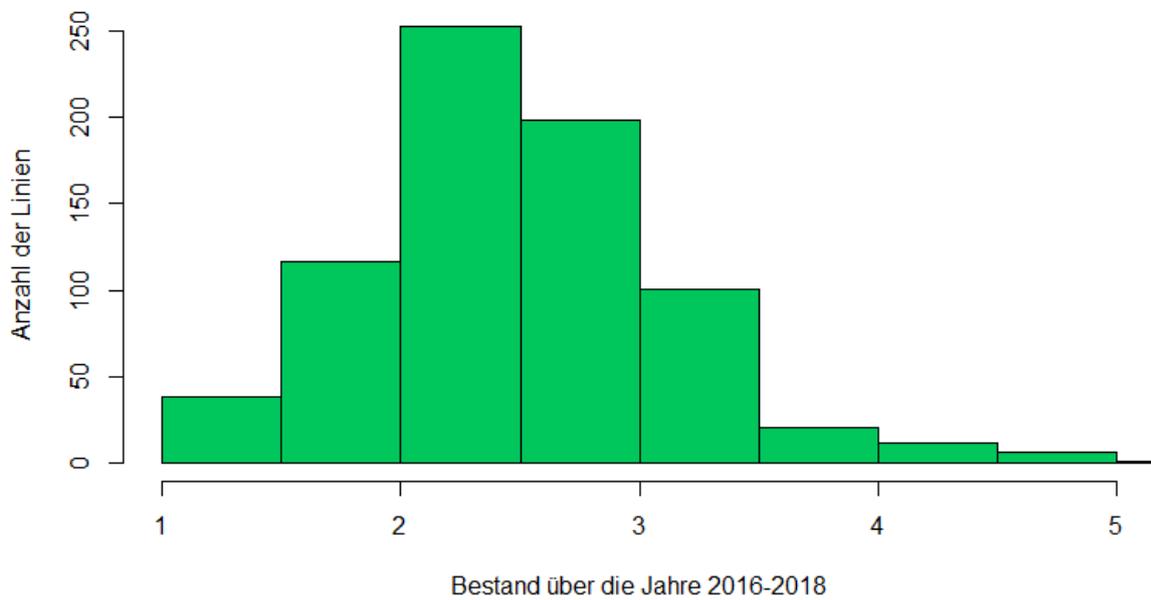
Linie	WUH	B1	B2	B3	B4	AUDPC3	Datum	Rht-B1	Xgwm2	Xgwm493	Xumn10	Xbarc167
T119.9	67	25	15	39	62	519	35	2 h		1	0	3
T121.1	83	5	32	43	77	309	38	1	1	1	0	1
T121.2	78	17	18	42	65	372	37	1	1	3	0	1
T121.3	76	4	23	37	57	460	36	1	1	1	0	1
T121.4	83	10	34	48	58	178	35	1	2	1	0	1
T121.5	73	21	35	34	47	384	36	1	2	1	0	3
T122.1	93	12	25	35	45	200	39	2	1	1	0	1
T122.2	74	12	20	29	46	300	35	1	1	1	2	1
T122.3	103	11	24	31	37	336	40	2	1	2	2	1
T122.4	100	12	28	44	63	351	36	2 NA		1	0	1
T122.5	81	11	22	34	43	367	36	1	1	1	0	1
T122.6	80	13	35	59	86	301	34	1	1	1	0	1

10.2 Häufigkeitsverteilungen aller Eigenschaften

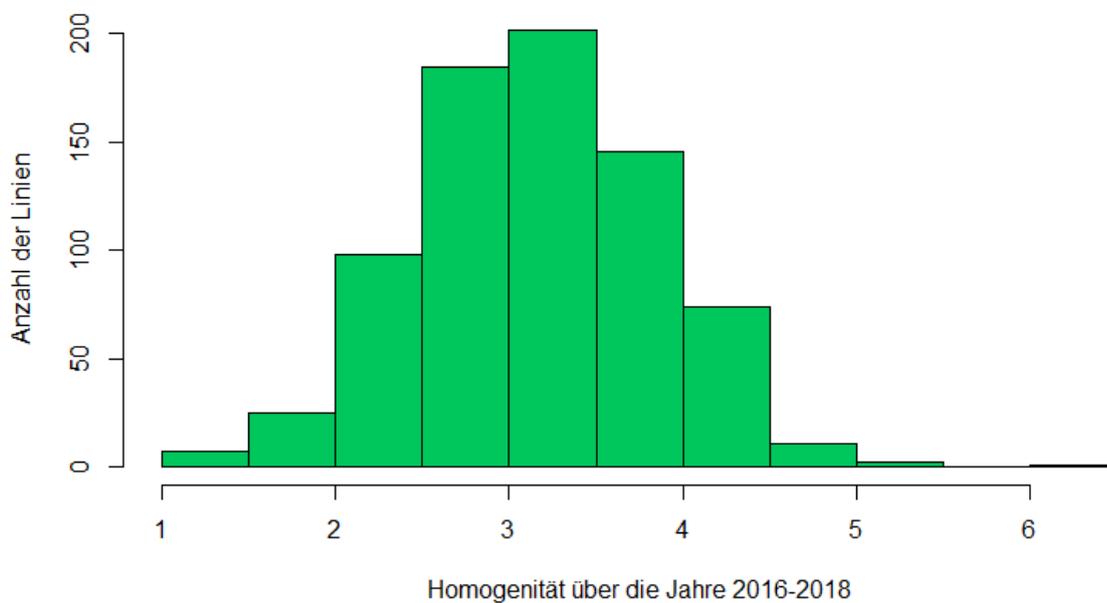


Häufigkeitsverteilung der AUDPC3 über die Jahre 2016-2018

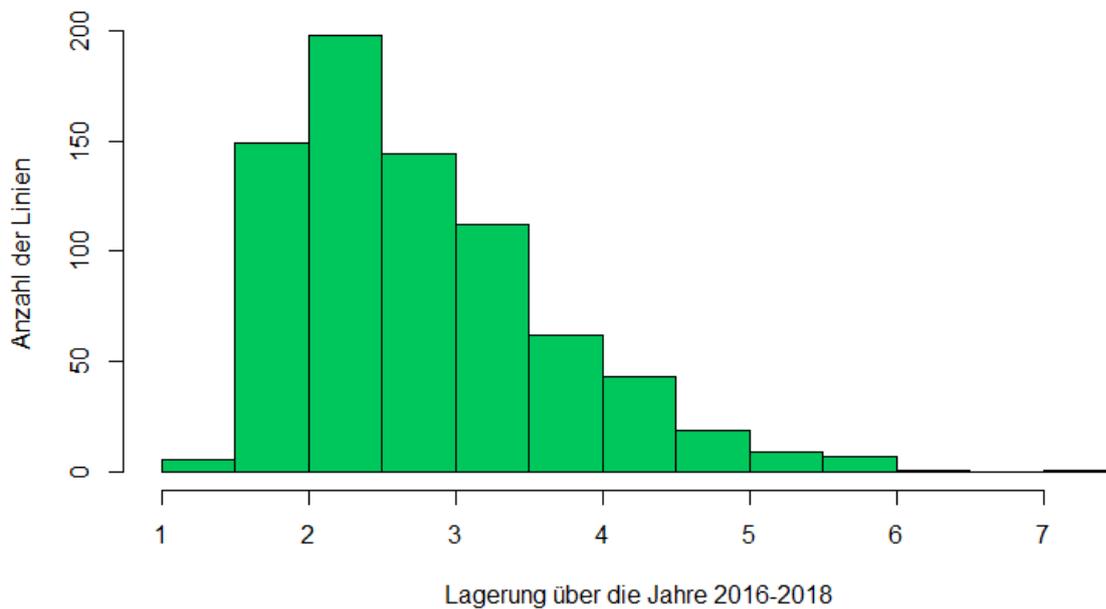
Anhang 2: Das Histogramm zeigt die Verteilung der Linien bezogen auf die Befallsverlaufskurve (AUDPC3) über die Jahre 2016-2018



Anhang 3: Häufigkeitsverteilung über die Anzahl der Linien bezogen auf die Bestandesdichte in den Jahren 2016-2018



Anhang 4: Histogramm über die Anzahl der Linien im Hinblick auf die Homogenität der Einzelreihen in den Jahren 2016-2018



Anhang 5: Histogramm über die Anzahl der Linien für die Mittelwerte in Zusammenhang mit der Lagerung in den Jahren 2016-2018

10.3 Signifikante p-Werte der ANOVA über die einzelnen Populationen

Anhang 6: Diese Tabelle zeigt die signifikanten p-Werte (insg. 77) der ANOVA bezogen auf die Marker für die einzelnen Populationen über die Befallsverlaufkurve (AUDPC3), die Bonituren B1-B4 (14, 18, 22, 26 Tage nach der Blüte), das Blühdatum und die Wuchshöhe.

Marker	p	Eigenschaft	Subpopulation	Größe	R ²
<i>Rht-B1</i>	3.03 ⁻⁰⁶	AUDPC3	1	89	0.241
<i>Rht-B1</i>	0.035	AUDPC3	2	90	0.054
<i>barc167</i>	0.043	AUDPC3	2	90	0.058
<i>gwm493</i>	0.010	AUDPC3	3	51	0.162
<i>Rht-B1</i>	0.003	AUDPC3	4	33	0.279
<i>Rht-B1</i>	0.043	AUDPC3	6	20	0.165
<i>Rht-B1</i>	0.002	AUDPC3	9	58	0.182
<i>gwm493</i>	0.020	AUDPC3	12	32	0.148
<i>barc167</i>	0.033	B1	2	90	0.065
<i>gwm493</i>	0.024	B1	3	51	0.129
<i>Rht-B1</i>	0.047	B1	4	33	0.134
<i>gwm493</i>	0.020	B1	6	20	0.346
<i>Rht-B1</i>	0.001	B1	7	107	0.118
<i>gwm2</i>	0.025	B1	7	107	0.053
<i>Rht-B1</i>	0.025	B1	9	58	0.095
<i>umn10</i>	0.006	B1	11	51	0.124

Marker	p	Eigenschaft	Subpopulation	Größe	R ²	
<i>gwm493</i>	0.018	B1		11	51	0.121
<i>gwm493</i>	0.019	B1		12	32	0.151
<i>gwm493</i>	0.018	B2		3	51	0.140
<i>Rht-B1</i>	0.021	B2		6	20	0.221
<i>barc167</i>	0.046	B2		6	20	0.234
<i>Rht-B1</i>	0.001	B2		9	58	0.196
<i>barc167</i>	0.016	B2		11	51	0.145
<i>gwm493</i>	0.036	B2		12	32	0.117
<i>Rht-B1</i>	0.018	B3		1	89	0.069
<i>umn10</i>	0.038	B3		1	89	0.041
<i>Rht-B1</i>	0.004	B3		2	90	0.101
<i>gwm493</i>	0.001	B3		3	51	0.238
<i>Rht-B1</i>	0.005	B3		3	51	0.165
<i>Rht-B1</i>	0.005	B3		4	33	0.255
<i>gwm2</i>	0.012	B3		4	33	0.213
<i>umn10</i>	0.022	B3		4	33	0.139
<i>Rht-B1</i>	0.020	B3		5	63	0.093
<i>Rht-B1</i>	0.003	B3		6	20	0.367
<i>Rht-B1</i>	1.59 ⁻⁰⁵	B3		7	107	0.179
<i>Rht-B1</i>	8.37 ⁻⁰⁵	B3		9	58	0.268
<i>gwm493</i>	0.045	B3		12	32	0.105
<i>umn10</i>	0.000	B4		1	89	0.139
<i>Rht-B1</i>	0.004	B4		1	89	0.100
<i>Rht-B1</i>	1.87 ⁻⁰⁷	B4		2	90	0.289
<i>Rht-B1</i>	0.000	B4		3	51	0.274
<i>gwm493</i>	0.004	B4		3	51	0.192
<i>Rht-B1</i>	0.001	B4		4	33	0.321
<i>umn10</i>	0.011	B4		4	33	0.173
<i>Rht-B1</i>	0.024	B4		5	63	0.087
<i>Rht-B1</i>	0.023	B4		6	20	0.213
<i>Rht-B1</i>	5.14 ⁻⁰⁶	B4		7	107	0.197
<i>Rht-B1</i>	0.000	B4		9	58	0.234
<i>Rht-B1</i>	0.003	B4		11	51	0.194
<i>umn10</i>	0.029	B4		14	44	0.094
<i>Rht-B1</i>	0.024	Datum		1	89	0.063
<i>gwm493</i>	0.001	Datum		2	90	0.142
<i>umn10</i>	0.032	Datum		2	90	0.041
<i>gwm2</i>	0.013	Datum		5	63	0.112
<i>gwm493</i>	0.021	Datum		7	107	0.066
<i>gwm2</i>	0.025	Datum		11	51	0.121
<i>gwm493</i>	0.029	Datum		14	44	0.121
<i>Rht-B1</i>	6.49 ⁻²¹	WUH		1	89	0.657
<i>Rht-B1</i>	1.30 ⁻²⁷	WUH		2	90	0.762
<i>Rht-B1</i>	3.21 ⁻¹²	WUH		3	51	0.654

Marker	p	Eigenschaft	Subpopulation	Größe	R ²	
<i>barc167</i>	0.024	WUH		3	51	0.139
<i>Rht-B1</i>	1.64 ⁻⁰⁸	WUH		4	33	0.689
<i>Rht-B1</i>	1.08 ⁻²³	WUH		5	63	0.823
<i>Rht-B1</i>	6.20 ⁻⁰⁸	WUH		6	20	0.801
<i>barc167</i>	0.032	WUH		6	20	0.267
<i>Rht-B1</i>	9.46 ⁻³⁵	WUH		7	107	0.781
<i>umn10</i>	0.035	WUH		7	107	0.034
<i>Rht-B1</i>	4.28 ⁻⁰⁶	WUH		8	25	0.608
<i>Rht-B1</i>	6.45 ⁻²⁰	WUH		9	58	0.798
<i>gwm493</i>	0.006	WUH		9	58	0.163
<i>barc167</i>	0.031	WUH		9	58	0.088
<i>Rht-B1</i>	1.73 ⁻⁰⁶	WUH		10	30	0.549
<i>Rht-B1</i>	5.21 ⁻¹²	WUH		11	51	0.679
<i>gwm2</i>	0.050	WUH		11	51	0.092
<i>Rht-B1</i>	6.83 ⁻⁰⁸	WUH		12	32	0.657
<i>gwm493</i>	8.73 ⁻⁰⁶	WUH		12	32	0.495
<i>Rht-B1</i>	7.90 ⁻¹³	WUH		14	44	0.776

11 Eidesstattliche Erklärung

Hiermit erkläre ich, Birgit Siemayr, eidesstattlich, dass ich die vorliegende Masterarbeit selbständig angefertigt habe. Es wurden keine anderen als die angegebenen Hilfsmittel benutzt. Direkt oder indirekt übernommene Formulierungen aus der Literatur wurden als solche kenntlich gemacht. Diese Masterarbeit wurde in ähnlicher Form noch bei keinem anderen Prüfer eingereicht.

Siemayr Birgit

Wien, April 2019
