

# **Genetische Analyse zweier Wildemmer-Trockenstress-QTL**

**Dissertation  
zur Erlangung des  
Doktorgrades der Agrarwissenschaften  
(Dr. agr.)**

der

Naturwissenschaftlichen Fakultät III  
Agrar- und Ernährungswissenschaften,  
Geowissenschaften und Informatik  
der Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg

vorgelegt von

**M.Sc. Mathieu Deblieck**

1. Gutachter: Prof. Dr. Klaus Pillen
2. Gutachter: Prof. Dr. Frank Ordon
3. Gutachter: Prof. Dr. Friedrich Longin

Verteidigt am 10.06.2024

Für  
meine Eltern,  
Katharina und Emilia

# Inhaltsverzeichnis

|  |            |
|--|------------|
| <b>Zusammenfassung</b> .....   | <b>1</b>   |
| <b>1 Einleitung</b> .....  | <b>3</b>   |
| 1.1 Die Entstehung des Weizens .....   | 3          |
| 1.2 Die Domestikation des Weizens .....                                      | 5          |
| 1.3 Das 19. Jahrhundert, die Genetik und die Pflanzenzüchtung .....          | 7          |
| 1.4 Trockenstress .....  | 12         |
| 1.4.1 <i>Anpassungsstrategien der Pflanze</i> .....                          | 12         |
| 1.4.2 <i>Calciumsignale und Trockenstress</i> .....                          | 13         |
| 1.5 Die genetische Erosion .....   | 16         |
| 1.6 Vorergebnisse zu dieser Arbeit .....                                     | 18         |
| 1.7 Kontext, Hypothese und Zielsetzung .....                                 | 19         |
| <b>2 Material und Methoden</b> .....   | <b>21</b>  |
| 2.1 Pflanzenmaterial .....   | 21         |
| 2.2 Grafische Genotypisierung der nahe isogenen Linien .....                 | 22         |
| 2.2.1 Die Entwicklung der Software GenoTypeMapper .....                      | 24         |
| 2.3 Kartierung und Bestätigung der QTL .....                                 | 24         |
| 2.4 Feinkartierung der QTL .....   | 27         |
| 2.4.1 <i>Etablierung und Phänotypisierung der Sub-NIL-Populationen</i> ..... | 27         |
| 2.4.2 <i>Datenauswertung und QTL-Berechnungen</i> .....                      | 31         |
| 2.4.3 <i>Genotyping by Sequencing</i> .....                                  | 33         |
| <b>3 Ergebnisse</b> .....  | <b>34</b>  |
| 3.1 Die Software GenoTypeMapper .....  | 34         |
| 3.2 Grafische Genotypisierung der nahen isogenen Linien .....                | 41         |
| 3.3 Kartierung und Bestätigung der QTL .....                                 | 48         |
| 3.4 Feinkartierung der QTL .....   | 49         |
| 3.4.1 <i>Etablierung der Sub-NIL-Populationen</i> .....                      | 49         |
| 3.4.2 <i>Auswertung der phänotypischen Daten</i> .....                       | 53         |
| 3.4.3 <i>QTL-Region 2B</i> .....   | 62         |
| 3.4.4 <i>QTL-Region 7A</i> .....   | 68         |
| <b>4 Diskussion</b> .....  | <b>69</b>  |
| 4.1 Die Software GenoTypeMapper .....  | 69         |
| 4.1.1 <i>Motivation für die Entwicklung von GTM</i> .....                    | 69         |
| 4.1.2 <i>Mögliche zukünftige Verwendung und Entwicklungsschritte</i> .....   | 71         |
| 4.2 Introgressionen in der NIL-U-2B-1 .....                                  | 74         |
| 4.2.1 <i>Mögliche Effekte des Ppd-A1-Gens auf den Blühzeitpunkt</i> .....    | 74         |
| 4.2.2 <i>QTL für das Merkmal Kornzahl</i> .....                              | 75         |
| 4.2.3 <i>QTL für das Merkmal Ährenlänge</i> .....                            | 78         |
| 4.2.4 <i>QTL für das Merkmal Halmlänge</i> .....                             | 79         |
| 4.3 Introgressionen in der NIL-B-7A-2 .....                                  | 84         |
| 4.3.1 <i>QTL für das Merkmal Trockenmasse der Ähre</i> .....                 | 84         |
| 4.3.2 <i>Mögliche Effekte des Rht14-Gens auf die Halmlänge</i> .....         | 85         |
| 4.3.3 <i>Markerallele ungeklärter Herkunft in der NIL-B-7A-2</i> .....       | 88         |
| <b>5 Fazit und Ausblick</b> .....  | <b>90</b>  |
| 5.1 Die NIL-U-2B-1 .....   | 90         |
| 5.2 Die NIL-B-7A-2 .....   | 91         |
| 5.3 GenoTypeMapper .....   | 92         |
| <b>6 Literaturverzeichnis</b> .....  | <b>94</b>  |
| <b>7 Abbildungsverzeichnis</b> .....   | <b>112</b> |
| <b>8 Tabellenverzeichnis</b> .....   | <b>114</b> |
| <b>9 Abkürzungsverzeichnis</b> .....   | <b>116</b> |
| <b>10 Anhang</b> .....   | <b>118</b> |
| <b>Danksagung</b> .....  | <b>139</b> |
| <b>Lebenslauf</b> .....  | <b>140</b> |
| <b>Eidesstattliche Erklärung/ Declaration under Oath</b> .....               | <b>142</b> |

### Zusammenfassung

Die Entwicklung dürretoleranter Weizensorten ist eine bedeutende Herausforderung für die Gewährleistung der globalen Ernährungssicherheit, insbesondere im Hinblick auf die steigende Weltbevölkerung und den Klimawandel. Wildakzessionen unserer Kulturarten stellen eine zunehmend wichtige genetische Ressource dar, um diesen Herausforderungen zu begegnen und weiterhin den Folgen der genetischen Erosion in der Pflanzenzüchtung entgegenzuwirken.

Ziel dieser Arbeit war es, den Effekt zweier Trockenstress-QTL auf den Chromosomen 2B und 7A der israelischen Wildemmerakzession G18-16 näher zu charakterisieren. Beide QTL wurden im Jahr 2009 an der Hebräischen Universität von Jerusalem identifiziert, in nahe isogene Hart- und Brotweizenlinien eingekreuzt und ihr Effekt in den nahe isogenen Linien relativ zu den Eliteeltern in den Jahren 2015 bis 2016 bestätigt.

Im Rahmen dieser Arbeit sollte die Größe der QTL-Regionen eingegrenzt und zusätzliche Wildelterintrogressionen in den NILs identifiziert werden, die für die Ausprägung unerwünschter Eigenschaften verantwortlich sein könnten. Zu diesem Zweck wurden die Nachkommen der ursprünglichen Kartierungspopulation aus dem Jahre 2009 zunächst mittels SNP-iSelect-Markern genotypisiert, die entsprechenden Chromosomen neu kartiert sowie die zuvor identifizierten QTL anhand der zuvor etablierten phänotypischen Daten rekonstruiert. Anschließend wurden Sub-NIL-Populationen erstellt, rekombinante Genotypen mit repräsentativen Rekombinationen innerhalb der Zielintervalle selektiert und 2017, 2018 bzw. 2019 unter Trockenstress- und Kontrollbedingungen im Rahmen einer Feinkartierung phänotypisiert.

Genomische Regionen, die aus dem Wildelter in die NILs übertragen wurden und möglicherweise für unerwünschte Merkmale in den NIL verantwortlich sind, wurden identifiziert: So führt eine Variante des *PpdA-1*-Gens aus dem Wildemmer auf Chromosom 2A sehr wahrscheinlich zu einem verzögerten Blühzeitpunkt. Eine weitere genomische Region von etwa 28,88 Mio. Basenpaaren, südlich des iSelect-Markers

w SNP\_Ex\_c6537\_11338763 auf Chromosom 2B, verursacht ein verlängertes Halmwachstum und enthält ein Gen, das ortholog zum *GIBBELLIN-INSENSITIVE-DWARF1 (GID1)* - Gen in Reis ist, das mit einem verlängerten Halmwachstum in Verbindung gebracht wurde.

Die Existenz eines mit der Kornzahl und dem Kornertrag unter Kontroll- bzw. Trockenstressbedingungen in Verbindung stehenden QTL auf Chromosom 2B konnte bestätigt und einer Region von ca. 50 Mio. Basenpaaren oberhalb des Markers Tdurum\_contig27976\_414 zugeordnet werden. Sub-NILs mit dieser Introgression wiesen in allen Versuchsjahren unter Kontrollbedingungen und 2017 unter mildem Trockenstress einen erhöhten Kornertrag auf.

Der auf Chromosom 7A eingekreuzte G18-16 QTL wurde nicht bestätigt. Jedoch wurde ein zusätzlicher QTL identifiziert, der nicht vom Wildelter, sondern von einem anderen Kreuzungselter stammt. Dieser QTL wurde zuvor unwissentlich in die nahe isogene Linie eingekreuzt.

Des Weiteren wurde für die Genotypisierung der NILs eine Software entwickelt, um die Allelinformationen der NILs bzw. der verwendeten Kreuzungseltern über das gesamte Genom umfassend auszuwerten und die Größe der eingekreuzten Genomregionen genetisch und physikalisch gegenüberstellen zu können.

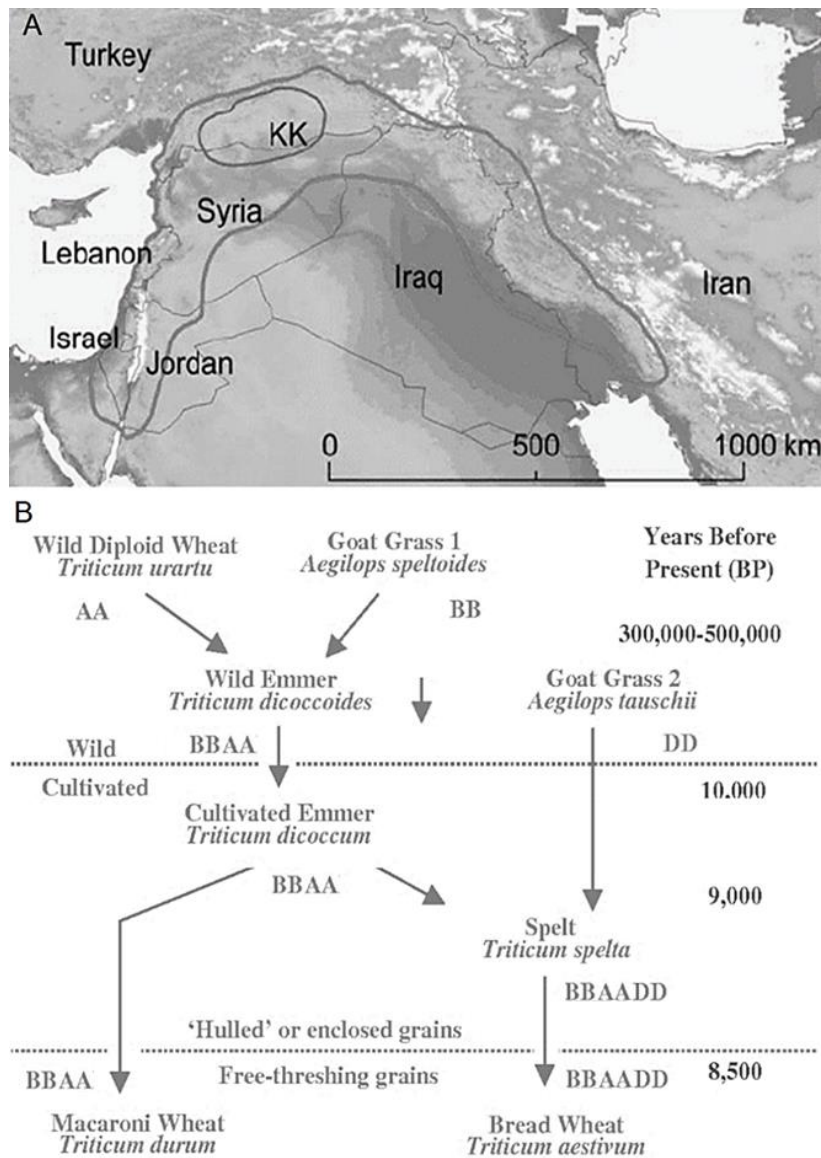
## 1 Einleitung

### 1.1 Die Entstehung des Weizens

Die Gattung Weizen (*Triticum*) gehört zur Ordnung der Süßgrasartigen (*Poales*), Familie der Süßgräser (*Poaceae*) und Unterfamilie der *Pooideae*. Weizen entwickelte sich in einer Region, die sich über den Libanon, Israel bzw. den Iran erstreckt und aufgrund ihrer sichelartigen Form (vgl. Abbildung 1A) auch als Fruchtbarer Halbmond bezeichnet wird (Jordan et al., 2015). Die genomische Grundlage für die Entstehung der unterschiedlichen Weizenarten bildete die Allopolyploidisierung dreier Grasartengenome, welche die Evolution genomisch stabiler, euploider, fruchtbarer Pflanzen ermöglichte (Abbildung 1B). Die erste Hybridisierung erfolgte vor etwa 0,5 Mio. Jahren zwischen dem diploiden A-Genom des wilden Einkorns (*Triticum urartu*) und dem B-Genom der Ziegengrasart (*Aegilops speltoides*), aus der sich der tetraploide ( $2n = 4x = 28 = BBAA$ ) Wildemmer (*Triticum turgidum* ssp. *dicoccoides*) entwickelte (Peng et al., 2011, Avni et al., 2022, Kilian et al., 2010). Hexaploider Dinkel (*Triticum aestivum* ssp. *spelta*) und Brotweizen (*Triticum aestivum* ssp. *aestivum*) ( $2n = 6x = 42 = BBAADD$ ) entwickelten sich deutlich später durch die Hybridisierung der Genome des kultivierten Emmers (*Triticum* ssp. *dicocum*) und dem D-Genom einer weiteren diploiden Ziegengrasart (*Aegilops tauschii*), vor etwa 10 000 Jahren (Peng et al., 2011; Kilian et al., 2010; Rahman et al., 2020). Es ist davon auszugehen, dass die Ziegengrasart während des ersten Allopoloidisierungsereignisses als Mutter und während des zweiten Allopoloidisierungsereignisses als Bestäuber fungierte (Kilian et al., 2010). Einkorn, Emmer, Hart- und Brotweizen besitzen aufgrund ihrer verschiedenen Polyploidiegrade unterschiedlich große Genome mit ca. 4, 6, 10 und 17 Mrd. Basenpaaren (bp) (Ling et al., 2013; Peng et al., 2011; Kilian et al., 2010), wobei repetitive Sequenzen und transposable Elemente ca. 80 % des Weizengenomes ausmachen (Cantu et al., 2010). Seit ihrer Entstehung haben der wilde Einkorn und der Wildemmer im Fruchtbaren Halbmond ihr natürliches Habitat und haben dort die größte Variabilität und genetische Diversität (Maxted & Vincent, 2021).

Die umgangssprachlich oft verwendeten Bezeichnungen „Brot-, Weich- und Hartweizen“ sind auf die Härte des Korns zurückzuführen (Ayala et al., 2013; Shaaf et al., 2016). Der dafür hauptverantwortliche Genlocus wurde dem Chromosom 5D

zugeordnet (Shaaf et al., 2016). Gene des *Glu-D1*-Locus auf dem Chromosom 1 sind an der Synthese der Glutenbestandteile Gliadin und Glutentin beteiligt und haben einen bedeutenden Einfluss auf die Backqualität des Weizens (Lafiandra et al., 2007; Dong et al., 2013). Hexaploider Brotweizen weist bessere Backeigenschaften als Hartweizen auf, denn Letzterer besitzt kein D-Genom. *Glu-A1* und *Glu-B1* – zu *Glu-D1* homologe Loci – wurden auf dem A- und B-Genom identifiziert (Liu et al., 2008; Kroupina et al., 2023).



**Abbildung 1: Ursprungszentrum und Allopolyploidisierungsereignisse, die für die Evolution des Brot- und Hartweizens erforderlich waren.** (A) Der Fruchtbare Halbmond. Die ältesten Hinweise auf die Domestikation von Weizen wurden am Berg Karacadağ (KK) gefunden (Kilian et al., 2010). (B) Überblick der Allopolyploidisierungsereignisse, die schließlich die Evolution des Brot- und Hartweizens ermöglichten (modifiziert nach Peng et al., 2011 und Kilian et al., 2010).

### 1.2 Die Domestikation des Weizens

Domestikation ist ein vom Menschen verursachter innerartlicher Veränderungsprozess von Wild- zu Nutzpflanzen und das Resultat generationsübergreifender Selektion auf Basis von für den Menschen nützlichen Eigenschaften (Peng et al., 2011; Brown, 2010). Sehr typische qualitative Domestikationsmerkmale des Weizens sind u. a. eine nicht brüchige Spindel (Rachis) oder ein freies Dreschen, d. h. Lösen der Spelze vom Korn (Peng et al., 2011). Die dafür verantwortlichen Gene sind das Gen für eine brüchige Rachis (*Brittle Rachis [Br]*) und dessen Homoeologe (Glover et al., 2016) auf den Chromosomen 3A, 3B bzw. 3D (Watanabe et al., 2006) sowie Varianten des Q-Locus auf den Chromosomen 5A, 5B bzw. 5D, die eine leichtere Trennung von Korn- und Spelze ermöglichen (Simons et al., 2006).

Die ältesten Spuren domestizierten Weizens, d. h. des domestizierten Einkorns, wurden im Südosten der Türkei gefunden (Abbildung 1A) und auf ein Alter von ca. ~10.000 Jahren geschätzt (Ahmed et al., 2023). Saatgut domestizierten Emmers wurde nahe der Stadt Tell Aswad entdeckt und ebenfalls ein Alter von ~9.500-10.000 Jahren zugeordnet (vgl. Abbildung 1A; Rahman et al., 2020).

Wilder hexaploider Weizen wurde nie entdeckt. Die frühesten Nachweise domestizierten hexaploiden Weizens stammen jedoch aus der Südosttürkei bzw. der kaukasischen Region und wurden auf ein Alter von ca. 8.000-9.000 Jahre geschätzt (vgl. Abbildung 1B; Kilian et al. 2010). Später verbreiteten sich kultivierte Weizenformen vom Fruchtbaren Halbmond über den Nahen Osten nach Europa, Afrika, Indien und Asien (Charmet, 2011). Ihre Ausbreitung in die nördlichen Regionen führte zu einer Anpassung an kältere Klimazonen, so dass Winter- und Sommerweizenformen mit unterschiedlichen Vernalisationseigenschaften entstanden. Die dafür verantwortlichen Vernalisationsgene (*VRN*) *Vrn1* und *Vrn2* befinden sich auf den Chromosomen 5A, 5B und 5D (Yan et al., 2003; Yan et al., 2004). Das Vernalisationsgen *Vrn3* wurde auf den Chromosomen 7A, 7B und 7D (Yan et al., 2006) lokalisiert.

Es dauerte ca. 10 000 Jahre, um die Weizenproduktion bis 1961 auf ca. 220 Mio. t zu steigern (Khush, 2001; FAOSTAT, 1961). Insbesondere die Selektion von Halbzweig- und fotoperiodenunempfindlichen Genotypen in Mexiko, Indien und Pakistan



(Khush, 2001) ermöglichte in den 1960er Jahren eine deutliche Ertragssteigerung. Diese Genotypen zeichnen sich durch eine stabile Abreife und deutlich erhöhte Erträge aus, da die für die Bildung des Halms notwendige Energie für die Ertragsbildung genutzt wird und zudem eine bessere Standfestigkeit gegeben ist, die eine höhere Stickstoffdüngung ermöglicht (Khush, 2001). Die später identifizierten dafür verantwortlichen Varianten der Verzweigungsgene (*reduced height* [*Rht1*] und [*Rht2*] und weitere) (Pinthus und Levy, 1983) oder der fotoperiodensensitiven Gene (*photoperiod-sensitivity gene* [*Ppd-1*] und [*Ppd-2*]) sind weiterhin in einem Großteil aktuell verfügbarer Weizenelitesorten vorhanden (Knopf et al., 2008; Khush, 2001). Aufgrund der enormen Ertragssteigerung, die mithilfe dieser Gene möglich war, bezeichnet man die Entwicklungen in den späten 1960er Jahren auch als die „Grüne Revolution“. Der Agrarwissenschaftler Norman Borlaug, der maßgeblich die Züchtung der neuen Sorten während der Grünen Revolution beteiligt war, erhielt 1970 für seine Beiträge zur Welternährung den Friedensnobelpreis (<https://www.nobel-prize.org>).

Bis zum Jahre 2000 bzw. 2020 wurde die Weizenernte auf 585 Mio. t bzw. 761 Mio. t erhöht (Kush, 2001; FAOSTAT, 2020). Dieser weiterhin anhaltende Produktionszuwachs ist neben pflanzenbaulichen Verbesserungen auch auf die Errungenschaften in der Genetik- und Molekularbiologie des 20. bzw. 21. Jahrhunderts zurückzuführen, die es ermöglichten, für den Anbau relevante Eigenschaften Genomregionen zuzuordnen und zielführend in der Pflanzenzüchtung zu verwenden (Kush, 2001).

Die im Jahre 2020 größten Weizenproduzenten Asien, Europa und Amerika produzierten ca. 45,7 %, 33,5 % bzw. 15,5 % der Welternte (FAOSTAT, 2020). Die zehn Länder mit der weltweit größten Weizenproduktion waren in absteigender Reihenfolge: China, Indien, Russland, die USA, Kanada, Frankreich, Ukraine, Australien, Pakistan, Kanada und Deutschland (FAOSTAT, 2021). Auf 61,6 Mio. ha wurden in Europa 269,18 Mio. t Weizen produziert (FAOSTAT 2021). In Deutschland wurden 2021 auf 2.94 Mio. ha 21.45 Mio. t (FAOSTAT 2021) und im Jahr 2022 auf 2.98 Mio. ha ca. 22.59 Mio. t produziert (DESTATIS, 2022). Brot- und Hartweizen machen etwa 95 % bzw. 5 % der weltweiten Weizenproduktion aus (Curtis & Halford., 2014). Aufgrund der unterschiedlichen Backeigenschaften (vgl. Kapitel 1.2)

wird das Mehl von Brotweizensorten für die Herstellung von viskoelastischen Backprodukten wie Brot verwendet, während Mehl von Hartweizensorten für die Herstellung von weniger viskoelastischen Produkten wie Keksen, Grieß, Nudeln, Couscous oder kompakteren Brotformen verwendet wird (Peña et al., 2002). Ungefähr 70 % des Weizens werden weltweit direkt für den menschlichen Verzehr verwendet, während die verbleibenden 30 % für Tierfutter, industrielle Zwecke oder Saatgut verwendet werden. (FAO-Food Outlook, 2017). Dieses Verhältnis kann jedoch deutlich variieren. So wurden in Deutschland im Jahr 2020 von insgesamt ca. 22 Mio. t Ertrag, 6 Mio. t (27 %) für den menschlichen Konsum und 33 % als Tierfutter verwendet. Ein beträchtlicher Teil des Weizens von ca. 10 Mio. t wurde exportiert und der Rest für industrielle Zwecke (z. B. Stärkeherstellung) oder für die Produktion von Energiestoffen (z. B. Bioethanol) verwendet.

### **1.3 Das 19. Jahrhundert, die Genetik und die Pflanzenzüchtung**

Im Jahre 1901 wurden die 1866 veröffentlichten Mendelschen Regeln (Mendel, 1866) von den Wissenschaftlern Hugo de Vries, Carl Correns und Erich von Tschermak wiederentdeckt und deren Bedeutung und Gültigkeit bestätigt (Gayon, 2016). 1902 übertrug William Bateson die Mendelschen Regeln auf das Tierreich und führte wichtige und bis heute genutzte Fachtermini wie „Allel“, „heterozygot“ und „homozygot“ ein (Bateson & Mendel, 1902). Kurz darauf stellte Walter S. Sutton die Hypothese auf, dass die bereits 1888 entdeckten Chromosomen als Erbgutträger fungieren könnten (Gayon, 2016; Sutton, 1903). Fünf Jahre später wurde die „Genetik“ als die Wissenschaft der Vererbung offiziell etabliert und 1909 das „Gen“ als Vererbungseinheit (Johannsen 1909) definiert. Trotzdem existierten bis zur Aufklärung der Doppelhelixstruktur der Desoxyribonukleinsäure (*Desoxyribo-Nucleic-Acid* [DNA]) im Jahr 1953 (Watson und Crick, 1953) keine Informationen über die tatsächliche Beschaffenheit der Gene (Gayon, 2016). Viele Wissenschaftler, wie unter anderem auch der Physiker Schrödinger, der sich in seinem Werk „What is Life“ mit der Natur der Gene auseinandersetzte (Schrödinger, 1944), vermuteten bis Mitte des 19. Jahrhunderts, dass Gene Proteine seien (Gayon, 2016). Francis H. Compton Crick und James Dewey Watson erhielten 1962 für ihre Erkenntnisse über die Struktur der DNA den Nobelpreis für Medizin (<https://www.nobelprize.org/>).

Die ersten genetischen Marker waren morphologischer Natur und ermöglichten grundlegende Erkenntnisse über die Vererbung. 1911 stellten H. Morgan und Alfred H. Sturtevant die Hypothese auf, dass die Häufigkeit der Rekombinationen zwischen zwei Genen negativ mit deren Abstand auf einem Chromosom korreliert und dieser verwendet werden kann, um ihre Abfolge genetisch zu kartieren (Morgan, 1911; Sturtevant, 1913). Etwa 50 Jahre nach ihrer Veröffentlichung wurden biochemische und zytologische Marker für die Erstellung genetischer Karten verwendet (Nadeem et al., 2018). Erst weit nach Entdeckung der DNA wurden molekulare, d. h. auf DNA basierende Marker, entwickelt. Die erste Generation dieser Marker waren Restriktionsfragmentlängenpolymorphismen (*restriction fragment length polymorphism* [RFLPs]) (Botstein et al., 1980), die zunächst genutzt wurden, um das menschliche Genom genetisch zu kartieren, später jedoch für viele weitere wichtige Nutzpflanzen wie Weizen, Reis, Mais verwendet wurden (Botstein et al., 1980; Liu et al., 1990; Devos & Gale, 1993; McCouch et al., 1988). Molekulare Marker der zweiten Generation basieren auf der Amplifikation von DNA-Fragmenten, d. h. auf der Entdeckung der Polymerase-Kettenreaktion (*polymerase chain reaction* [PCR]) (Mullis et al., 1986) für die Kary B. Mullis 1996 den Nobelpreis für Chemie erhielt (<https://www.nobelprize.org/>). Beispiele sind Mikrosatelliten (*simple sequence repeats* [SSRs]) (Weber & May, 1989), mittels Restriktionsenzymen verdaut amplifizierte Längenpolymorphismen (*cleaved amplified fragment polymorphism* [CAPS]) (Konieczn & Ausubel, 1993) oder amplifizierte Fragmentlängenpolymorphismen (*amplified fragment length polymorphism* [AFLPs]) (Vos et al., 1995). Die Sequenziertechniken der nächsten Generation (*next generation sequencing* [NGS]) (Varshney et al., 2009) basieren im Wesentlichen auf der parallelen Sequenzierung kleiner amplifizierter Genomsequenzstücke (*short reads*), welche zuvor durch einen Enzymverdau des Zielgenoms in Form sogenannter Genombibliotheken zusammengestellt werden. NGS reduzierten den Kosten- bzw. Zeitaufwand sequenzbasierter Genotypisierungstechnologien stark und ermöglichten die Entwicklung aktuell verwendeter Hochdurchsatz-Genotypisierungsplattformen wie der Axiom-Affymetrix-Technologie (Thomson, 2014), der Diversity-Array-Technologie (DArT) (Jaccoud, 2001), dem Infinium-iSelect-SNP-Assay (Comadran et al., 2012) oder der Genotypisierung durch Sequenzierung (*genotyping by sequencing* [GBS]) (Elshire et al., 2011). Mittels dieser Technologien wurde das parallele Testen von

einigen Tausend bis zu Hunderttausenden Markern in einer großen Anzahl von Proben möglich. Für viele Nutzpflanzen sind heutzutage vorgefertigte Illumina-Bead-Arrays und Affymetrix-Chips verfügbar (Rasheed et al., 2017; Deblieck et al., 2020).

Genetische Marker, die mit qualitativ oder quantitativ vererbten Zielmerkmalen genetisch gekoppelt sind und sich daher genetisch nahe der für die Merkmalsausprägung verantwortlichen genomischen Region befinden, können für die markergestützte Selektion (*marker assisted selection* [MAS]) eines gewünschten Merkmals verwendet werden (Sax, 1923; Edwards, 1992; Ribaut und Hoisington, 1998). Sie erleichtern somit die frühe Selektion von Pflanzen ohne (zeit)-aufwendige Phänotypisierungsschritte sowie die Realisierung komplexer Züchtungsschemata, z. B. das Pyramidisieren verschiedener Resistenzgene (Jiang, 2013). Geeignete molekulare Marker für eine MAS können in biparental segregierenden Populationen (Peleg et al., 2009) oder populationsbasierten genomweiten Assoziationsstudien (*genome-wide association studies* [GWAS]) identifiziert werden (Korte und Farlow, 2013). Qualitative Merkmale, die durch einen einzelnen Locus bedingt sind, lassen sich theoretisch ähnlich einem dominanten oder co-dominanten genetischen Marker kartieren. Die Zuordnung komplexerer quantitativer Merkmale, die durch mehrere Loci verursacht werden (*Quantitative Trait Loci* [QTL]), wird durch eine logarithmische Wahrscheinlichkeit, dem sogenannten *Logarithm-of-odds* (LOD)-Wert, beschrieben. Der LOD wurde von Newton E. Morton (Morton, 1955) zuerst auf genetische Fragstellungen übertragen und kann für die Identifikation von QTL mittels unterschiedlicher Algorithmen – wie der einfachen Intervall-Kartierung (*simple interval mapping* [SIM]) (Lander und Botstein, 1989) oder komplexeren zusammengesetzten Intervall-Kartierungen (*composite-intervall mapping* [CIM]) (Jansen und Stam, 1994) (Jiang, 2013; Collard et al., 2005) – bestimmt werden.

Auf NGS basierende Genomsequenzierverfahren (*whole genome sequencing* [WGS]) ermöglichten Anfang des 21. Jahrhunderts die kosten- und zeiteffiziente Gewinnung hochwertiger Sequenzinformationen (Varshney et al., 2009).

Die begrenzte Länge der Sequenzinformationen bzw. die Größe, der Polyploidiegrad und der hohe Anteil repetitiver DNA / transposabler Elemente der Süßgräsergenome stellt besondere Anforderung an die Genomassemblierung (Varshney et

al., 2021). Verschiedenste Ansätze, wie die Verankerung der Sequenzinformationen auf genetischen Karten (Mascher et al., 2013) oder die Isolierung und Sequenzierung einzelner Chromosomenabschnitte (*chromosome conformation capture sequencing* [Hi-C]) (www.dovetail.org, Lieberman-Aiden et al., 2009) und verbesserte Assemblierungsalgorithmen, wie z. B. das durch die Firma NRGene entwickelte DeNovoMAGIC-Verfahren (www.nrgene.com), ermöglichten es, dieser Problematik zu begegnen. So wurden z. B. das Wildemmergenom (Avni et al., 2017) bzw. Weizen genom (Appels et al., 2018) mittels NGS-WGS-Verfahren sequenziert und assembliert. Zusätzlich zu den NGS-Verfahren erleichterten später Sequenzierverfahren der dritten Generation oder auch „Long read“-Sequenziertechnologien die Assemblierung komplexer Genominformationen. Zu diesen Verfahren zählen das Pacific-Bioscience(PacBio)-Verfahren (www.pacb.com; Rhoads und Au., 2015) und das Nanoporeverfahren (Wang et al., 2021). Diese Methoden wurden u. a. für die Sequenzierung der Gerste (lat. *Hordeum vulgare*) (Mascher et al., 2017), des Ziegengrases (Luo et al., 2017) und des Einkorns (Ling et al., 2018) verwendet.

Eine relativ aktuelle Entwicklung sind die Veröffentlichung sogenannter Pan-genome für Süßgräserarten wie Gerste und Weizen (Jayakodi et al., 2020; Walkowiak et al., 2020, Kamal et al., 2022). Pangenome enthalten Genomsequenzinformationen mehrerer Genotypen.

Kandidatengene können mittels unterschiedlich gerichteter Herangehensweisen identifiziert werden. So können die flankierenden molekularen Marker eines QTL zunächst verwendet werden, um eine Genomregion und die dort enthaltene Gene, die das Merkmal beeinflussen können einzugrenzen. Durch den Abgleich der Markersequenzen mit dem Referenzgenom können anschließend Sequenzinformationen und Annotationen bezüglich der Kandidatengene innerhalb des Zielintervalls auf dem Referenzgenom vieler Getreidearten (vgl. Kapitel 1.3.0) bereits zielführend analysiert werden. Hierbei ist zu berücksichtigen, dass sich je nach Genomregion die genetischen und physikalischen Abstände deutlich unterscheiden können (Deblieck et al., 2020). Zentromerische Bereiche weisen weniger Rekombinationen auf, sodass geringe genetische Distanzen große Bereiche des tatsächlichen Chromosoms abdecken. Feinkartierungsstudien können ergänzend verwendet werden, um die Größe des Intervalls und die Anzahl der Gene weiter zu reduzieren (Wang et al., 2022; Fazlikhani et al., 2019; Duan et al., 2022). Zu berücksichtigen ist, dass mit

zunehmender Nähe zum Zentromer die Anzahl der zu genotypisierenden Individuen und somit der Aufwand einer solchen Studie deutlich steigt (Deblieck et al., 2020). Ergänzend zu der Identifikation von QTL können zufällig induzierte Mutationen im Genom hervorgerufen werden, um Pflanzen mit einem gewünschten Phänotyp zu etablieren und anschließend die dafür verantwortlichen Gene innerhalb des Zielintervalls zu bestimmen. So ermöglicht ein auf Ethylmethansulfonat basierendes Verfahren die zielgerichtete Induktion lokaler Läsionen im Genom (*target induced local lesions* [TILLING]) (McCallum et al., 2000; Barkley and Wang 2008). TILLING wurde z. B. verwendet, um das in der Gerste vorhandene Virusresistenzgen, den Translation-Initiationsfaktor 4E (*Hordeum eukaryotic translation initiation factor 4E* [*Hv-elf4E*]) (Stein et al., 2005), zu identifizieren.

Des Weiteren besteht die Möglichkeit den Einfluss oder die Funktion ausgewählter Kandidatengene hypothesengerichtet spezifisch zu untersuchen. So kann mittels transgener Überexpression (Wang et al., 2016; Sun et al., 2015) oder dem gezielten Ausschalten (*Knockout*) eines Kandidatengens, z. B. durch eine zielinduzierte Mutation mittels Transkriptionsaktivator-ähnlichen Effektor-Nukleasen (*transcription activator-like effector nucleases* [TALENs]) (Boch, 2011) oder Zinkfinger-nukleasen (Petolino, 2015), untersucht werden, inwiefern das zu untersuchende Merkmal durch das untersuchte Gen beeinflusst wird. Das Resistenzgen gegen Mehltau (*Mildew resistance locus o* [*Mlo*]), wurde in der Gerste durch Büschges et al. (1997) mittels *map based cloning* isoliert und im Weizen in TALEN-Knockout-Linien etabliert (Wang et al., 2014). Ein relativ neues und vielversprechendes Verfahren beruht auf im Genom gruppenförmig regelmäßig auftretenden palindromischen Wiederholungen (*clustered regularly interspaced short palindromic repeats* [CRISPR]) und einem mit CRISPR-assoziierten System (Cas) (Wiedenheft et al. 2012). Das daraus abgeleitete sogenannte CRISPR/Cas -Verfahren ermöglicht sehr gezielte Modifikationen im Genom (Sternberg et al., 2014). Jennifer Doudna und Emmanuelle Charpentier erhielten für die Entdeckung des CRISPR/Cas-Verfahrens 2020 den Nobelpreis für Chemie (<https://www.nobelprize.org>).

### 1.4 Trockenstress

„Stress“ ist ein vom Normalzustand abweichender physiologischer und/oder biochemischer Zustand, der mit Verletzungen, Krankheit, einer abweichenden Physiologie oder dem Tod der Pflanze einhergeht (Mahajan und Tuteja, 2005). Bei Pflanzen tritt Trockenstress auf, wenn zu wenig Wasser aufgenommen wird oder die Transpirationsrate zu hoch ist (Fahad et al., 2017). Trockenstress verursacht in der Pflanze durch die Verringerung des Wassergehaltes ein vermindertes Blattwasserpotenzial, Turgorverlust, die Schließung von Spaltöffnungen, die Abnahme der Zellvergrößerung sowie des Wachstums durch niedrigen Turgordruck und den Rückgang der Fotosyntheseleistung. Letzterer verursacht Störungen des Stoffwechsels und kann das Absterben der Pflanze zur Folge haben. Potenzielle Ertragsverluste variieren mit dem Stressausmaß und Entwicklungsstadium der Pflanze. Extreme Verluste können bis zu 92 % oder mehr betragen (Lesk et al., 2016; Farooq et al., 2014). Neben dem meteorologischen Begriff der „Trockenheit/Dürre“, d. h. einem Zeitraum ohne oder mit geringen Niederschlägen (Glossar of Meteorology, 1959), können diverse Umweltfaktoren – die auch in Kombination miteinander auftreten können – Trockenstress verursachen. Während Hitze die Transpirationsrate der Pflanze erhöht, verringern ein zu hoher Salzgehalt im Boden oder Temperaturen unter dem Gefrierpunkt die Wasseraufnahme über die Wurzel. Diese primären Stressfaktoren verursachen wiederum sekundäre Stressfaktoren, wie z. B. osmotischen oder oxidativen Stress (Haswell et al., 2008; Zhu, 2016; Basu und Haswell, 2017).

#### 1.4.1 Anpassungsstrategien der Pflanze

Unterschiedliche Strategien ermöglichen es der Pflanze sich an Trockenstress anzupassen. Diese Strategien werden in Flucht-, Toleranz-, Vermeidungs- und Erholungsstrategien unterteilt (Fang und Xiong, 2015; Chen et al., 2015).

Die Flucht- und Erholungsstrategien beziehen sich auf die Zeitspannen vor und nach der Dürre, z. B. von Pflanzen, die ihren Lebenszyklus vor dem Eintreten der Dürreperiode beenden oder sich nach einer Dürreperiode schnell erholen. Sie stellen daher keine direkte Anpassung gegenüber dem eigentlichen Trockenstress dar,

sondern ermöglichen das Überleben während der Abwesenheit des Trockenstresses (Chen et al., 2015). Anders verhält es sich mit den Vermeidungs- oder Toleranzstrategien: Die Vermeidungsstrategie ermöglicht es, durch vorzeitige Anpassung den Trockenstress zu verhindern. Eine mögliche Vermeidungsstrategie ist z. B. die Erhöhung des Wurzelwachstums in den frühen Stadien des Trockenstresses, sodass das interne Wasserpotenzialniveau und eine erhöhte Wassernutzungseffizienz während der Dürreperiode aufrechterhalten werden können (Chen et al., 2016). Alternativ kann das Welken/Rollen der Blätter die der Sonneneinstrahlung ausgesetzte Fläche und die Transpirationsrate reduzieren (Fang und Xiong, 2015). Trockenstresstoleranzstrategien wiederum beinhalten Mechanismen, die es der Pflanze erlauben, trotz des niedrigen internen Wasserpotenzials (WP) zu überleben. Diese Mechanismen sind z. B. osmotische Anpassung durch eine erhöhte Konzentration von anorganischen und organischen Substanzen im Zytoplasma zur Verbesserung der Wasserretention oder die Anpassung der Konzentration von Antioxidantien im Zytoplasma zur Regulierung von reaktiven Sauerstoffspezies (Fang und Xiong, 2015).

Der saisonale Kontext der Trockenstressperiode ist ein weiterer wichtiger Faktor, der die Strategie, die sich der Züchter zu nutzen machen kann, bestimmt. So wurde der Olam-Preis für Innovation in der Ernährungssicherheit im Jahr 2017 für eine schnell wachsende Hartweizensorte verliehen, die durch eine frühe Abreife vor Eintreten der Dürre, Trockenstress vermeidet (<http://olamgroup.com/>).

### **1.4.2 Calciumsignale und Trockenstress**

Auf molekularer Ebene wurde nachgewiesen, dass drei Proteinkanalfamilien in Wurzel- und Blatzellen mechanisch und osmosensitiv den Einstrom von Calcium in das Zytoplasma sowie die Initiierung eines spezifischen Calciumsignals bei Trockenstress verursachen (Haswell et al., 2008; Zhu, 2016; Basu und Haswell, 2017).

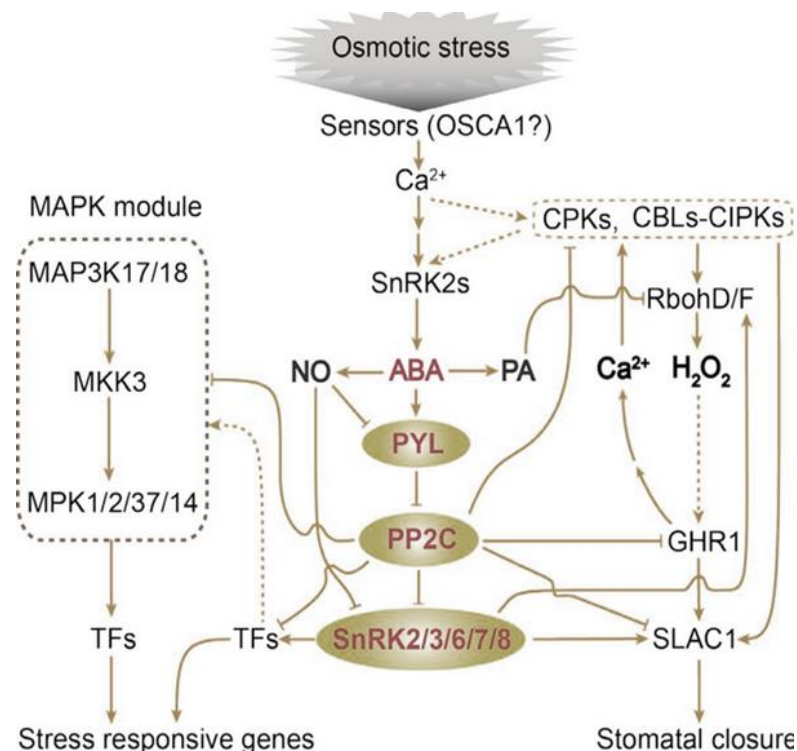
Calciumsignale sind zelluläre oszillierende Calciumkonzentrationen, die durch ein Zusammenspiel diverser molekularer Komponenten in allen Kompartimenten pflanzlicher Zellen entstehen (Hashimoto und Kudla, 2011).



Die an dem Calciumsignal beteiligten Komponenten können entsprechend den folgenden drei Hauptfunktionen, die erforderlich sind, um ein solches Signal zu formen, kategorisiert werden: (I) Calciumeinstrom, (II) Calciumausstrom und (III) Decodierung des Calciumsignals. Einige zentrale Komponenten des Calciumsignalnetzwerks wurden bereits identifiziert: Der vakuoläre zweiporige Kanal 1 (*two pore channel 1* [TPC1]) fungiert als zentrale regulative Emitter- und Empfängerkomponente von Calciumkonzentrationen im Zytoplasma (Peiter, 2011). Darüber hinaus wurde nachgewiesen, dass das *Respiratory Burst Oxidase Homolog* [RbohD] das lokale Calciumsignal mittels der Aktivierung von Plasmamembran-NADPH-Oxidasen und der dadurch initiierten Produktion von Wasserstoffperoxid (H<sub>2</sub>O<sub>2</sub>) in ein systemisches selbstpropagierendes Zellsignal umwandelt (Steinhorst und Kudla, 2013). Kinasen, die diese Signale entschlüsseln, gehören entweder zu den Calcium-abhängigen Proteinkinasen (*calcium-dependent protein kinases* [CDPKs]), den nicht Saccharose-nicht-fermentierende 1-verwandten Proteinkinasen (*sucrose non-fermenting-1-related protein kinases* [Snrks]), den Phosphoenolpyruvat(PEP)-Carboxykinasen (PPCKs), den Calcium-Calmodulin-abhängigen Proteinkinasen (*Ca<sup>2+</sup>/calmodulin-dependent protein kinase* [CCaMKs]), den PEP-Carboxylase-Kinase-verwandten Kinasen (*PEP-carboxylase related kinases* [PEPCRKs]) und schließlich den CDPK-verwandten Kinasen (Edel et al., 2017). Proteine der SNRK3.2-Familie interagieren mit den sogenannten Calcineurin-B-ähnlichen Proteinen (*calcineurin B like proteins* [CBLs]) und werden daher als CBL-interagierende Phosphokinasen (*CBL-interacting protein kinases* [CIPKs]) bezeichnet. CIPKs haben sich als wichtige Schlüsselregulatoren für die Calciumsignalübertragung erwiesen (Zhu et al., 2013; Zhu, 2016) und regulieren die korrekte Wahrnehmung verschiedenster abiotischer Belastungen, wie Salzgehalt im Boden bzw. Kälte, Hitze oder Trockenheit (Sun et al., 2015). In *Arabidopsis thaliana* wurden 26 CIPKs und 10 CBLs identifiziert, während im Brotweizen bisher etwa 79 CIPKs und 24 CBLs bekannt sind (Sun et al., 2015). Die Überexpression der Weizenproteinkinasen TaCIPK2 (Wang et al., 2016), TaCIPK23 (Ciu et al., 2018), TaCIPK14 (Deng et al., 2013a), TaCIPK29 (Deng et al., 2013b) führte in transgenem Tabak zu einer erhöhten Trockenstresstoleranz (Sun et al., 2015).

Das Phytohormon Abscisinsäure (*abscisic acid* [ABA]) ist ein weiteres zentrales, regulatives Element für die Stoffwechselreaktionen der Pflanze auf osmotischen

Stress (Bray, 1997; Zhu, 2016). Die folgende Abbildung illustriert, inwiefern ABA in die molekularen Trockenstressstoffwechselprozesse involviert ist (vgl. Abbildung 2).



**Abbildung 2: Osmotischer Stress und beteiligte pflanzliche Stoffwechselprozesse.**

Veränderungen der Osmolarität werden mittels osmosensitiver Kanalproteine, wie z. B. OSCA1 auf der Oberfläche der Pflanzenwurzel- und Blattzellen wahrgenommen. Sie induzieren einen Anstieg der intrazellulären Calciumkonzentration. Diese aktiviert die *Sucrose non-fermenting-1-related protein kinases* [Snrks], die wiederum die Synthese von Abscinsäure (*abscic acid* [ABA]) in der Zelle erhöhen. ABA aktiviert SnRKs, indem es die inhibierende Komplexbildung der SnRKs mit dem Protein Phosphatase 2C (PP2C) und *PYRABACTIN RESISTANCE1 (PYR1) / PYR1-LIKE (PYL)* hemmt. PP2C und die SnRK-Kinasen wiederum aktivieren Transkriptionsfaktoren, das *SLOW-ANION-CHANNEL-ASSOCIATED1 (SLAC1)*-Protein und das *Respiratory-Burst-Oxidase-Homolog (RbohD)*-Protein. RbohD steigert die Synthese von H<sub>2</sub>O<sub>2</sub>, welches wiederum das lokale Calciumsignal in ein systemisches selbstpropagierendes Zellsignal umwandelt bzw. die Ausschüttung von Calcium mittels des *GUARD-CELL-HYDROGEN-PEROXIDE-RESISTANT1(Ghr)*-Proteins in anderen Zellen der Pflanze stimuliert. Komponenten des ABA-Signalswegs sind rot eingefärbt. Pfeile und Balken stellen die Aktivierung bzw. Hemmung der einzelnen Elemente dar (Zhu, 2016).

Es wird angenommen, dass die Synthese von ABA durch Kinasen der Snrk2-Superfamilie aktiviert wird (Zhu, 2016, vgl. Abbildung 2). Diese SnRK2-Kinasen könnten wiederum durch CPK- und CBLs-CIPK-Kinasen reguliert werden (vgl. Abbildung 2)

In Abwesenheit von ABA bindet eine Proteinphosphatase 2C (PP2C) und hemmt die Funktionen verschiedenster SnRKs. In der Gegenwart von ABA bilden PP2C- und PYL-Faktoren neue Komplexe, die eine Freisetzung, Autophosphorylierung und Aktivierung unterschiedlichster SnRK-Kinasen ermöglichen (Zhu, 2016). SnRK2-Kinasen wiederum kontrollieren die Aktivität vieler wichtiger Transkriptionsfaktoren wie bZIP, MYB (Myeloblastose) und Zinkfinger, die wiederum verschiedenste molekulare, biochemische und physiologische Prozesse wie die Keimung, das vegetative Wachstum, die Fortpflanzung, das Wurzelwachstum, den Stomataschluss und die Bestockung kontrollieren (Zhu, 2016, vgl. Abbildung 2).

Neben den mit dem Phytohormon ABA in Zusammenhang stehenden und davon abhängigen Stoffwechselreaktionen existieren auch ABA-unabhängige Stoffwechselreaktionen, die eine Anpassung gegenüber Trockenstress regulieren. Dehydrations-responsive elementbindende Proteine (DREPs) sind z. B. Transkriptionsfaktoren, die unabhängig von ABA aktiviert werden und die Aktivität von Proteinen der späten Embryogenese (*late embryogenesis-abundant* [LEA]) - Proteine und die Synthese von Dehydrinen für die Proteinfaltung bzw. Membranstabilität regulieren (Budak et al., 2013). ABA-unabhängige Signalwege und ABA-abhängige Signalwege sowie Komponenten der Calciumsignalkaskade interagieren jedoch stark in allen Kompartimenten der Zelle (Zhu, 2016).

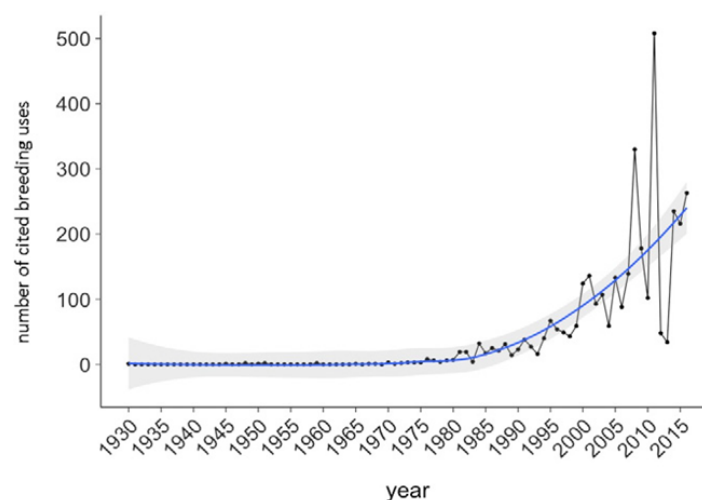
### **1.5 Die genetische Erosion**

Die genetische Vielfalt tetra- und hexaploider Weizenarten wurde durch die Anzahl der Allopoloidisierungsereignisse und die daran beteiligten Gründerlinien limitiert (Schmutzer et al., 2015; Charmet, 2011; Peng et al., 2011). Später reduzierte die moderne Züchtung die Alleldiversität dieser Nutzpflanzen weiter ( Tanksley und

McCouch, 1997) und verminderte somit das genetische Repertoire, um sich gegenüber schnell verändernden Umweltbedingungen und Schädlingen anzupassen (Tanksley und McCouch, 1997; Fu und Somers, 2009). So weisen z. B. bis zu 90 Prozent der aktuellen Eliteweizensorten Mutationen des *Rht1*- oder *Rht2*-Gens (vgl. Kapitel 1.2) auf, die im Rahmen der Grünen Revolution eingeführt wurden (Knopf et al., 2008).

Im Jahre 1926 veröffentlichte der sowjetische Botaniker Nikolai Vavilov, dass die genetische Diversität im Ursprungszentrum ihrer Entstehung am größten ist und prägte in diesem Zusammenhang den Begriff der Genzentren (Cohen und Loskutov, 2016). Vavilov war somit einer der ersten Wissenschaftler, der den Wert pflanzengenetischer Ressourcen (PGR) erkannte (Cohen und Loskutov, 2016).

Die ersten Diskussionen über PGR in der FAO begannen 1948, aber erst 1967 wurde von der Ernährungs- und Landwirtschaftsorganisation eine wissenschaftliche Konferenz zur Erhaltung, Bewertung und Dokumentation pflanzengenetischer Ressourcen organisiert (FAO, 2002). Bald nach dieser Konferenz wurde die Idee von Genbanken und die Verwendbarkeit bzw. der Wert von Wildpflanzenarten für die Pflanzenzüchtung populär (Frankel und Bennet, 1970; Frankel, 1970; Hawkes, 1991). Seit 1980 hat die Zahl der zitierten Verwendungen von Wildarten (*crop wild relatives* [CWR]) in der Züchtung weltweit zugenommen (vgl. Abbildung 3; Dempewolf et al., 2017).



**Abbildung 3: Zitierte Nutzung von Wildsorten für Züchtungszwecke** (Dempewolf et al., 2017).

Die PGR des Weizens werden unterschiedlich kategorisiert: Pflanzen, die vollständig, teilweise oder gar kein homologes Genom zum hexaploiden Genom des Weizens besitzen, werden dem primären, sekundären bzw. tertiären Genpool zugeordnet. Die wilden Verwandten des Weizens, Einkorn (AA), Wildemmer (BBAA) und Ziegengras (DD), gehören daher zum primären Genpool, während *T. timopheevii* (GGAA), *T. zhukovskyi* (GGAAAA) oder *Secale Cereale* (RR) dem sekundären und tertiären Genpool zugeordnet werden (Chaudhary et al., 2014; Kilian et al., 2010). Sie weisen unterschiedliche Grade der sexuellen Kompatibilität auf (Chaudhary et al., 2014; Michelmore, 2003).

Der Einsatz dieser Wildweizenarten in konventionellen Züchtungsprogrammen ist eine anspruchsvolle und zeitaufwendige Aufgabe, da häufig neben dem Zielmerkmal unerwünschte Eigenschaften/Genomregionen von den Wildarten in die Nachkommen übertragen werden (Dempewolf et al., 2017). Diese Introgressionen können die Zielregion direkt flankieren, d.h. eine Kopplung (*linkage*) aufweisen (Brown et al., 1989) bzw. sich auf demselben oder einem anderen Chromosom befinden.

Das Ziel des *Prebreeding* besteht daher darin, wünschenswerte Eigenschaften bzw. die damit im Zusammenhang stehenden Gene in Wildmaterial zu identifizieren und in für die Züchter nutzbares Zuchtmaterial zu übertragen (Dempewolf et al., 2017).

### 1.6 Vorergebnisse zu dieser Arbeit

Die Option, dass PGR wertvolle Eigenschaften enthalten, motivierte in den 1980er Jahren Forscher der Universität Haifa und der Hebräischen Universität Jerusalem, die genetische Evolution und Vielfalt von wildem Getreide, insbesondere von Wildgerste und Wildemmer, dem ältesten gemeinsamen Vorfahren von Hart- und Brotweizen, ökogeografisch, metabolisch und molekular näher zu untersuchen (Nevo, 1982; 1986; 1995).

Wildemmer wurde in den Folgejahren erfolgreich verwendet, um relevante genomische Regionen aus dem A- oder B-Genom in Brot- und Hartweizen zu übertragen (Fahima et al., 1999; Peleg et al., 2005). Beispiele erfolgreich übertragener Gene

und QTL aus dem Wildemmer in Weizen-Elitesorten beziehen sich hauptsächlich auf biotischen Stress, wie Resistenzgene gegen Braunrost (*Puccinia triticina*) (*Lr53*), Mehltau (*Blumeria graminis*) (*Pm16*), Gelbrost (*Puccinia striiformis*) (*Yr15*, *Yr35*, *Yr36*) oder Fusarium (*Qfhs.ndsu*) (Xie und Nevo, 2008).

Im Jahr 2005 testeten die Forscher der Hebräischen Universität Jerusalem (HUJI) die Dürresistenz von 110 Wildemmerweizen-Akzessionen aus ganz Israel und wiesen nach, dass einige Wildemmergenotypen eine höhere Trockenstresstoleranz aufwiesen als kultivierte Durum-Eliteweizen (Peleg et al., 2005).

Mittels einer biparentalen Population der trockenstressoleranten Wildemmerakzession G18-16 und dem Durumweizen Langdon wurde eine genetische Karte erstellt, um die mit der Trockenstresstoleranz in Zusammenhang stehenden QTL zu identifizieren (Peleg et al., 2008; Peleg et al., 2009) und anschließend ausgewählte QTL des Wildemmers auf Chromosom 2BS und 7AS in israelische Brot- und Hartweizenelitelinien zu übertragen (Merchuk-Ovnat et al., 2016).

Die etablierten nahen isogenen Linien (NILs), die NIL-U-2B-1 sowie die NIL-B-7A-2, wiesen eine höhere Trockenstresstoleranz als der jeweils genutzte Eliteelter, Uzan (Hartweizen) und BarNir (Brotweizen), auf (Merchuk-Ovnat et al., 2016). Beide NILs wiesen jedoch auch zusätzliche unerwünschte Merkmale wie eine Zunahme der Wuchshöhe und eine erhöhte Anzahl von Tagen bis zur Blüte auf – Eigenschaften, die in den Eliteeltern zuvor nicht beobachtet wurden und vermutlich auf zusätzliche Introgressionen des Wildelters zurückzuführen sind.

### **1.7 Kontext, Hypothese und Zielsetzung**

Diese Arbeit beruht auf der Hypothese, dass die zuvor in die NIL-U-2B-1 und NIL-B-7A-2 eingekreuzten QTL einen erhöhten Ertrag unter Kontroll- und Trockenstressbedingungen in der NIL-U-2B-1 sowie eine erhöhte Trockenmasse der Ähre unter Trockenstressbedingungen in der NIL-B-7A-2 bedingen (Peleg et al., 2009; Merchuk-Ovnat et al., 2016) und dass ertragsmindernde Merkmale der NIL durch zusätzlich eingekreuzte Genomfragmente des Wildemmers verursacht werden (Merchuk-Ovnat et al., 2016). Zu berücksichtigen ist, dass nur für die NIL-U-2B-1 ein erhöhter Ertrag festgestellt wurde. Jedoch betrachteten Merchuk-Ovnat et al. (2017) die für die NIL-B-7A-2 beobachtete erhöhte Trockenmasse der Ähre unter

Trockenstressbedingungen als ein Merkmal, das mit dem Ertrag korreliert und möglicherweise, nach Reduktion der zusätzlich eingekreuzten Genomfragmente des Wildemmers, einen erhöhten Ertrag begünstigen könnte. Die Ziele dieser Arbeit waren daher:

- (i)** Die Identifikation genomischer Regionen des Wildelters, die in die NILs übertragen wurden.
- (ii)** Die Verifizierung und Eingrenzung der QTL auf Basis einer neuen hochauflösenden genetischen Karte sowie die Entwicklung neuer molekularer Marker für eine Feinkartierung.
- (iii)** Die Etablierung, Genotypisierung und Phänotypisierung zweier Sub-NIL-Populationen zur Feinkartierung beider QTL.
- (iv)** Die Identifikation von Kandidatengen innerhalb der eingegrenzten QTL.

Um diese Ziele zu erreichen, sollten die NILs, die Eliteeltern, die Wildemmerakzession G18-16 sowie die anfälligen Eltern Langdon mit dem 15k-iSelect-Chip genotypisiert und die entsprechenden Allelinformationen miteinander verglichen werden (vgl. Ziel i).

Anschließend sollte die ursprüngliche Kartierungspopulation von Peleg et al. (2009) genotypisiert werden, um eine neue, hochauflösende genetische Karte zu erstellen und die QTL-Regionen auf den Chromosomen 2B und 7A zu bestätigen bzw. einzugrenzen (vgl. Ziel ii).

Abschließend sollten durch eine erneute Rückkreuzung der NILs mit den Eliteeltern Sub-NIL-Populationen etabliert werden, die hinsichtlich der bestätigten und eingekreuzten QTL-Bereiche segregieren (vgl. Ziel iii). Mittels neu entwickelter molekularer Marker sollten Rekombinanten in den Sub-NIL-Populationen identifiziert und phänotypisiert werden, um die Größe der QTL sowie Kandidatengenzahl weiter einzugrenzen (Ziel iii und iv).

## 2 Material und Methoden

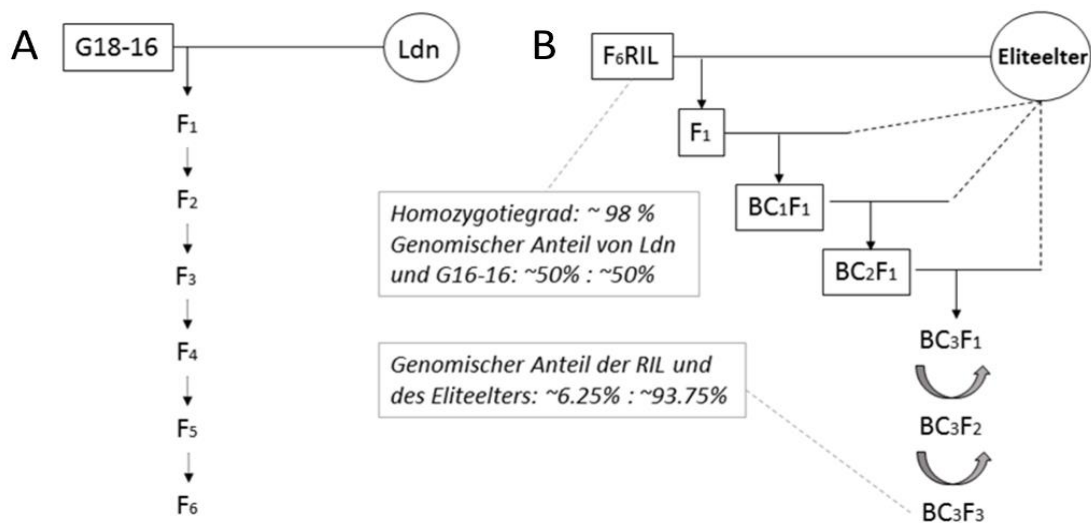
Nachfolgend wird nach der Vorstellung des Pflanzenmaterials in Kapitel 2.1 zunächst die Analyse der Allelinformationen und Genotypisierung der NIL in Kapitel 2.2 erläutert. Diese ist die Grundlage dafür, um die aus dem Wildelter eingekreuzten Genomregionen in den NIL zu identifizieren (vgl. Ziel i Kapitel 1.7). Kapitel 2.3 beschreibt die verwendeten Methoden für die Rekartierung der zuvor von Peleg et al., (2009) identifizierten QTL auf Basis der von Peleg et al., (2009) verwendeten Kartierungspopulation und phänotypischen Daten (vgl. Ziel ii Kapitel 1.7).

Abschließend bezieht sich Kapitel 2.4 auf die Etablierung der Sub-NIL-Population sowie die Genotypisierung und Phänotypisierung ausgewählter SubNILs für die Feinkartierung beider QTL (vgl. Ziel iii in Kapitel.1.7).

### 2.1 Pflanzenmaterial

Die trockenstresstolerante Wildemmerakzession G18-16 stammt aus dem Jordantal nahe der israelischen Siedlung Gitit (35°24 N, 32°06'E, 288,4 m ü. M) (Peleg et al., 2005). Langdon (Ldn) ist eine modifizierte Emmerrückkreuzung mit der Hartweizensorte Khapli (zuerst veröffentlicht von der *North Dakota Experimental Station*, Fargo, ND, USA (Heyne, 1959)). Für die Etablierung der NIL wurden zuvor ausgewählte rekombinante Inzuchtlinien (RILs) der originalen Kreuzungspopulation von Peleg et al. (2009) mit dem Eliteelter Uzan (Hartweizen, tetraploid) und BarNir (Brotweizen, hexaploid) gekreuzt (Merchuk-Ovnat et al., 2016), wobei die Bezeichnung „NIL-a-bc-d“ auf den ersten Buchstaben des Eliteelters (a) und das Chromosom mit der Introgression (bc) hinweist. Die im Anschluss stehende Zahl (d) dient der exakten Bezeichnung der NIL, da zuvor mehrere NILs für beide QTL erstellt wurden und die NILs sich in der Größe der übertragenen QTL-Regionen deutlich unterscheiden (Merchuk-Ovnat et al., 2016). In Abbildung 4 ist dargestellt, welche Genotypen für die Erstellung der NILs miteinander gekreuzt wurden.





**Abbildung 4: Pedigree der NIL-U-2B-1 und NIL-7A-2.** (A) Die Wildemmerakzession G18-16 wurde zunächst von Peleg et al. (2009) mit der Hartweizenakzession Langdon (Ldn) gekreuzt, um eine segregierende F<sub>6</sub>-Kartierungspopulation und eine genetische Karte zu erstellen bzw. QTL für verschiedenster Merkmale unter Trockenstress zu identifizieren. (B) Basierend auf dieser Karte wurden ausgewählte F<sub>6</sub>RIL mit G18-16-QTL auf Chromosom 2B (F<sub>6</sub>RIL55) bzw. 7A (F<sub>6</sub>RIL12) mit den Eliteweizensorten Uzan (Durum) und BarNir (Brotweizen) gekreuzt (Merchuk-Ovnat et al., 2016). Die Pflanzen wurden anschließend mehrfach rückgekreuzt und abschließend geselbstet, um den genomischen Anteil des Wildelters zu reduzieren bzw. den Homozygotiegrad der NIL zu erhöhen.

## 2.2 Grafische Genotypisierung der nahe isogenen Linien

Um die aus dem Wildelter in die NIL übertragenen Regionen zu identifizieren, wurde DNA der NILs und zugehörigen Eltern, d. h. der F<sub>7</sub>RIL55, F<sub>7</sub>RIL12 sowie der Eliteeltern Uzan und BarNir (vgl. Abbildung 4) nach Doyle (1991) an der HUJI in Israel isoliert und von der Firma SGS TraitGenetics mittels des 15k-iSelect-Chips (<https://www.traitgenetics.com/>; Soleimani et al., 2020) genotypisiert. Anschließend wurden die Sequenzen der 15k-iSelect-Marker mit dem Wildemmergenom der Akzession Zavitan (Avni et al., 2017) mittels einer BLASTN-Suche (Altschul et al., 1990) unter Berücksichtigung folgender Parameter verglichen:

- Erwartungswert (*expectation value* [e-value]) = 0,01
- Suchwortgröße (*word size*) = 28

- Treffer-/Nichttrefferwerte (*match/mismatch scores*) = 1, -2
- Lückenkosten (*gap-costs*) = linear
- Filtern von Regionen mit geringer Komplexität = ja

Da die Markersequenzen aufgrund der Polyploidie des Wildemmergenoms signifikante Treffer auf dem A und B Genom des Wildemmers ergeben können, wurde die genetische Position der iSelect-Marker aus der Durum-Konsensuskarte von Maccaferri et al. (2014) berücksichtigt, um die Marker einem eindeutigen Chromosom zuzuordnen. Wurden mehrere Treffer in einem Bereich von mehr als 1 Mio. Basenpaare (Mbp) auf dem Chromosom der Konsensuskarte detektiert, so wurden die Marker aus der Analyse entfernt. ISelect-Marker, die einem eindeutigen Chromosom sowie einer physikalischen Position, aber keiner genetischen Position zugeordnet werden konnten, wurden dagegen berücksichtigt (Deblieck et al., 2020). Durch die physikalische Verankerung der Marker auf dem Wildemmergenom der Akzession Zavitan (Avni et al., 2017), war es außerdem möglich zusätzlich solche Marker zu berücksichtigen, die in einer klassischen biparentalen Kartierung nicht kartiert werden könnten, d. h. z.B. Marker, die zwischen G18-16 und Langdon, den Eltern der Kartierungspopulation, monomorph waren (vgl. Abbildung 4). Für die Bestimmung der Allelherkunft in den NILs, wurden die Allelinformationen der iSelect Marker der NIL, G18-16, Langdon, dem Eliteelter sowie jeweiligen RIL, die für die Erstellung der NIL verwendet wurde (vgl. Abbildung 4), nach dem in Tabelle 1 dargestellten Schema miteinander verglichen.

**Tabelle 1: Bestimmung der Allelherkunft in den NILs mittels der Genotypdaten der Kreuzungseltern** (modifiziert nach Deblieck et al., 2020).

| Elter* |         |     |    | NIL | Allelherkunft                   |
|--------|---------|-----|----|-----|---------------------------------|
| G18-16 | Langdon | RIL | RE |     |                                 |
| A      | T       | T   | T  | T   | <i>Langdon oder RE</i>          |
| T      | A       | T   | T  | T   | <i>G18-16 oder RE</i>           |
| T      | T       | T   | A  | T   | <i>G18-16 oder Langdon</i>      |
| T      | A       | A   | T  | T   | <i>RE</i>                       |
| A      | T       | A   | T  | A   | <i>G18-16**</i>                 |
| T      | A       | A   | T  | A   | <i>Langdon</i>                  |
| H      | N       | N   | N  | N   | <i>Keine Aussage möglich***</i> |
| -      | N       | N   | N  | N   |                                 |

\*N = (A, G, T, C); H = (M, R, K, W, S, Y, K) (vgl. Johnson et al., 2010), RIL = rekombinante Inzuchtlinie, NIL = nahe isogene Linie, RE = rekurrenter Eliteelter (d.h. Uzan oder BarNir), \*\* Marker, die es ermöglichen Introgressionen des Wildelters in den NIL eindeutig zu identifizieren. Diese Marker sind polymorph zwischen Langdon und G18-16, jedoch monomorph zwischen Langdon und dem rekurrenten Elter. \*\*\* In solchen Fällen, in denen ein Elter heterozygote Informationen aufweist oder Allelinformationen nicht verfügbar waren, war eine eindeutige Zuordnung der Allelherkunft nicht möglich

### **2.2.1 Die Entwicklung der Software *GenoTypeMapper***

Für die umfassende Bestimmung der Allelherkunft in den NILs nach dem in Tabelle 1 dargestellten Schema sowie zur grafischen Darstellung der Ergebnisse wurde in dieser Arbeit eine Java-Software (Arnold et al., 2005) namens *GenoTypeMapper* (GTM) unter Nutzung der Entwicklungsumgebung Eclipse ([www.eclipse.org](http://www.eclipse.org)) sowie der Laufzeitumgebung (*Java Runtime Environment* [JRE]) 1.8.0\_231 entwickelt (Deblieck et al., 2020). Da die Software ein Ergebnis dieser Arbeit ist, werden nähere Informationen zur Funktionsweise von GTM in den Kapiteln 3.1 und 4.1 näher erläutert.

### **2.3 Kartierung und Bestätigung der QTL**

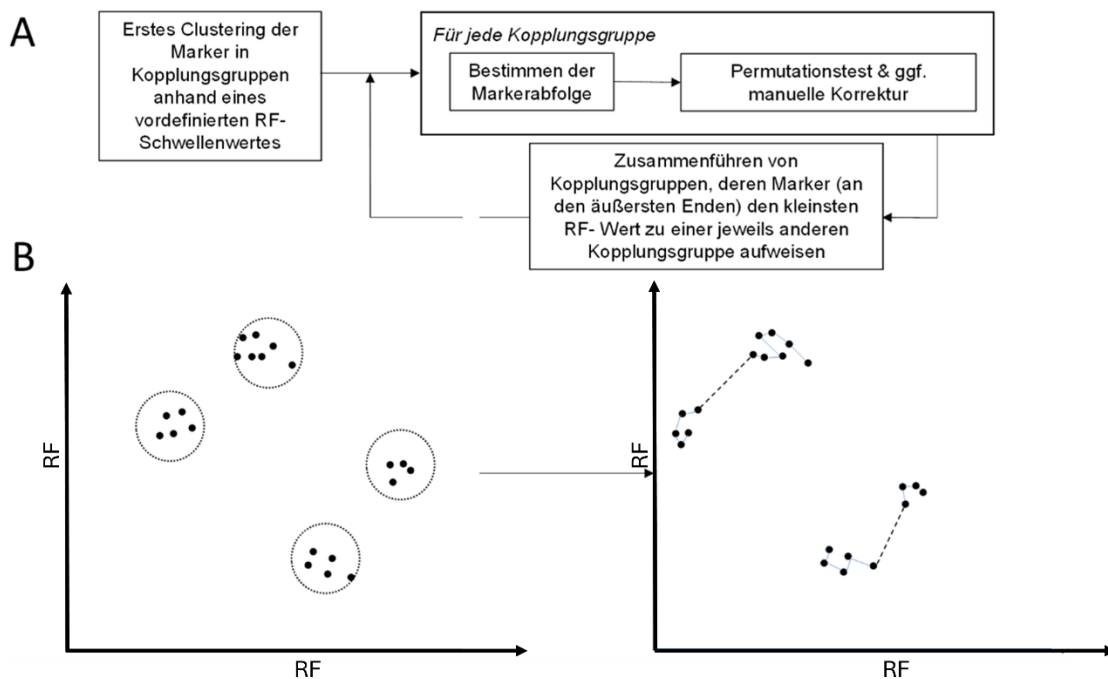
Für die Erstellung einer hochauflösenden genetischen Karte wurde DNA der F<sub>7</sub>-Nachkommen der ursprünglichen Kartierungspopulation von Peleg et al. (2009) nach Doyle (1991) an der HUJI in Israel isoliert und ebenfalls von der Firma SGS TraitGenetics mittels des 15k-iSelect-Chips (<https://www.traitgenetics.com/>) genotypisiert.

Die Berechnung der genetischen Karte wurde mithilfe der Software MultiPoint-ultra-dense (<http://www.multipoint.com>; Ronin et al., 2017) durchgeführt. Zu diesem Zweck wurden zunächst iSelect-Marker und Genotypen mit unzureichender Allelinformationen, d. h. mit mehr als 10 % Fehlstellen, entfernt (vgl. auch Ronin et al., 2017). Aufgrund der wiederholten Selbstungen und des hohen zu erwartenden Homozygotiegrades der F<sub>7</sub>-Nachkommen der ursprünglichen Kartierungspopulation (vgl. Abbildung 4) betrug die zu erwartende Spaltung der kodominanten iSelect-SNP-Marker ~1:1. Da Marker mit abweichenden Spaltungsverhältnissen die Qualität der genetischen Kartierung beeinflussen können (Lorieux et al., 1995), wurden Abweichungen von dieser zu erwartenden Spaltung für jeden einzelnen Marker mittels eines Chi<sup>2</sup>-Tests ( $\chi^2$ ) (Pearson 1900) ermittelt und Marker mit sehr großen Abweichungen, d.h. ab einem  $\chi^2 > 35$ , entfernt. Dieser  $\chi^2$  Schwellenwert wurde zuvor in Abhängigkeit von der verbleibenden Markerzahl mittels Multipoint nach Ronin et al. (2017) bestimmt und stellt den optimalen Grenzwert dar, um einen möglichst großen

Anteil der Marker in die Kartierung zu integrieren. MultiPoint ermöglicht es während des Kartierungsprozesses die Qualität der genetischen Karte zu bestimmen und bei Bedarf vereinzelt störende Marker zu entfernen. Aus diesem Grund wurde der von Ronin et al. (2017) verwendete wenig stringente  $\chi^2$  Grenzwert beibehalten. Anschließend wurde die Rekombinationsfrequenz (RF) jeder Markerkombination wie folgt nach Morgan (1911) berechnet:

$$\text{Rekombinationsfrequenz (RF)} = \left( \frac{\text{Rekombinante Nachkommen}}{\text{Gesamtzahl Nachkommen}} \right) * 100 \%$$

Abbildung 5 illustriert die Zwischenschritte der genetischen Kartierung.



**Abbildung 5: Der genetische Kartierungsprozess.** (A) Zunächst wurden die vorgefilterten Markerinformationen mittels eines Rekombinationsfrequenz (RF)-Schwellenwertes in Kopplungsgruppen unterteilt. Anschließend wurde die Abfolge der Marker innerhalb der Kopplungsgruppen bestimmt und die Gruppen anhand ihrer End-zu-End-Assoziationen zusammengeführt. (B) In den beiden unteren Abbildungen sind die Marker als Punkte dargestellt, wobei der Abstand zwischen den Punkten die RF zwischen den Markern in einem zweidimensionalen Raum darstellt. Durch die Bestimmung eines vordefinierten RF-Schwellenwertes (gepunktete Kreislinien) wurden die einzelnen Marker zunächst in Kopplungsgruppen unterteilt, um anschließend die wahrscheinlichste Anordnung der Marker innerhalb dieser Gruppen zu bestimmen (vgl. durchgängige Linien zwischen den Punkten) und die Kopplungsgruppen anhand ihrer End-zu-End-Assoziationen anschließend zusammenzuführen (gestrichelte Linie).

Um die Bildung falscher Kopplungsgruppen zu vermeiden, wurden für die Erstellung der ersten Kopplungsgruppen die Marker, die zueinander eine  $RF < 0,2$  aufwiesen, in Kopplungsgruppen unterteilt und ihre wahrscheinlichste Anordnung innerhalb der Gruppen in cM nach Kosambi (1943) berechnet (vgl. Abbildung 5). Die Qualität der vorhergesagten Markerabfolge wurde mittels eines Permutationstests validiert, um ggf. störende Marker manuell zu entfernen (vgl. Abbildung 5). Abschließend wurden die Kopplungsgruppen hinsichtlich ihrer End-zu-End-Assoziationen, d. h. den Rekombinationswerten, welche die an den äußersten Enden der Kopplungsgruppen lokalisierten Marker zueinander aufwiesen, zusammengeführt (vgl. Abbildung 5, Fatiukha et al., 2021). Dieser Prozess wurde rekursiv wiederholt bis 14 Gruppen entsprechend der Chromosomenzahl des Wildemmers gebildet werden konnten.

Für die Absättigung der QTL mit zusätzlichen Markern sowie die Eingrenzung und Bestätigung der Wildemmer-QTL auf Chromosom 2B (QTL für Kornertrag bzw. Ernteindex) und 7A (Trockenmasse der Ähre) wurden die Genotypdaten der F7-Kartierungspopulation und Phänotypdaten der F6-Kartierungspopulation von Peleg et al. (2009) verwendet (Fatiukha et al., 2021). Die Phänotypdaten wurden von der HUJI von Herrn Prof. Saranga zur Verfügung gestellt. Mittels der Software MultiQTL (<https://www.multiqtl.com/>) wurde eine Einzelmerkmalsanalyse für jedes Chromosom durchgeführt. Die Signifikanz der QTL wurde mittels eines Permutationstests mit 1000 Wiederholungen berechnet und signifikante QTL mit einem Wahrscheinlichkeitswert (*Propability score [P]*)  $< 0.05$  selektiert.

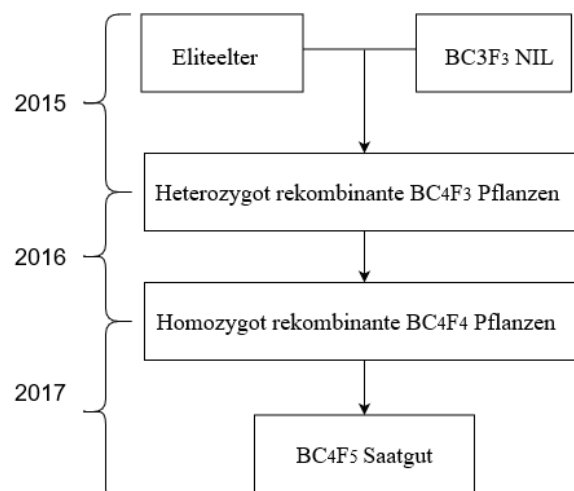
Die rekonstruierten QTL dienten schließlich der Identifikation von iSelect-Markern, die die QTL enger flankieren bzw. in einem Abstand von 1 cM über das QTL-Intervall verteilt sind. Für die später geplante Feinkartierung (vgl. Ziel III in Kapitel 1.5) wurden für die SNPs dieser iSelect Marker kompetitive allelspezifische PCR (KASP)-Marker (<https://www.biosearchtech.com/>) am Julius Kuehn-Institut (JKI) in Quedlinburg entwickelt und die PCR-Analysen nach Yi et al. (2017) durchgeführt. Falls kein entsprechender KASP-Primer aus der Literatur bekannt war (Ramirez-Gonzalez et al. 2015) oder entwickelt werden konnte, wurden die Bereiche um den iSelect-Marker sequenziert und auf die Entwicklung von CAPS- oder SSR-Marker zurückgegriffen. Alle molekularen Marker sowie PCR-Programme wurden auf den DNA-Proben der F7-Nachkommen der ursprünglichen Kartierungspopulation getestet und die Ergebnisse anschließend mit denen des 15K iSelect chips, die zuvor für

die Kartierung der iSelect Marker verwendet wurden (vgl. Kapitel 2.3, S24; Fatiukha et al., 2021), verglichen.

### 2.4 Feinkartierung der QTL

#### 2.4.1 Etablierung und Phänotypisierung der Sub-NIL-Populationen

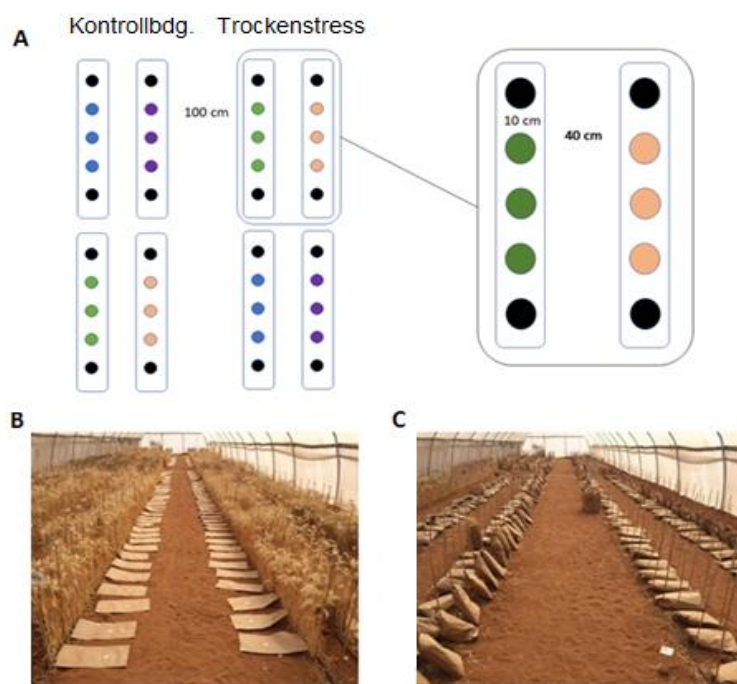
Sub-NILs beider QTL wurden durch die Kreuzung der BC<sub>3</sub>F<sub>3</sub>-NIL (Bestäuber) mit dem Eliteelter (Mutterpflanze) auf der Versuchsstation der HUJI in Rehovot (31°54'N, 34°47'E, 54 m ü. M) erstellt und die zugehörigen DNA-Proben am JKI in Quedlinburg genotypisiert (vgl. Abbildung 6). Anschließend wurden heterozygot re-kombinante BC<sub>4</sub>F<sub>3</sub>-Pflanzen selektiert, geselbstet und das daraus resultierende BC<sub>4</sub>F<sub>4</sub>-Saatgut erneut genotypisiert, um repräsentative homozygot rekombinante BC<sub>4</sub>F<sub>4</sub>-Pflanzen für die Produktion des BC<sub>4</sub>F<sub>5</sub>-Saatguts und die im Anschluss geplanten Trockenstressexperimente zu selektieren (vgl. Abbildung 6).



**Abbildung 6: Etablierung der BC<sub>4</sub>F<sub>4</sub> Sub-NILs.** BC<sub>4</sub>F<sub>3</sub>-Pflanzen wurden durch das Kreuzen der BC<sub>3</sub>F<sub>3</sub>-NIL (NIL-U-2B-2 sowie NIL-B-7A-1) mit dem jeweiligen Eliteelter (Uzan und BarNir) erstellt. Die NIL wurde als Bestäuber verwendet. Im Jahr 2016 wurden die BC<sub>4</sub>F<sub>3</sub>-Pflanzen genotypisiert, um Pflanzen mit repräsentativen Rekombinationen entlang des Zielintervalls zu identifizieren. Anschließend wurden BC<sub>4</sub>F<sub>4</sub>-Nachkommen der BC<sub>4</sub>F<sub>3</sub>-Pflanzen mit den zuvor entwickelten molekularen Marken genotypisiert, um homozygote rekombinante Pflanzen zu identifizieren. Diese wurden verwendet, um ausreichend BC<sub>4</sub>F<sub>5</sub>-Saatgut für die Trockenstressversuche in den Jahren 2017 bis 2019 zu produzieren. Die Erstellung des Pflanzenmaterials erfolgte an der HUJI in Israel, die molekularen Analysen am JKI in Quedlinburg.

## Material und Methoden

Die Trockenstressexperimente in den Jahren 2017 und 2018 wurden in Israel auf der Versuchsstation der HUJI durchgeführt. Zu diesem Zweck wurden zehn BC<sub>4</sub>F<sub>5</sub>-Sämlinge eines Genotyps (vgl. Abbildung 7) bei 4 °C für zwei Wochen in einem dunklen Vernalisationsraum in feuchtem Filterpapier angezogen und die Keimpflanzen anschließend Anfang Dezember in zwei insektengeschützte Rainout Shelter gepflanzt. Trockenstress- und Kontrollbedingungen wurden mittels eines Tröpfchenbewässerungssystems in einem Split-Block-Design simuliert (vgl. Abbildung 7). Der rotbraune Sandlehmboden (Rhodoxeralf) (vgl. Abbildung 7) bestand zu 76 % aus Sand, 16 % Ton und 8 % Schluff (Merchuk-Ovnat et al., 2016). Von der Pflanzung im Dezember bis zur Ernte im April/Mai wurden die Pflanzen ein- bzw. zweimal pro Woche mittels eines Tröpfchenbewässerungssystems bewässert. Die saisonale Gesamtwassermenge im Jahr 2017 betrug 350 mm (Trockenstress) und 650 mm (Kontrollbedingungen). Im Jahr 2018 wurde der Trockenstress erhöht und 201 mm (Trockenstress) bzw. 650 mm (Kontrollbedingungen) Wasser ausgebracht.



**Abbildung 7: Split-Block-Design, das auf der experimentellen Farm der Hebräischen Universität Jerusalem in Rehovot, Israel, genutzt wurde** (modifiziert nach Deblieck et al., 2022).

(A) Ein Split-Block-Design mit fünf Wiederholungen pro Genotyp und Umwelt wurde verwendet. Jeder Block bestand aus zwei Hauptparzellen. Die Blöcke, Reihen und Pflanzen waren 100, 40 und 10 cm voneinander entfernt. Abbildungen (B) und (C) zeigen den Versuch kurz vor und nach der Ernte.

Im Jahr 2019 wurden die BC<sub>4</sub>F<sub>5</sub>-Sub-NILs nicht in den Rainout Shelters der HUJI in Israel, sondern auf der Hochdurchsatz-Phänotypisierungsplattform (LemnaTec-129 Scanalyzer 3D) (<http://www.lemnatec.com>) des Leibniz-Institutes für Pflanzengenetik und Kulturpflanzenforschung (IPK) in Gatersleben, Deutschland (51.82 N°, 11.28 E°) (Abbildung 8) phänotypisiert (Deblieck et al., 2022).



**Abbildung 8: LemnaTec-Anlage am Leibniz-Institut Pflanzengenetik und Kulturpflanzenforschung in Gatersleben** (modifiziert nach Deblieck et al., 2022).

Zu diesem Zweck wurden zunächst Töpfe mit einem Fassungsvermögen von zwei Litern zu gleichem Anteil mit Erde sowie dem Substrat Klasmann Nummer 2 (<http://www.klasmann-deilmann.com>) befüllt, um zu Beginn des Experimentes eine langsame Entwicklung des Trockenstresses zu ermöglichen (vgl. Neumann et al., 2015). Anschließend wurden zehn Töpfe mit 7 g Dünger (19 % Stickstoff, 9 % Diphosphorpentoxid, 10 % Kaliumoxid) pro Genotyp vorbereitet. Zehn Tage nach der Aussaat, am 16.07.2019, wurden die auf die o. g. Töpfe verteilten Pflanzen auf eine Pflanze pro Topf vereinzelt, täglich gewogen und auf ein nach Dhanagond et al. (2019) vordefiniertes Zielgewicht bewässert. Im Wesentlichen richtet sich dieses Gewicht nach einer Kalibrationskurve, die das für die Pflanze verfügbare Wasser in Abhängigkeit vom Gesamtgewicht des Topfes mit dem hier verwendeten Substrat bis zu 63 Tage nach der Aussaat beschreibt (vgl. Fig. S1 in Dhanagond et al., 2019). Diese Kalibrationskurve wurde ursprünglich für Gerstenpflanzen entwickelt, konnte aber nach mündlicher Kommunikation mit Herrn Prof. Saranga auf die im Rahmen dieses Experimentes genutzten Sub-NIL-Populationen übertragen werden. Ziel war es zudem, die durchschnittlichen Temperaturen und Wasserbedingungen der in Israel durchgeführten Experimente im Gewächshaus so gut wie möglich zu simulieren. Die entsprechenden Bedingungen wurden in mündlicher Rücksprache



mit Herrn Prof. Saranga wie folgt vereinbart: Bis zum 30. Tag nach der Aussaat wurde kein Trockenstress simuliert und die Temperatur in der Nacht auf 12 °C und am Tag auf 16 °C mit einer täglichen Beleuchtungszeit von 15 Stunden eingestellt. Ab dem 31. Tag nach der Aussaat wurde, um einen milden Trockenstress zu simulieren, die Bewässerung der Pflanzen, von 90 % pflanzenverfügbarem Wasser (*plant available water* [PAW]) auf 30 % PAW reduziert (Dhanagond et al., 2019). Während dieser Zeit wurde die Temperatur am Tag auf 20 °C und in der Nacht auf 16 °C angehoben. Zweiundsechzig Tage nach der Aussaat wurde die Temperatur weiter auf 24 °C am Tag und 20 °C in der Nacht erhöht. Ab dem 64ten Tag nach der Aussaat wurde eine starke Trockenheit simuliert, indem die Bewässerung auf 10 % bis 20 % PAW reduziert wurde (Dhanagond et al., 2019). Diese Trockenstress- und Temperaturbedingungen wurden bis zum Ende des Versuches beibehalten (Deblieck et al., 2022). In Tabelle 2 sind die Merkmale zusammengefasst, die für jede Pflanze ermittelt wurden. Die Merkmale wurden, wie zuvor von Peleg et al. (2009) und Merchuck-Ovnat et al. (2016) beschrieben, erfasst, um die Vergleichbarkeit zu den vorherigen Arbeiten zu gewährleisten.

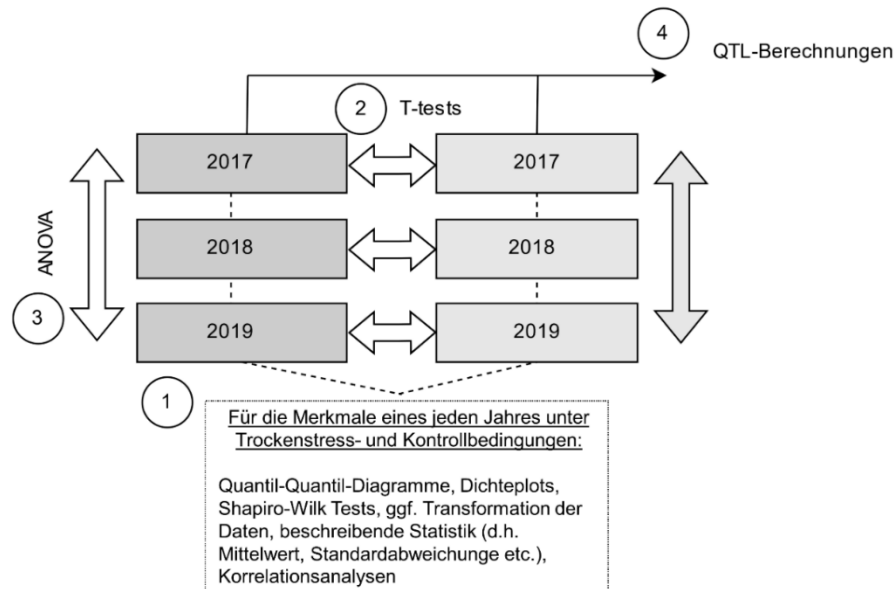
**Tabelle 2: Phänotypische Merkmale, die im Rahmen dieser Arbeit erfasst wurden** (modifiziert nach Deblieck et al., 2022).

| Merkmal                                   | Beschreibung  |
|---|---|
| <b>Halmlänge</b>                          | Pflanzenhöhe vom Boden bis zur Basis der Ähre (cm)  |
| <b>Tage bis zur Blüte</b>                 | Kultivierungszeitraum von der Aussaat bis zu dem Zeitpunkt an dem die Hauptähre von ~50 % der Pflanzen des Genotyps vollständig in Blüte stand. |
| <b>Kornertrag</b>                         | Gewicht der geernteten Körner pro Pflanze (g)   |
| <b>Ernteindex</b>                         | $\left( \frac{\text{Kornertrag (g)}}{\text{Oberirdische Biomasse}} \right)$   |
| <b>Tausendkorngewicht (TKG)</b>           | Gewicht (g) von 1000 Körnern einer Pflanze (g)  |
| <b>GesamtBiomasse</b>                     | Biomasse der Pflanze (g) (ohne Wurzel)  |
| <b>Ähren pro Pflanze</b>                  | Ähren pro Pflanze   |
| <b>Kornertrag pro Ähre</b>                | $\left( \frac{\text{Kornertrag (g)}}{\text{Anzahl Ähren}} \right)$  |
| <b>Berechnete Kornzahl (BKZ)</b>          | $\left( \frac{\text{Kornertrag (g)}}{\text{TKW}} \right) * 1000$  |
| <b>Hauptährenlänge</b>                    | Länge der Hauptähre (ohne Grannen) (cm)   |
| <b>TKG der Hauptähre</b>                  | TKG der Hauptähre (g)   |
| <b>Anzahl Ährchen der Hauptähre</b>       | Anzahl der Ährchen der Hauptähre  |
| <b>Kornzahl pro Ährchen der Hauptähre</b> | Kornzahl pro Ährchen der Hauptähre  |

\*g = Gramm, cm = Zentimeter. Die Merkmale wurden für jede Einzelpflanze erfasst. Anschließend wurden die Mittelwerte pro Genotyp, Jahr und Bedingung berechnet.

### 2.4.2 Datenauswertung und QTL-Berechnungen

Alle statistischen Analysen wurden in der Programmiersprache R (Version 4.3.1) (<http://www.r-project.org/index.html>) durchgeführt. Das in Abbildung 9 dargestellte Fließdiagramm illustriert den Ablauf der durchgeführten statistischen Analysen.



**Abbildung 9: Auswertung der phänotypischen Daten.** Einzeldatensätze der Versuchsjahre unter Trockenstress- und Kontrollbedingungen sind dunkel- und hellgrau dargestellt. (1) In einem ersten Schritt wurden die Daten jedes Merkmales und Jahres separat unter Kontroll- und Trockenstressbedingungen statistisch aufbereitet und untersucht. (2) Anschließend wurden die Merkmale unter den verschiedenen Bedingungen innerhalb der Versuchsjahre mittels t-Tests und (3) zwischen den Versuchsjahren mittels einer Varianzanalyse (*analysis of variance* [ANOVA]) verglichen. Abschließend (4) wurde eine QTL-Analyse durchgeführt. Nähere Details zu den Analysen werden im Text erläutert.

Zunächst wurden die für Einzeldatensätze eines jeden Merkmales und Jahres (vgl. Abbildung 9, Unterpunkt 1) die Ausreißer über oder unterhalb eines Grenzwertes von plus bzw. minus der dreifachen Standardabweichung vom Mittelwert entfernt. Mittels des R-Pakets ggplot2 (Whickam & Sievert, 2016) wurden anschließend Quantil-Quantil (QQ)-und Dichte-Diagramme für die o. g. Datensätze erstellt, um manuell einzelne, nicht normalverteilte Ausreißer in den Residuen der QQ-Diagramme zu entfernen (Deblieck et al., 2022). Schließlich wurde die Normalverteilung der Daten mittels eines Shapiro-Wilk-Test (Shapiro & Wilk, 1965) ermittelt und ggf. eine (Log-)Transformation durchgeführt, um eine Normalverteilung der Daten herzustellen (Deblieck et al., 2022).

Nach der Aufbereitung der Daten wurde ein zweiseitiger abhängiger t-Test (Student, 1908) verwendet, um zu überprüfen für welches Merkmal signifikante Unterschiede zwischen Stress- und Kontrollbedingungen in den einzelnen Versuchsjahren vorhanden sind (Abbildung 9, Unterpunkt 2). Ergänzend dazu wurden Korrelationskoeffizienten nach Pearson (Benesty et al., 2009) berechnet, um zu untersuchen, wie die Eigenschaften der Pflanzen unter den jeweiligen Bewässerungsbedingungen in den Einzeljahren korrelieren (Deblieck et al., 2022).

Die Vergleichbarkeit der Merkmalsausprägungen zwischen den einzelnen Versuchsjahren (vgl. Abbildung 9, Unterpunkt 3) wurde durch eine Varianzanalyse (*analysis of variance* [ANOVA]) (Girden, 1992) ermittelt (Deblieck et al., 2022).

Um zu prüfen, inwiefern die QTL in den verschiedenen Jahren wiederholt nachgewiesen werden können (Abbildung 9, Unterpunkt 4), wurden die Berechnungen zunächst für die einzelnen Merkmale in den Jahren 2017 bis 2019 unter Kontroll- und Trockenstressbedingungen mit der Software MultiQTL2.6 (<http://www.multiqtl.com>) separat durchgeführt und die Signifikanz der QTL mittels eines Permutationstests mit 1000 Wiederholungen (vgl. Kapitel 2.3) bestimmt.

Für die Bestimmung der Heritabilität im weiteren Sinne (*broad sense heritability* [ $H^2$ ]) wurden die R-Paket *lme4* (Bates et al. 2015) *lsmeans* (Lenth et al., 2016), *multcomp* (Holhorn und Westfall, 2008) und *spldf* (Grothendieck 2017) verwendet.

Da im Rahmen dieser Arbeit die Versuche 2017 bis 2019 nicht an den gleichen Standorten durchgeführt wurden, war davon auszugehen, dass es sich bei den Phänotypdaten, um einen unbalancierten Datensatz handelt (Schmidt et al., 2019), für den sich die Standardmethode zur Berechnung der Heritabilität im weiteren Sinne (*broad sense heritability* [ $H^2$ ]) nicht eignet (Schmidt et al., 2019; Covarrubias-Pazarán 2020), da die verwendete Methode zur Schätzung des Standardfehlers in einem unbalancierten Datensatz zu einer Fehleinschätzung der Heritabilität führt (Schmidt et al., 2019).

Die Heritabilität der einzelnen Merkmale wurde daher gemäß der Empfehlung von Schmidt et al. (2019) und Covarrubias-Pazarán (2020) nach Piepho und Möring (2007) berechnet, um den Standardfehler, der durch das unbalancierte Datenset entsteht, robuster einschätzen zu können (Piepho und Möring 2007; Schmidt et al.,

2019). Zu diesem Zweck wurden die besten linearen unvoreingenommenen Schätzungen (BLUEs) unter der Annahme fester genotypischer Effekte gemäß der folgenden Formel berechnet (Piepho und Möring 2007):

$$H2 = \frac{\sigma_g^2}{\sigma_g^2 + (\bar{v}\Delta^{BLUE}/2)}$$

wobei „ $\sigma^2$ “ sich auf die genotypische Varianz „ $g$ “ und  $\bar{v}\Delta^{BLUE}$  auf den durchschnittlichen Standardfehler des genotypischen Blues bezieht (Piepho und Möring 2007).

### **2.4.3 Genotyping by Sequencing**

GBS wurde als zusätzlicher Genotypisierungsschritt verwendet, um ergänzend zu der Genotypisierung mittels des 15k-iSelect-Chips der Firma TraitGenetics weitere Rekombinationen in den ausgewählten Linien zu identifizieren.

Zu diesem Zweck wurden von den ausgewählten Linien GBS-Bibliotheken am JKI nach Elshire et al. (2011) erstellt und sequenziert (150 bp Paired-End, Illumina Mi-Seq). Die Sequenzierung erzeugte Millionen einzelner Sequenzen, die unter Verwendung der CASAVA-Pipeline 1.8 (Illumina, Inc.) ausgewertet wurden. Anschließend wurden die Sequenzen mittels der Trim-Galore-Software von Babraham Bioinformatics (2012) aufbereitet, mit der Genomsequenz des Wildemmers abgeglichen, biallelische SNPs identifiziert (Avni et al., 2017; Li et al., 2009; Li, 2013) und die fehlenden Allelinformationen mittels der Software Beagle ergänzt (Browning und Browning, 2016). Multiallelische SNPs, SNPs mit einer Minor Allel Frequency (MAF) < 5 %, fehlenden Werten  $\geq 5$  % oder einer Heterozygotie  $\geq 90$  % bzw. einem Q-Score < 20 wurden entfernt. SNPs, die keiner eindeutigen Position auf dem Wildemmergenom zugeordnet werden konnten, wurden nicht berücksichtigt.

### 3 Ergebnisse

#### 3.1 Die Software GenoTypeMapper

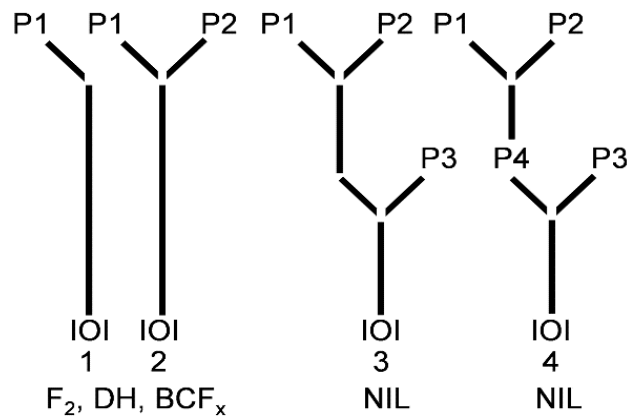
Für die Identifikation der Introgressionen in den NILs (vgl. Ziel iii, Kapitel 1.7) war es notwendig die Allelinformationen von bis zu vier verschiedenen Eltern miteinander zu vergleichen (vgl. Tabelle 1) und die Größe der Introgressionen realistisch darzustellen, d.h. im Verhältnis zum tatsächlichen sequenzierten Genom der Wildemmerakzession Zavitan (Avni et al., 2017). Dabei sollten möglichst viele Marker mit den Allelinformationen der verwendeten Kreuzungseltern (vgl. Tabelle 1) berücksichtigt werden. Zur Zeit der Durchführung dieser Arbeit war keine Software bekannt, welche diese Analysen ermöglicht hätte, sodass im Rahmen dieser Arbeit für diesen Zweck eine eigene Software entwickelt wurde.

Als Eingabedatei benötigt GenoTypeMapper (GTM) eine Textdatei mit neun Spalten, die durch Tabulatoren voneinander getrennt sind (vgl. Tabelle 3). In den ersten vier Spalten werden das Chromosom, der Markername und eine physische und/oder genetische Position definiert. Anschließend können LOD- und Genotypinformationen von bis zu vier Eltern in den Spalten fünf bis neun angegeben werden (vgl. Tabelle 3; Deblieck et al., 2020). Genotypische Daten der zu untersuchenden Individuen können schließlich ab Spalte 10 definiert werden (Deblieck et al., 2020). Beispieldateien für die Eingabe sind auch auf der website ([www.genotypemapper.org](http://www.genotypemapper.org)) zu finden. Wie in Abbildung 10 illustriert, ermöglicht GTM die Auswertung von Genotypinformation unterschiedlichster Populationstypen.

**Tabelle 3: Das Standardeingabeformat von GenoTypeMapper (Deblieck et al., 2020).**

| <i>Chr</i> | <i>Marker</i> | <i>cM</i> | <i>Bp/cM</i> | <i>LOD</i> | <i>P1</i> | <i>P2</i> | <i>P3</i> | <i>P4</i> | <i>IOI</i> |
|------------|---------------|-----------|--------------|------------|-----------|-----------|-----------|-----------|------------|
| 1A         | SNP_1         | 0         | 12,000       | 3          | A         | T         | A         | A         | T          |

Chr = Chromosom, cM = centiMorgan, Bp = Basenpaare, LOD = Logarithm of odds, die Elternlinien wurden mit „P“ abgekürzt. Das Eingabedatenformat erfordert immer neun Spalten. Informationen, die nicht verfügbar sind, sollten mit „NA“ gekennzeichnet werden. Das Chromosom, der Markername und eine physikalische und/oder genetische Position müssen definiert werden. Ab Spalte 10 können die Genotypinformationen der zu untersuchenden Individuen (IOI) spezifiziert werden.



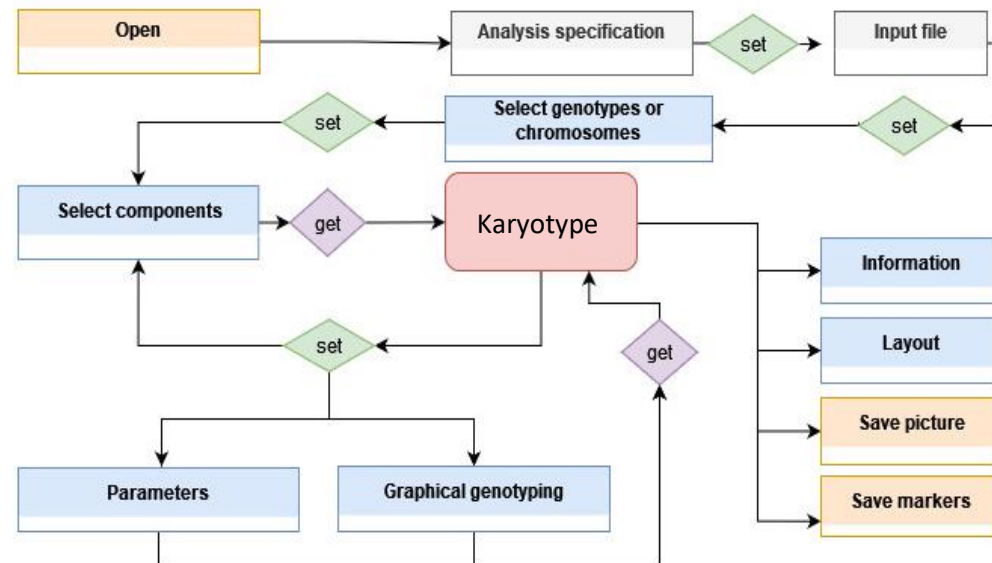
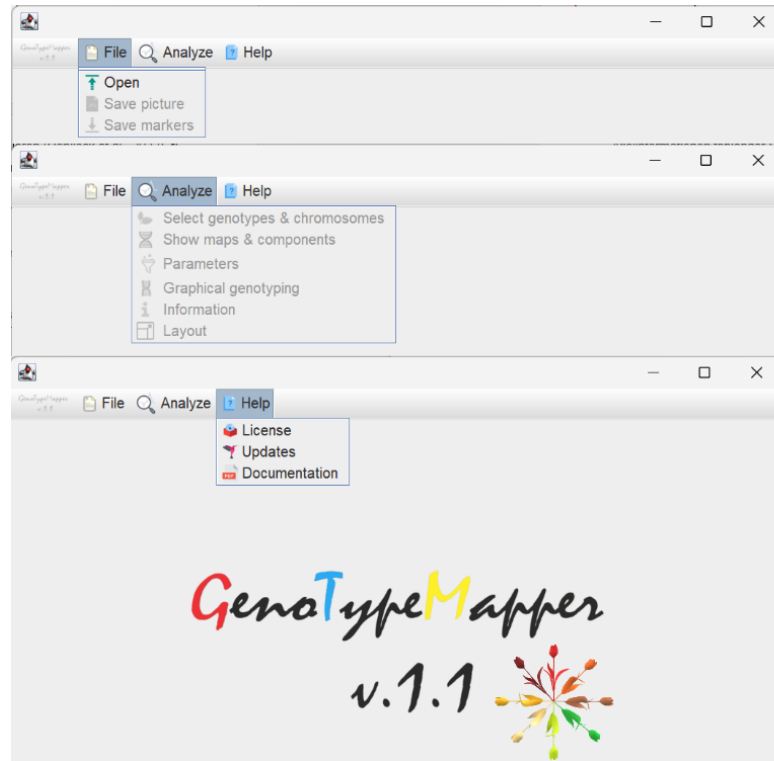
**Abbildung 10: Kreuzungsschemata, die mittels GTM untersucht werden können (modifiziert nach Deblieck et al., 2020).** Elternlinien des analysierten Genotyps (IOI) wurden mit „P“ abgekürzt, die Zahlen 1 bis 4 weisen auf die Anzahl der Elternlinien hin. Untersucht werden können Genotypen unterschiedlichster Populationstypen, wie z. B. aus Doppelhaploidpopulationen (DH), F<sub>2</sub>-Populationen (F<sub>2</sub>), Rückkreuzungspopulationen (BCF<sub>x</sub>) und nahe isogene Linien (NIL) mit bis zu vier Eltern.

In Abbildung 11 sind die grafische Benutzeroberfläche (*graphical user interface* (GUI)) der Software sowie ein Flussdiagramm, welches illustriert, wie die einzelnen Analyseschritte in der Software bearbeitet werden können, dargestellt. Zunächst wird nach dem Programmstart über den JButton „Open“ das Dialogfenster „*Analysis specification*“ geöffnet, in dem der Nutzer angeben muss, welcher Kartentyp untersucht werden soll. Der Nutzer kann dabei zwischen fünf unterschiedlichen Optionen wählen und spezifizieren, ob die Analyse (I) auf eine physikalische oder (II) genetische Karte beschränkt bzw. (III) ob zwei genetische, (IV) physikalische oder (V) eine genetische und physikalische Karte untersucht werden sollen. Das Eingabeformat ermöglicht den Upload dieser unterschiedlichen Informationen (vgl. Tabelle 3). Ein kleines Tutorial dazu ist auch auf der website [www.genotypemapper.org](http://www.genotypemapper.org) zu finden. Des Weiteren muss im Dialogfenster „*Analysis specification*“ definiert werden, ob Genotypinformationen zur Verfügung stehen (vgl. Abbildung 11).

Anschließend kann über ein weiteres Dialogfenster die Eingabedatei mit den zuvor spezifizierten Informationen hochgeladen und über das das Untermenü „*Select genotypes and chromosomes*“ bzw. „*Select components*“ angegeben werden, welche Genotypen, Chromosomen und relevanten Informationen (z. B. physikalische und genetische Positionen, LOD-Werte etc.) untersucht werden sollten.

GTM erstellt basierend auf diesen Informationen nach Eingabe der o.g. Informationen ein Karyogramm, das rekursiv über die Menüs „*Parameter*“, „*Graphical genotyping*“ bzw. „*Select components*“ angepasst werden kann (Deblieck et al., 2020). Nach jedem Bearbeitungsschritt (vgl. Abbildung 11) werden weitere Optionen in GTM aktiviert, um widersprüchliche Eingaben durch den Nutzer zu vermeiden.

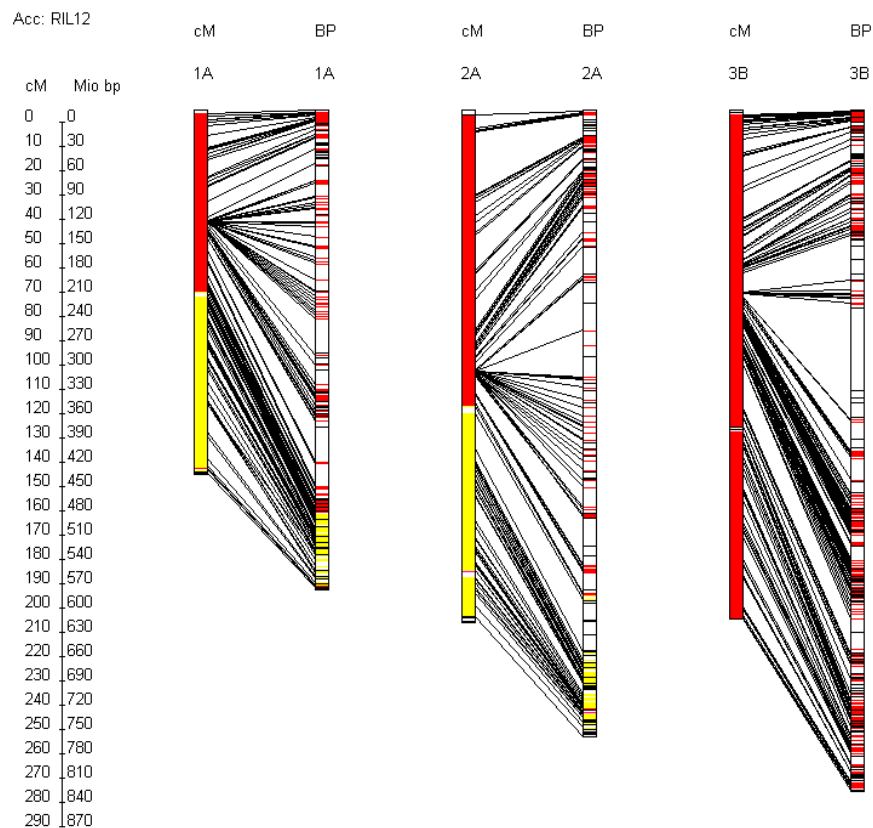
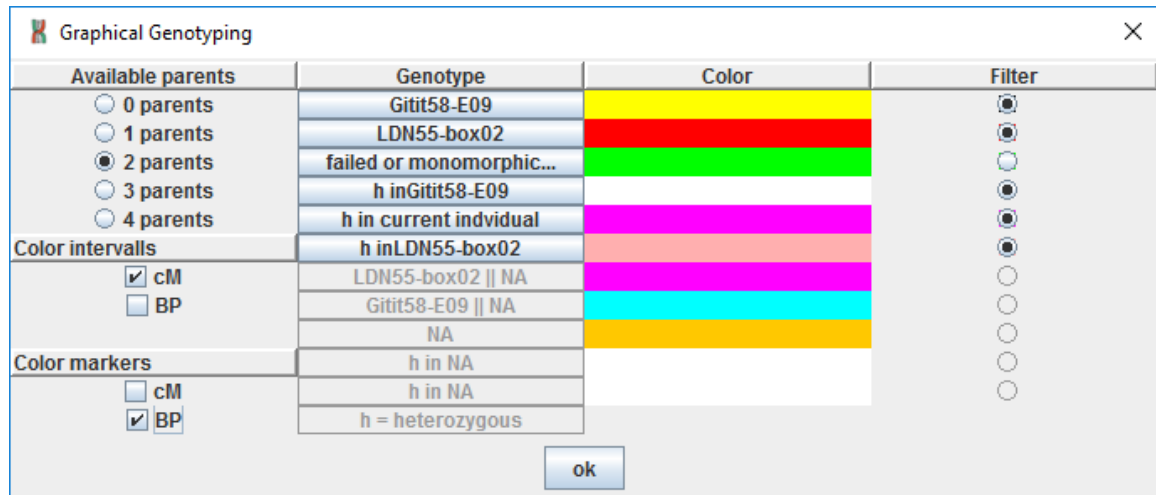
Das Untermenü „*Graphical Genotyping*“ erlaubt die Analyse und Interpretation der Allelinformationen (vgl. Abbildung 11 und 12). Je nach Art der zur Verfügung stehenden Informationen von ein, zwei, drei oder vier Eltern können bis zu fünf, sechs, zehn oder elf Allelkombinationen unterschieden und für die Bestimmung der Allelherkunft verwendet werden (vgl. Deblieck et al., 2020). Die Allelinformationen können als Intervall oder pro Markerposition dargestellt werden. Für das Anfärben der Intervalle werden die nächsten zueinander flankierenden Allelinformationen miteinander verglichen. Nur wenn die Allelinformationen beider Marker übereinstimmen, wird das Intervall hervorgehoben.



**Abbildung 11: Grafische Benutzeroberfläche bzw. Prozessdiagramm, das die Nutzung der Software GenoTypeMapper beschreibt.** Links: Grafische Benutzeroberfläche (*Graphical user interface* [GUI]) und Untermenüs der Software. Aktive und inaktive Menüs sind jeweils in schwarzer oder grauer Schrift dargestellt. Rechts: Prozessdiagramm, das den Nutzungsprozess beschreibt. Dargestellt sind automatisch generierte Dialogfenster (grau) und Untermenüs der Hauptmenüs „File“ (orange) und „Analysis“ (blau) – (vgl. auch Abbildung links). Das Karyogramm (rot) wird von der Software nach dem korrekten Einlesen der Eingabedatei und der Angabe der notwendigen Informationen ausgegeben und kann rekursiv über die Untermenüs des Menüs „Analyze“ bearbeitet bzw. angepasst werden. Um unlogische Eingaben und damit assoziierte Fehlermeldungen zu vermeiden, werden die Menüs und Analyseoptionen während des Bearbeitungsprozesses hierarchisch freigeschaltet/aktiviert. Zu Beginn des Bearbeitungsprozesses ist es lediglich möglich, Informationen über die Software über das Menü „Help“ abzurufen oder eine entsprechende Eingabedatei hochzuladen (vgl. auch GUI in der linken Abbildung).



## Ergebnisse

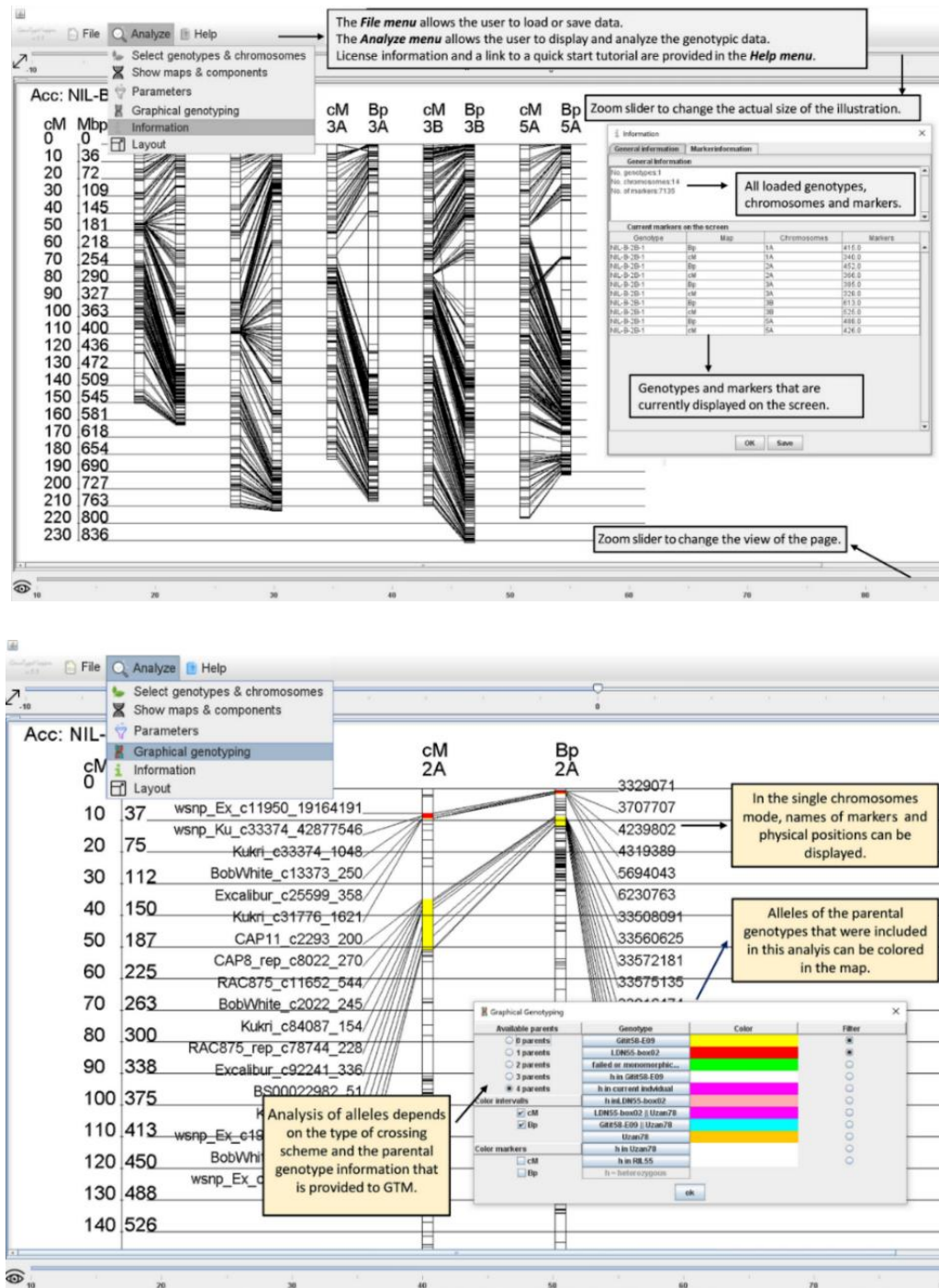


**Abbildung 12: Das Menü *Graphical Genotyping* der Software *GenoTypeMapper*.** Oben: Das Menü *Graphical Genotyping* ermöglicht die Anzahl der zur Verfügung stehenden Eltern und Genotypinformationen (links) zu spezifizieren und in der genetischen und/oder physikalischen Karte als Intervall oder für die einzelnen Markerpositionen anzufärben (vgl. untere Abbildung). Marker, die nicht von Interesse sind, können abhängig von ihrer Allelherkunft gefiltert dargestellt werden.

Nach der Selektion der Individuen und Chromosomen im Menü „*Select genotypes or chromosomes*“ (vgl. Abbildung 11) werden in GTM unterschiedliche Modi aktiviert. Im Standardmodus werden mehr als ein Chromosom und/oder ein Individuum untersucht. Der Einzelchromosomenmodus wird aktiviert, wenn nur ein Genotyp

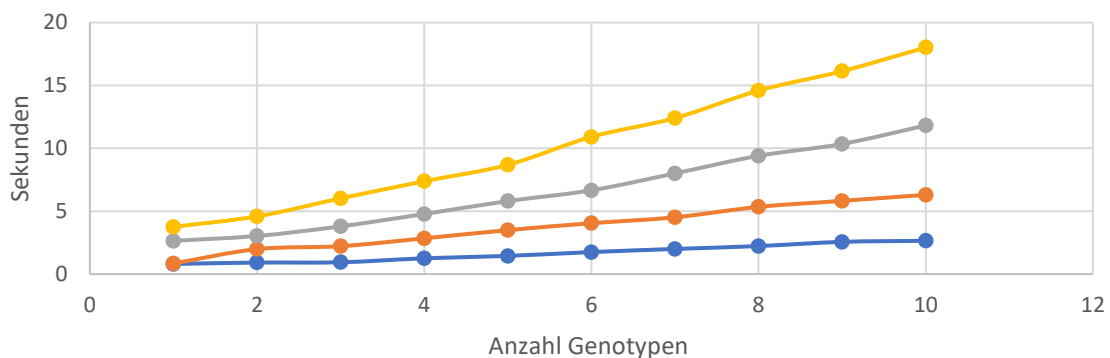
## Ergebnisse

und Chromosom untersucht wird. In Abbildung 13 werden die Unterschiede beider Modi illustriert.



**Abbildung 13: Grafische Benutzeroberfläche von GenoTypeMapper (Deblieck et al., 2020).** GTM im Standard- (oben) und Einzelchromosomenmodus (unten). Im Standardmodus können mehrere Chromosomen von bis zu zehn Genotypen angezeigt werden. Im Einzelchromosomenmodus wiederum ist es möglich, die Markernamen bzw. die genetischen und/oder physikalischen Positionen entlang des Chromosomen darzustellen. Des Weiteren kann die Abbildung im Standardmodus 10-fach und im Einzelchromosomenmodus 30-fach vergrößert werden.

Es können bis zu zehn Individuen gleichzeitig untersucht und grafisch dargestellt werden. Die Laufzeit der Software ist linear abhängig von der Anzahl der zu untersuchenden Marker und Genotypen, wobei die Anzahl der Marker diese stärker beeinflusst (vgl. Abbildung 14). Auf einem Computer mit einem Intel® Core™ i5 der achten Generation kann GTM zuverlässig einen Genotyp mit bis zu 12.000 Markern oder zehn Genotypen mit bis zu 3.600 Markern unter fünf Sekunden analysieren (vgl. Abbildung 14).



**Abbildung 14: Geschwindigkeit der Software GenoTypeMapper in Abhängigkeit von der Anzahl untersuchter Genotypen und Markern.** Blau, Orange, Grau und Gelb illustrieren Datensets mit jeweils 3.083, 6.166, 9.249 sowie 12.332 Markern.

Ein Tutorial, mehrere Beispieldateien sowie die Software sind auf der website [www.genotypemapper.org](http://www.genotypemapper.org) verfügbar. Die Website wird vom *Domain Provider* 1&1 gehostet. Die o. g. Dateien sind in der 1&1-Cloud mit einem Link zum *download* auf der Website versehen.

GTM ist als *freeware*, jedoch nicht als *open source software* verfügbar. Vor der Nutzung von GTM muss der Nutzer einer einfach gehaltenen Endnutzervereinbarung (*End User License Agreement* [EULA]) zustimmen, die hauptsächlich darauf verweist, dass jegliche Veränderung oder Implementierung des Codes in andere Softwarepakete untersagt ist. Der Quellcode der Java-Klassen in der JAR-Datei wurde zusätzlich mittels der Software ProGuard (<https://www.guardsquare.com/>) verschlüsselt und mittels der Software Launch4j (<https://launch4j.sourceforge.net/>) in eine für Windows ausführbare Datei, d. h. EXE Datei, eingebunden. Für die Verschlüsselung nutzt ProGuard einen sogenannten *Name-Obfuscating-Algorithmus*, der den lesbaren Code durch eine Anzahl beliebiger Symbole ersetzt (<https://www.guardsquare.com/what-is-code-obfuscation>).

Die EXE-Datei wurde so konzipiert, dass sie auf eine im gleichen Verzeichnis existierende JRE zurückgreift, um Kompatibilitätsprobleme mit anderen JRE-Versionen zu vermeiden. Zudem wurde ein für 32 bit und 64 bit kompatibler Microsoft Software Installer (msi) mittels der Software Advanced Installer (<https://www.advancedinstaller.com/>) erstellt. Da beide Systeme unterschiedlich effizient die im Zwischenspeicher vorhandenen Prozesse bearbeiten können, wurde der Freispeicher (*heap space*) der virtuellen Java-Umgebung (*Java Virtual Machine* [JVM]) für die 64-bit- und 32-bit-Version auf 4 GB bzw. 2 GB Heap-Größe festgelegt.

Um den Umlauf älterer Versionen der Software zu vermeiden, wurde ein Zeitstempel in GTM implementiert, der es regelmäßig notwendig macht, die neueste Version von GTM herunterzuladen. Änderungen und Updates, die an der aktuellen Version der Software vorgenommen wurden, können im Menü „*Updates*“ vom Nutzer nachgelesen werden (vgl. Abbildung 11). Alle Symbolbildchen (*icons*), die in GTM verwendet wurden, stammen von der Website (<https://www.flaticon.com/>). Für die Nutzung der Symbolbildchen wurde eine Lizenz beantragt.

### 3.2 Grafische Genotypisierung der nahen isogenen Linien

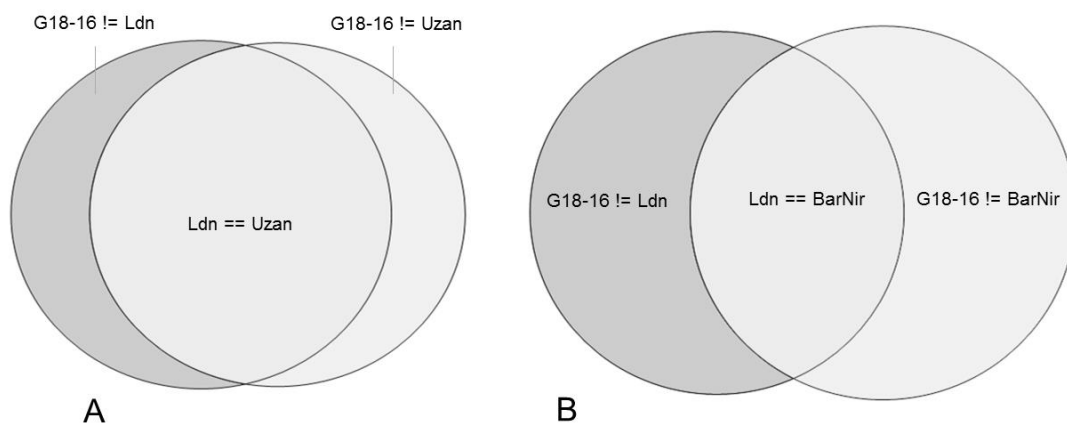
Die Sequenz von 12.908 15K-iSelect-Markersequenzen (Soleimani et al., 2020) wurde mit dem Genom der Wildemmerakzession Zavitan (Avni et al., 2017) abgeglichen. Insgesamt 7.245 Marker wurden einer exakten Basenpaarposition zugeordnet (Deblieck et al., 2020). Die genotypischen Daten von 2.120 der 7.245 physisch verankerten iSelect-Marker waren monomorph oder unvollständig, sodass sie für die grafische Genotypisierung nicht verwendet werden konnten. Von den verbleibenden 5.125 Markern waren 2.971 zwischen G18-16 und Langdon polymorph (Deblieck et al., 2020).

Von diesen 2.971 Markern waren für die Genotypisierung insbesondere die Marker von Bedeutung, die monomorph zwischen dem trockenstress-anfälligen Kreuzungselter Langdon und dem Eliteelter, jedoch polymorph zu G18-16 sind, da solche Marker es ermöglichen die Introgressionen des Wildelters in den NILs eindeutig zu identifizieren (vgl. auch Tabelle 1).

Abbildung 15 illustriert die Verteilung mono- bzw. polymorpher Marker zwischen den verschiedenen Kreuzungseltern, die für die Erstellung der NIL-U-2B-1 und NIL-

B-7A-2 verwendet wurden. Zwischen G18-16 und BarNir (vgl. Abbildung 15 B) wurden deutlich mehr polymorphe Marker identifiziert als zwischen G18-16 und Uzan (vgl. Abbildung 15 A). Dies ist vermutlich darauf zurückzuführen, dass BarNir als hexaploider Brotweizen eine größere evolutionäre Distanz zu G18-16 und Langdon besitzt als der tetraploide Hartweizen Uzan.

Die Marker, die monomorph zwischen dem Eliteelter und Langdon, aber polymorph zum G18-16 Elter sind, ermöglichen eine eindeutige Identifikation der G18-16 Introgressionen (vgl. Tabelle 1). Dieser Markeranteil ist in dem überlappenden Bereich der Venn-Diagramme in Abbildung 15A und B dargestellt und für BarNir geringer (1.371) als für Uzan (2.211).



**Abbildung 15: Markerpolymorphismen zwischen der Wildemmerakzession G18-16, dem Durum-Kreuzungselter Langdon und den Eliteeltern Uzan (Hartweizen) und BarNir (Brotweizen).** Polymorphismen zwischen G18-16 und Langdon sind dunkelgrau bzw. zwischen G18-16 und dem Eliteelter hellgrau dargestellt. Die überlappenden Bereiche illustrieren die Anzahl Marker, die zwischen G18-16, Langdon und dem Eliteelter polymorph, daher monomorph zwischen Eliteelter und Langdon, sind. Abbildung A illustriert die Verteilung für den Eliteelter Uzan, Abbildung B die Verteilung für den Eliteelter BarNir.

Die Bestimmung der physikalischen Position der QTL-flankierenden DArT- und SSR-Marker, die zuvor von Merchuk-Ovnat et al. (2016) verwendet wurden, um die QTL in die NILs zu übertragen, zeigt, dass diese sich jeweils auf dem langen bzw. kurzen Arm der Chromosomen befinden (Tabelle S4). Tabelle 4 stellt einen Überblick über die exakten Positionen der G18-16-Introgressionen dar. Entsprechend zu der Position der flankierenden Marker wurde ein Großteil der Chromosomen 2B und 7A des Wildeltern in die jeweiligen NILs übertragen. Während auf Chromosom 2B

## Ergebnisse

der NIL-U-2B-1 ein einzelnes Fragment übertragen wurde, wurden auf Chromosom 7A der NIL-B-7A-2 mehrere Fragmente des Eliteelters eingekreuzt. Außerdem wurden zusätzliche Introgressionen der Kreuzungselter Langdon und G18-16 in der NIL-U-2B-1 auf den Chromosomen 2A, 3A und 5A sowie in der NIL-B-7A-2 auf den Chromosomen 3B, 4B und 7A identifiziert.

**Tabelle 4: Introgressionen aus G18-16 und Langdon in der NIL-U-2B-1 und NIL-B-7A-2.**

| NIL        | Chr. | Allel      | iSelect-Marker                                 | Position  | Intervall (Bp)                                  |                            |
|------------|------|------------|--|---|---|----------------------------|
| NIL-U-2B-1 | 2A   | Ldn        | BobWhite_c13373_250<br>Kukri_c31776_1621       | 3.329.071<br>6.230.763                          | 2.901.692                                       |                            |
|            |      | G18-16     | CAP8_rep_c8022_270<br>RAC875_rep_c78744_228    | 33.508.091<br>44.152.388                        | 10.644.297                                      |                            |
|            | 2B   | G18-16     | BS00065036_51<br>Excalibur_c92241_336          | 22.296.778<br>474.980.317                       | 452.683.539                                     |                            |
|            | 3A   | G18-16     | wsnp_Ex_rep_c108072_91444417<br>BS00023222_51  | 503.977.353<br>711.890.732                      | 207.913.379                                     |                            |
|            | 5A   | Ldn        | Ex_c13534_401<br>wsnp_Ex_c15084_23263641       | 86.080.709<br>109.363.862                       | 23.283.153                                      |                            |
|            |      | G18-16     | Excalibur_c19057_701<br>BS00022191_51          | 237.769.817<br>240.571.017                      | 2.801.200                                       |                            |
|            |      |            | G18-16   | BS00100178_51<br>wsnp_Ex_c31017_39858962        | 442.728.597<br>476.618.458                      | 33.889.861                 |
|            |      | NIL-B-7A-2 | 3B   | Ldn   | Excalibur_c6906_2385<br>Tdurum_contig59566_4435 | 837.334.226<br>841.081.027 |
|            | 4B   |            | G18-16   | Kukri_rep_c101259_81<br>wsnp_Ex_c19844_28854305 | 661.455.389<br>671.936.402                      | 10.481.013                 |
|            | 7A   |            | Ldn  | Excalibur_c17447_635<br>RAC875_c54764_319       | 567203<br>48.958.414                            | 48.391.211                 |
| G18-16     |      |            | IACX17522<br>BS00035032_51                     | 50.891.397<br>80.250.642                        | 29.359.245                                      |                            |
|            |      |            | Ldn  | wsnp_JD_c38071_27729378<br>CAP7_c10133_40       | 226.755.061<br>230.272.037                      | 3.516.976                  |
| G18-16     |      |            | Kukri_c67076_479<br>IACX11096                  | 262.929.188<br>508.989.598                      | 246.060.410                                     |                            |
| Ldn        |      |            | wsnp_Ku_c44760_51961180<br>BobWhite_c25105_507 | 685.328.600<br>701.661.817                      | 16.333.217                                      |                            |

Chr = Chromosom, NIL = nahe isogene Linie, Bp = Basenpaare, Ldn = Langdon, G18-16 = trockenstresstolerante Wildemmerakzession. Als Referenzgenom für die Bestimmung der physikalischen Positionen wurde die Wildemmerakzession Zavitan (Avni et al., 2017) verwendet. Position= Äußerste Position der Marker eines Genomintervalles, das von G18-16 oder Langdon in die NIL übertragen wurde.

Um Introgressionen auf demselben oder anderen Chromosomen zu identifizieren, die mit unerwünschten Eigenschaften in Zusammenhang stehen könnten, wurden, basierend auf einer Literaturrecherche, die Primersequenzen ausgewählter Gene,

## Ergebnisse

die für die Domestikation und Züchtung von Bedeutung sind (Gill et al., 2004) und sich auf den Chromosomenarmen mit den Wildemmerintrogression befinden, mittels einer BLASTN-Suche mit dem Wildemmergenom von Zavitan abgeglichen und ihre Position bestimmt (Deblieck et al., 2020). Für die BLASTN-Suche der Primer wurde der E-Wert auf 0,01 erhöht und die Such-Wortgröße (*word size*) (vgl. Kapitel 2.2) auf 10 reduziert. Tabelle 5 stellt eine Übersicht der identifizierten Gene, verwendeten Primersequenzen sowie zugeordneten physikalischen Positionen im Wildemmergenom der Akzession Zavitan (Avni et al., 2017) dar.

**Tabelle 5: Für die Pflanzenzüchtung relevante Gene, zugehörige Primer und zugeordnete Positionen im Wildemmergenom der Akzession Zavitan.**

| NIL         | Chr.                | Gen*                 |                                   | Primersequenz              | Position           | Literatur               |
|-------------|---------------------|----------------------|-----------------------------------|----------------------------|--------------------|-------------------------|
| NIL-U-2B-1  | 2A                  | <u><i>Ppd-A1</i></u> | V                                 | AGACAAGGCTGATGAAACGA       | 40.487.024         | Muterko et al., 2015    |
|             |                     |                      | R                                 | CGATGGATTGACCAAACCTG       | 40.486.862         |                         |
|             | 2B                  | <u><i>Ppd-B1</i></u> | V                                 | AAGACAAGGTTGATGACGTGA      | 57.762.343         | Díaz et al., 2012       |
|             |                     |                      | R                                 | GAGGGATTGATCACGTTGG        | 57.762.181         |                         |
|             |                     | <i>Rht4</i>          | V                                 | TGCTAGCAATGCTCCGGGTAAC     | 784.582.029        | Ellis et al., 2005      |
|             |                     |                      | R                                 | TCACGAAACCTTTCTCCTCC       | 784.581.909        |                         |
|             | 3A                  | <u><i>Lux</i></u>    | V                                 | CGGCTACGGTTTTGACTTCGGG     | 743.974.710        | Zhou et al., 2016       |
|             |                     |                      | R                                 | CCCTGCATCCGCTTGACGTAGAG    | 743.974.141        |                         |
|             | 5A                  | <i>B1</i>            | V                                 | ACTACAGGGTGACTCGAGCA       | 642.014.431        | Li et al., 2023         |
|             |                     |                      | R                                 | CGAGCGCCTGCGAGTTCTT        | 642.014.825        |                         |
| <i>Vrn1</i> |                     | V                    | CAGTACCCTGCTACCACTG               | 580.147.121                | Yan et al., 2004   |                         |
|             |                     | R                    | TGCACCTTCCC <sub>6</sub> CGCCCCAT | -                          |                    |                         |
| <i>Q</i>    |                     | V                    | TCTGTGAAATTTCAATTTCAACTG          | 642.014.431                | Zhang et al., 2021 |                         |
|             |                     | R                    | TTTGAAGCAGGTAATCTTATCC            | 642.014.825                |                    |                         |
| NIL-B-7A-2  | 4B                  | <u><i>Vrn2</i></u>   | V                                 | GCACCTCTGAATGAAAATGGA      | 661.618.097        | Distelfeld et al., 2009 |
|             |                     |                      | R                                 | TGGTTACATATTATTTTCCAGTATGA | 661.618.893        |                         |
| 7A          | <u><i>Wx-A1</i></u> | V                    | ATGGCGGCTCTGGTCACGT               | 29.668.941                 | Zhang et al., 2022 |                         |
|             |                     | R                    | CCTCGTTTGTCAGAAGCTCAGAATCC        |                            |                    |                         |

NIL = Nahe isogene Linie, Chr = Chromosom, V = vorwärtsgerichtete Primer, R = rückwärtsgerichtete Primer. Gene, die aus dem Wildelter in die NIL übertragen wurden, sind unterstrichen. Folgende Gene wurden untersucht: fotoperiodensensitive Gene (*photoperiod sensitivity gene* [*Ppd*]), Vernalisationsgene (*VRN*), das Gen für eine reduzierte Pflanzenhöhe (*reduced height* [*Rht*] – Gen, das Grannen-Inhibitor Gen (*Awn Inhibitor-Gen* [*B1*]), das Frostgen (*freezing gene* [*Fr*]), das *LUXARRHYTHMO*(*Lux*)-Gen, das Domestikationsgen *Q* sowie das Wachs (*waxy* [*Wx*]) -Gen *A1*, d. h. *Wx-A1*.

Die NIL-U-2B-1 weist das G18-16-Allel der Adaptionsgene *PpdA1* (TRIDC2AG009040) (Muterko et al., 2015) und *PPdB1* (TRIDC2BG010800) (Díaz et al., 2012) auf dem kurzen Arm des Chromosom 2A bzw. 2B auf (vgl. Tabelle 4

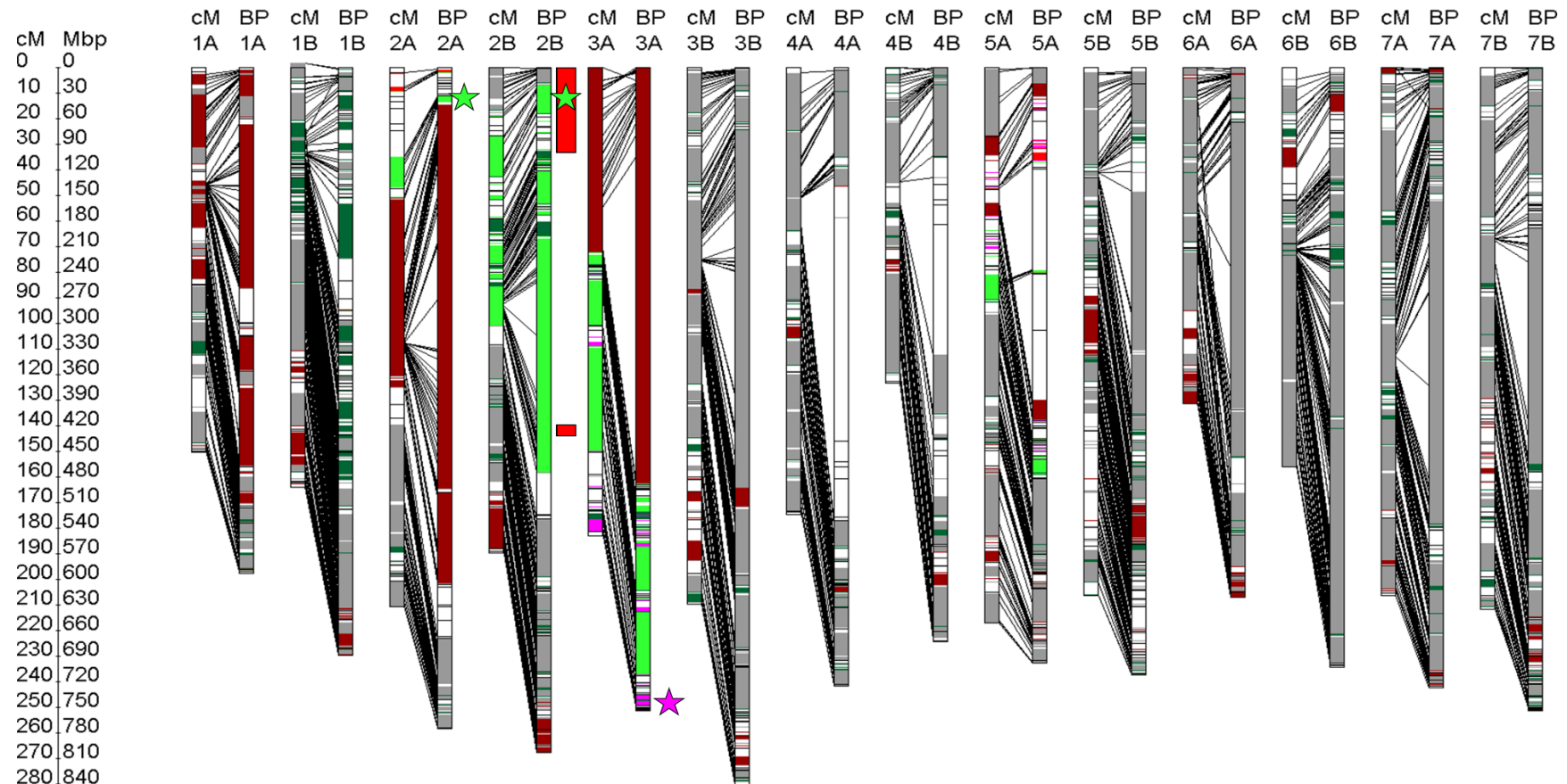
und 5). Darüber hinaus wurde am äußersten Ende des langen Arms von Chromosom 3A der NIL-U-2B-1 eine heterozygote Version des sogenannten *LUXA-RRHYTHMO* (Lux)-Gens (TRIDC3AG074490) identifiziert (vgl. Tabelle 4; Deblieck et al., 2020; Zhou et al., 2016).

In die NIL-B-7A-2 wurde das *Vrn2* Gen auf Chromosom 4B sowie der *waxy* (*Wx-A1*) Locus am äußersten Ende des kurzen Arms von Chromosom 7A eingekreuzt (vgl. Tabelle 4 und 5).

Abbildung 16 und 17 stellen die Introgressionen der NIL-U-2B-1 und NIL-B-7A grafisch als Karyogramm dar. Genetische und physikalische Positionen der Marker wurden einander gegenübergestellt, um die tatsächliche Größe der Introgressionen darzustellen.

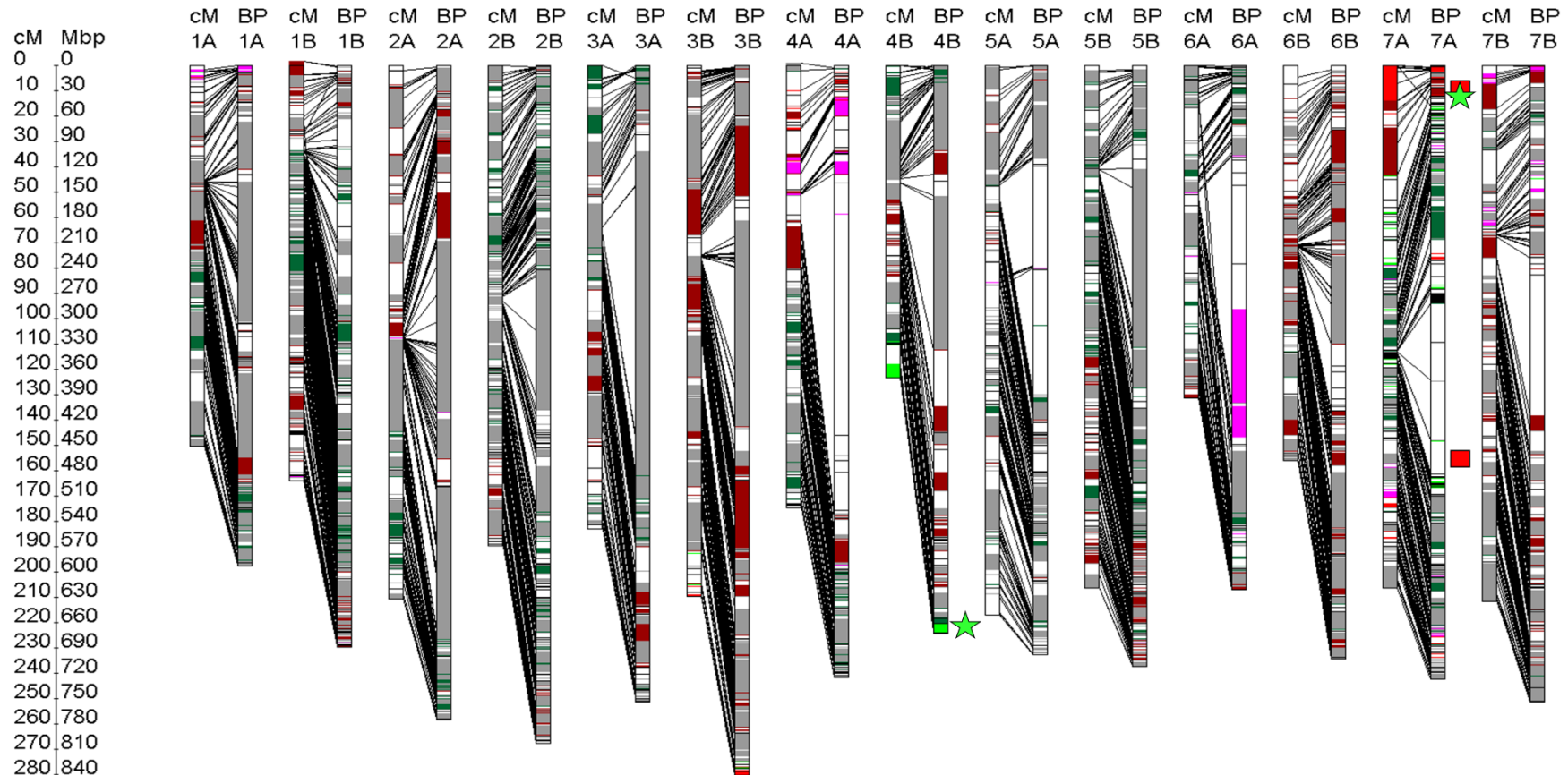


## Ergebnisse



**Abbildung 16: Grafische Darstellung der Genotypisierung der NIL-U-2B-1** (modifiziert nach Deblieck et al., 2020). Ein centiMorgan (cM) entspricht drei Millionen Basenpaare (Mbp). Hellgrün, hellrot und grau markierte Regionen wurden jeweils aus dem Wildelter (G18-16), Langdon oder Uzan in die NIL-U-2B-1 übertragen. Dunkelgrün bzw. dunkelrote Regionen könnten sowohl von Uzan als auch aus G18-16 (dunkelgrün) oder Langdon (dunkelrot) in die NIL übertragen worden sein. Pink markierte Regionen weisen auf heterozygote Regionen der NIL hin. Sternchen markieren die Position des *PpdA1*-, *PpdB1*- und *Lux*-Gens auf jeweils Chromosom 2A, 2B und 3A (vgl. Tabelle 5). Rote Rechtecke neben den Chromosomen markieren die Position der Marker Xgwm1128 und Xgwm1177 (Peleg et al., 2009). Diese wurden zuvor genutzt, um den QTL vom Wildelter in die NIL-U-2B-1 zu übertragen (Merchuk-Ovnat et al., 2016).

## Ergebnisse



**Abbildung 17: Grafische Darstellung der Genotypisierung der NIL-B-7A-2.** Ein centiMorgan (cM) entspricht drei Millionen Basenpaare (Mbp). Hellgrün, hellrot und grau markierte Regionen wurden jeweils aus dem Wildelter (G18-16), Langdon oder Uzan in die NIL-U-2B-1 übertragen. Dunkelgrüne bzw. dunkelrote Regionen könnten sowohl von Uzan als auch aus G18-16 (dunkelgrün) oder Langdon (dunkelrot) in die NIL übertragen worden sein. Pink markierte Regionen weisen auf heterozyote Regionen der NIL hin. Sternchen markieren die Position des *Vrn-2* und *Wxa-1* Gens auf jeweils Chromosom 4B und 7A (vgl. Tabelle 5). Rote Rechtecke neben den Chromosomen markieren die Position der flankierenden Marker *gwm60* und *Xwmc596* (Peleg et al., 2009). Diese wurden zuvor genutzt, um den QTL vom Wildelter in die NIL-B-7A-2 zu übertragen (Merchuk-Ovnat et al., 2016).

### 3.3 Kartierung und Bestätigung der QTL

Für die Erstellung einer neuen hochauflösenden genetischen Karte wurden 151 F7-Nachkommen der ursprünglichen Kartierungspopulation (Peleg et al., 2009) – zusätzlich zu der NIL-U-2B-1, NIL-B-7A-2, G18-16, Langdon sowie den Eliteeltern BarNir und Uzan – mit dem 15k-iSelect-Chip genotypisiert. Insgesamt 4.374 Marker erwiesen sich zwischen Ldn und G18-16 als polymorph. Davon wurden 4.115 Marker 1.370 genetischen Positionen auf 14 Chromosomen zugeordnet (Tabelle 6). Auf Chromosom 2B und 7A wurden jeweils 454 Marker und 261 Marker kartiert (vgl. Tabelle 5 und Fatiukha et al., 2021).

**Tabelle 6: Auf Chromosom 1A bis 7B kartierte iSelect-Marker.**

| Chromosom   | 1A  | 1B  | 2A  | 2B  | 3A  | 3B  | 4A  | 4B  | 5A  | 5B  | 6A  | 6B  | 7A  | 7B  |
|-------------|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|
| Markerzahl  | 270 | 328 | 253 | 454 | 266 | 359 | 188 | 125 | 334 | 401 | 280 | 339 | 261 | 260 |
| Anzahl Loci | 89  | 114 | 91  | 134 | 84  | 117 | 72  | 51  | 100 | 146 | 85  | 90  | 96  | 101 |

Mittels der zuvor von Peleg et al. (2009) erhobenen phänotypischen Daten und den neu etablierten 15k-iSelect-Chip-Genotypdaten der Kartierungspopulation wurden die QTL auf Chromosom 2B und 7A rekonstruiert (vgl. Tabelle 7).

**Tabelle 7: Auf Chromosom 2B und 7A detektierte QTL für die Merkmale Ernteindex, Kornertrag und Trockenmasse der Ähre.**

| Chr. | Merkmal (Allel)             | LOD | P    | Position | Intervall (cM) | Länge (cM) | Marker (Basenpaarpos.)         | Trockenstr. |            | Kontrollbdg. |              |
|------|-----------------------------|-----|------|----------|----------------|------------|--------------------------------|-------------|------------|--------------|--------------|
|      |                             |     |      |          |                |            |                                | PEV         | d          | PEV          | d            |
| 2BS  | Ernteindex (WE)             | 2,9 | 0,02 | 39,4     | 30,1-50,8      | 19,9       | Kukri_c62277_80 (96,011,670)   | 0,07        | 0,01±0,01  | 0,11         | 0,02±0,01    |
|      | Kornertrag (WE)             | 2,4 | 0,04 | 40,8     | 29,7-50,1      | 20,3       | Gene-1741_103 (97,707,169)     | 0,13        | 3,10±1,96  | 0,15         | 4,13±3,38    |
| 7AS  | Trockenmasse der Ähre (Ldn) | 2,4 | NS   | 7,4      | 0,0-15,3       | 15,3       | RAC875_c63822_185 (20,575,348) | 0,07        | -3,60±8,60 | 0,08         | -11,93±16,04 |
|      |                             | 1,8 | NS   | 39,4     | 32,0-52,0      | 20,0       | IACX17522 (50,891,727)         | 0,07        | 3,85±8,77  | 0,08         | 6,50±18,27   |

Chr = Chromosom, WE = Wildemmer, Ldn = Langdon, cM = centiMorgan, PEV = Prozent der erklärten phänotypischen Varianz, d = Additiveffekt des Allels (Differenz des Mittelwertes homozygoter Genotypen mit dem Allel von G18-16-Allel bzw. des Eliteelters). Die o.g. QTL wurden mittels eines Permutationstest mit 1000 Wiederholung auf Ihre Signifikanz überprüft und ein entsprechender Wahrscheinlichkeits (propability-score [P]) -Wert berechnet (vgl. auch Fatiukha et al., 2021). NS = Nicht signifikante QTL mit einem P-Wert >0,05.

Der QTL für Kornertrag und Ernteindex von G18-16 auf Chromosom 2B wurde bestätigt (vgl. Tabelle 7). Auf dem kurzen Arm des Chromosoms 7A wurden zwei nicht signifikante QTL-Regionen mit einem P-Wert  $> 0.05$  identifiziert: Ein G18-16 QTL für die Trockenmasse der Ähre mit einem geringen nicht signifikanten LOD von 1,8 und ein zusätzlicher QTL für das gleiche Merkmal vom Elter Langdon mit einem höheren LOD von 2,4. Beide kolokalisieren innerhalb der QTL 7A.1 und 7A.3, die von Fatiukha et al., (2021) unter anderem für die vegetative Biomasse als statistisch signifikant beschrieben wurden (Fatiukha et al., 2021). Eine BLASTN-Suche gegen das Genom der Akzession Zavitan ergab, dass der äußerste von Peleg et al., (2009) auf dem kurzen Arm des Chromosom 7A kartierte DArT-Seq Marker (Xgwm60) bei ~47.66 Mbp lokalisiert ist. Der Marker RAC875\_c63822\_185 mit dem höchsten in Tabelle 7 beschriebenen Effekt befindet sich auf Chromosom 7A bei ~20,6 Mbp, d.h. außerhalb der von Peleg et al. (2009) kartierten Region (vgl. Tabelle 7).

### **3.4 Feinkartierung der QTL**

#### **3.4.1 Etablierung der Sub-NIL-Populationen**

Elf bzw. sieben polymorphe Marker, die über das QTL-Intervall (vgl. Tabelle 7) auf Chromosom 2B und 7A in einem Abstand von ca. 1 cM gleichmäßig verteilt sind, wurden entwickelt und anhand der verfügbaren DNA-Proben und iSelect-Daten der Wildemmerakzession G18-16, Langdon, der Eliteeltern sowie der Nachkommen der ursprünglichen Kartierungspopulation, getestet. Eine Übersicht der entwickelten Marker und PCR-Programme ist den Tabellen S1, S2 und S3 im Anhang zu entnehmen. Die für die Sub-NIL-Population UzxNIL-U-2B-1 entwickelten Primer und Protokolle wurden zuvor auch in Deblieck et al. (2022) veröffentlicht.

Von der Kreuzung NIL-U-2B-1 x Uzan bzw. NIL-B-7A-2 x BarNir wurden 600 bzw. 800 F<sub>2</sub>-Pflanzen erstellt. Nach der Genotypisierung der Sub-NIL-Populationen mit den flankierenden KASP-Markern beider QTL-Regionen (vgl. Tabelle S1-2) wurden an der HUJI 120 bzw. 156 heterozygot rekombinante Pflanzen in den Sub-NIL-Populationen UzxNIL-U-2B-1 und BNxNIL-B-7A-2 identifiziert. Für die QTL-Region auf

dem Chromosom 2B wurden die flankierenden KASP-Marker der iSelect Marker Tdurum\_contig27976\_414 und wsnp\_Ex\_c6537\_1133876 bzw. für die QTL-Region auf Chromosom 7A die Marker Kukri\_rep\_c70864\_329 und BS00040929\_51 verwendet (vgl. Tabelle S1-2). Diese flankieren eine Region von etwa 15,67 cM (~60,94 Mbp) sowie 14,68 cM (27,91 Mbp) (vgl. Tabelle S1-2).

Eine fortgeführte Genotypisierung am JKI mit den zusätzlich entwickelten Markern (vgl. Tabelle S1–3) ergab, dass nur 82 bzw. 161 dieser Pflanzen tatsächlich Rekombinationen innerhalb der Zielregionen aufwiesen. Ursächlich für diese Diskrepanz war eine zu geringe Zyklenzahl des an der HUJI verwendeten KASP-Assays, der dazu geführt hat, dass die Fluoreszenz der kompetitiven Primer zu schwach war, um eindeutig zwischen heterozygot und homozygot rekombinanten Genotypen zu unterscheiden. Das am JKI verwendete PCR-Protokoll (vgl. Tabelle S2), das anhand der DNA-Proben der Kartierungspopulation getestet wurde, wurde an der HUJI zuvor nicht verwendet.

Die 82 und 161 bestätigten heterozygot rekombinanten Pflanzen wurden geselbstet und anschließend 29 (QTL 2B) (Tabelle 8) bzw. 31 (QTL 7A) (Tabelle 9) repräsentative Genotypen, die Rekombinationen über das gesamte Intervall aufwiesen, für die BC4F5-Saatgutproduktion der im Anschluss geplanten Trockenstressversuche ausgewählt. Die Genotypisierung ergab außerdem, dass 11 der 29 selektierten heterozygot rekombinanten Pflanzen der QTL-Region 2B Rekombinationen um den iSelect-Marker Gene\_1741\_103 aufwiesen (vgl. Tabelle 8). Dieser Marker wurde als der Marker mit dem höchsten LOD für das Merkmal Kornertrag unter Trockenstressbedingungen (vgl. Tabelle 7 und Fatiukha et al., 2021) identifiziert.

Zur weiteren Markerabsättigung und Eingrenzung des Zielintervalls wurden diese Linien zusätzlich mittels GBS untersucht (Deblieck et al., 2022). Die vollständigen GBS-Daten wurden in Deblieck et al. (2022) veröffentlicht (vgl. Tabelle S4 in der Publikation von Deblieck et al., 2022).

Sechs zusätzliche Polymorphismen konnten mittels GBS zwischen Uzan und G18-16 entdeckt bzw. drei neue Rekombinationen in den Genotypen 1029-B, 1115-A, 1539-A sowie 1145-C identifiziert werden. Diese sind in Tabelle 8 grau hinterlegt (Deblieck et al., 2022).

Für die Population BNxNIL-B-7A-2 wurde aufgrund des zuvor zusätzlich entdeckten QTL von Ldn auf Chr. 7A (vgl. Tabelle 9) entschieden, den tatsächlichen Effekt des

## Ergebnisse

Wildemmer-QTL vor der Durchführung weiterer Genotypisierungsschritte zunächst zu bestätigen.

**Tabelle 8: Genotypdaten homozygoter Sub-NILs der Kreuzung UzxNIL-U-2B-1 (modifiziert nach Deblieck et al., 2022).**

| Marker                  | BP          | cM    |
|-------------------------|-------------|-------|
| Tdurum_contig27976_414  |             | 32.88 |
| Kukri_rep_c69803_82     | 77.156.243  | 35.44 |
| BS00010055_51           | 80.465.477  | 36.48 |
| Kukri_c6227780          | 96.011.570  | 39.36 |
| GBS_96013158            | 96.013.158  | 40.75 |
| Gene_1741_103           | 97.013.837  |       |
| GBS_97707169            | 97.707.169  |       |
| GBS_100504657           | 100.504.657 |       |
| GBS_10264774            | 102.647.748 |       |
| Tdurum_contig30989_79   | 104.149.860 | 42.15 |
| Tdurum_contig_68806_677 | 111.425.302 | 43.95 |
| GBS_113979606           | 113.979.606 |       |
| GBS_115312227           | 115.312.227 |       |
| Rac875_c2138_474        | 122.506.008 | 46.81 |
| Kukri_c46621_14         | 128.064.567 | 47.86 |
| wsnp_EX_c6537_1138876   | 138.099.492 | 48.55 |

|        |  |
|--------|--|
| 1663-G |  |
| 1688-C |  |
| 1488-A |  |
| 1324-H |  |
| 1767-E |  |
| 1174-B |  |
| 1792-D |  |
| 1704-C |  |
| 1029-B |  |
| 1115-A |  |
| 1735-E |  |
| 1121-B |  |
| 1004-B |  |
| 1539-A |  |
| 1329-A |  |
| 1929-C |  |
| 1695-C |  |
| 1005-C |  |
| 1431-G |  |
| 1794-D |  |
| 1761-D |  |
| 1145-C |  |
| 1336-E |  |
| 1403-D |  |
| 1790-C |  |
| 1353-C |  |
| 1518-D |  |
| 1557-G |  |

cM = centiMorgan, BP = Basenpaarposition rel. zum sequenzierten Genom der Akzession Zavitan (Avni et al., 2017). Schwarz bzw. weiß hinterlegte Regionen stammen aus dem Wild- oder Eliteelter. Grau hinterlegte Sub-NILs wurden mittels GBS genotypisiert. Diese GBS-Analyse führte zur Identifikation der grau hinterlegten GBS-Marker und Rekombinationen (modifiziert nach Deblieck et al., 2022).

## Ergebnisse

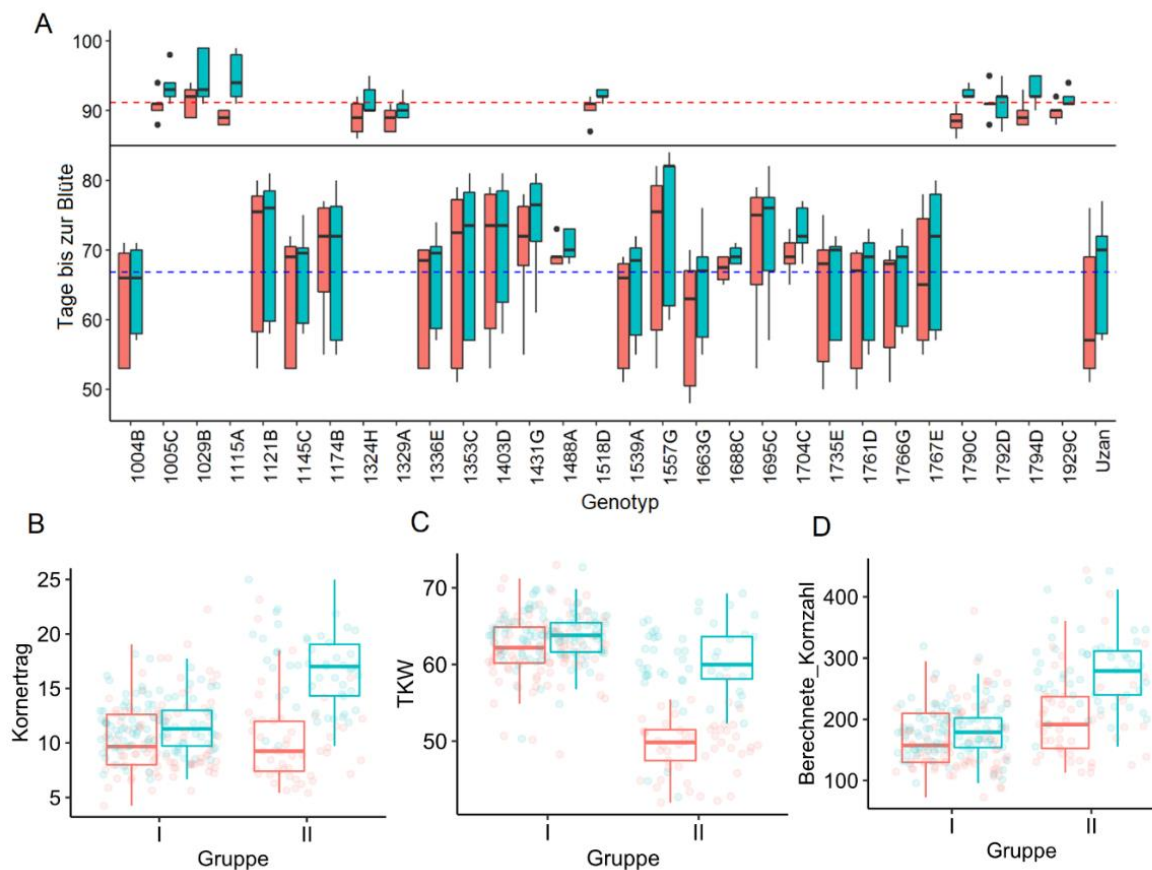
**Tabelle 9: Genotypdaten homozygoter Sub-NILs der Kreuzung BNxNIL-B-7A-2.**

| Marker | Kukri_rep_c70864_329 | BS00007429_51 | Kukri_c38390_218 | Ku_c5938_4221 | Excalibur_c34807_431 | Kukri_c57674_324 | BS00040929_51 |
|--------|----------------------|---------------|------------------|---------------|----------------------|------------------|---------------|
| BP     | 50.891.248           | 56.333.297    | 57.436.526       | 70.497.153    | 71.202.166           | 75.915.520       | 78.811.091    |
| cM     | 39                   | 41.2          | 44.2             | 47.4          | 47.7                 | 52.1             | 53.7          |
| 494-E  |                      |               |                  |               |                      |                  |               |
| 086-C  |                      |               |                  |               |                      |                  |               |
| 116-H  |                      |               |                  |               |                      |                  |               |
| 552-A  |                      |               |                  |               |                      |                  |               |
| 304-B  |                      |               |                  |               |                      |                  |               |
| 448-A  |                      |               |                  |               |                      |                  |               |
| 453-B  |                      |               |                  |               |                      |                  |               |
| 274-D  |                      |               |                  |               |                      |                  |               |
| 170-C  |                      |               |                  |               |                      |                  |               |
| 227-A  |                      |               |                  |               |                      |                  |               |
| 122-G  |                      |               |                  |               |                      |                  |               |
| 065-C  |                      |               |                  |               |                      |                  |               |
| 302-A  |                      |               |                  |               |                      |                  |               |
| 187-A  |                      |               |                  |               |                      |                  |               |
| 136-A  |                      |               |                  |               |                      |                  |               |
| 590-A  |                      |               |                  |               |                      |                  |               |
| 066-B  |                      |               |                  |               |                      |                  |               |
| 106-D  |                      |               |                  |               |                      |                  |               |
| 133-D  |                      |               |                  |               |                      |                  |               |
| 249-B  |                      |               |                  |               |                      |                  |               |
| 470-A  |                      |               |                  |               |                      |                  |               |
| 481-A  |                      |               |                  |               |                      |                  |               |
| 517-D  |                      |               |                  |               |                      |                  |               |
| 091-F  |                      |               |                  |               |                      |                  |               |
| 256-B  |                      |               |                  |               |                      |                  |               |
| 186-C  |                      |               |                  |               |                      |                  |               |
| 554-A  |                      |               |                  |               |                      |                  |               |
| 176-B  |                      |               |                  |               |                      |                  |               |
| 115-C  |                      |               |                  |               |                      |                  |               |
| 296-C  |                      |               |                  |               |                      |                  |               |
| 370-A  |                      |               |                  |               |                      |                  |               |

cM = centiMorgan, BP = Basenpaarposition rel. zum sequenzierten Genom der Akzession Zavitant (Avni et al., 2017). Schwarz bzw. weiß hinterlegte Regionen stammen aus dem Wild- oder Eliteelter.

### 3.4.2 Auswertung der phänotypischen Daten

Zehn der 29 ausgewählten rekombinanten Genotypen der Sub-NIL-Population Uz\*NIL-U-2B-1 (vgl. Tabelle 8) blühten deutlich später als der Eliteelter Uzan (Deblieck et al., 2022; Abbildung 18, Tabelle S5). Eine *in-silico-bulk segregant analyse* (BSA), basierend auf den zuvor etablierten und verfügbaren GBS-Daten dieser Pflanzen, ergab, dass Sub-NILs mit einer höheren Anzahl Tage bis zur Blüte, d. h. die Sub-NILs 1029B, 1115A, 1329A, 1929C (vgl. Gruppe II in Abbildung 18), ein einzelnes 669 kbp großes Fragment auf Chromosom 2A besitzen, das bei den Sub-NILs mit einer zu Uzan vergleichbaren Anzahl an Tagen bis zur Blüte, d. h. 1004B, 1539-A, 1121-B, 1663-G, 1766-G, 1761-D, 1735-F, 1336-E und 1145-C, nicht vorkommt (Deblieck et al., 2022; vgl. Gruppe I in Abbildung 18, Tabelle S6).



**Abbildung 18: Tage bis zur Blüte, Korntrag, Tausendkorngewicht und berechnete Kornzahl der 29 selektierten Sub-NILs im Jahr 2017** (modifiziert nach Deblieck et al., 2022). Rote und blaue Boxplots stellen Messwerte unter Kontroll- bzw. Trockenstressbedingungen dar. Abbildung A illustriert die Anzahl der Tage von der Aussaat bis zur Blüte. Es wurden zwei Gruppen ermittelt, die gemittelt 66.79 (Gruppe I) bzw. 91.22 (Gruppe II) Tage benötigen. In den unteren Abbildungen ist der Korntrag (B), das TKG (C) und die berechnete Kornzahl (D) der Genotypen von Gruppe I bzw. II dargestellt.



Abbildung 18B illustriert, dass Sub-NILs mit einer erhöhten Anzahl an Tagen bis zur Blüte unter Kontrollbedingungen einen statistisch signifikant erhöhten Kornertrag aufweisen (Deblieck et al., 2022). Unter gut bewässerten Bedingungen ist das TKG früh bzw. spät blühender Pflanzen vergleichbar (vgl. Abbildung 18C), sodass der erhöhte Kornertrag spät blühender Pflanzen unter Kontrollbedingungen (vgl. Abbildung 18B) möglicherweise auf die erhöhte Anzahl Körner (vgl. Abbildung 18D) und nicht auf die verlängerte Kornfüllung zurückzuführen ist.

Um eine Verfälschung der QTL-Berechnung durch den Einfluss der unterschiedlichen Blühzeitpunkte zu vermeiden und den Effekt des Zielintervalls auf Chromosom 2B isoliert untersuchen zu können, wurden spät blühende Genotypen in den Experimenten der Jahre 2018 und 2019 für die QTL-Region 2B nicht weiter berücksichtigt. Des Weiteren wurden die Sub-NILs 1704C und 1115A ausgeschlossen, da für diese Genotypen unter den jeweiligen Testbedingungen Daten von weniger als drei Pflanzen pro Jahr und somit kein repräsentativer Datensatz verfügbar waren. Letztendlich standen ausreichend Daten für die Analyse von 17 Sub-NILs in allen drei Jahren zur Verfügung (Deblieck et al., 2022).

Für die BC4F5-NILs der Population BNxNIL-B-7A-2 konnte keine Segregation für den Blühzeitpunkt festgestellt werden, sodass 18 Sub-NILs mit vollständigen Phänotypdaten aus den Jahren 2017, 2018 und 2019 für die weitere QTL-Berechnung ausgewählt wurden.

Die erhobenen Phänotypdaten der 17 Genotypen der Sub-NIL-Population Uz\*NIL-U-2B-1 wurden in Deblieck et al. (2020) veröffentlicht. Tabelle S7 enthält die Phänotypdaten der 18 Genotypen der Sub-NIL-Population BN\*NIL-B-7A-2. Tabellen S8-11 enthalten die berechneten Mittelwerte beider Sub-NIL-Populationen.

Die Trockenstressversuche in den Jahren 2017 bis 2019 wiesen deutliche Unterschiede zueinander auf. Dies gilt insbesondere für die verwendeten Bewässerungsmengen (vgl. Kapitel 2.4.1) sowie an der HUJI und am IPK durchgeführten Versuchsbedingungen im Gewächshaus und auf der Lemnatec Anlage.

Aufgrund dieser Unterschiede wurde zuvor entschieden die Datensätze der Versuchsjahre 2017 bis 2019 (vgl. Kapitel 2.4.2) separat zu analysieren, um die Charakteristika der Einzeljahre nachvollziehbar untersuchen und darstellen zu können. Tabelle S12 illustriert das Ergebnis einer einfaktoriellen ANOVA für alle Merkmale

unter Trockenstress und Kontrollbedingungen für die Versuchsjahre 2017 bis 2019. Das Ergebnis dieser ANOVA verdeutlicht die Unterschiede zwischen den Versuchsjahren 2017 bis 2019: Die Mittelwerte aller Merkmale, bis auf das Merkmal Halmlänge, unterscheiden sich zwischen den Datensätzen signifikant voneinander.

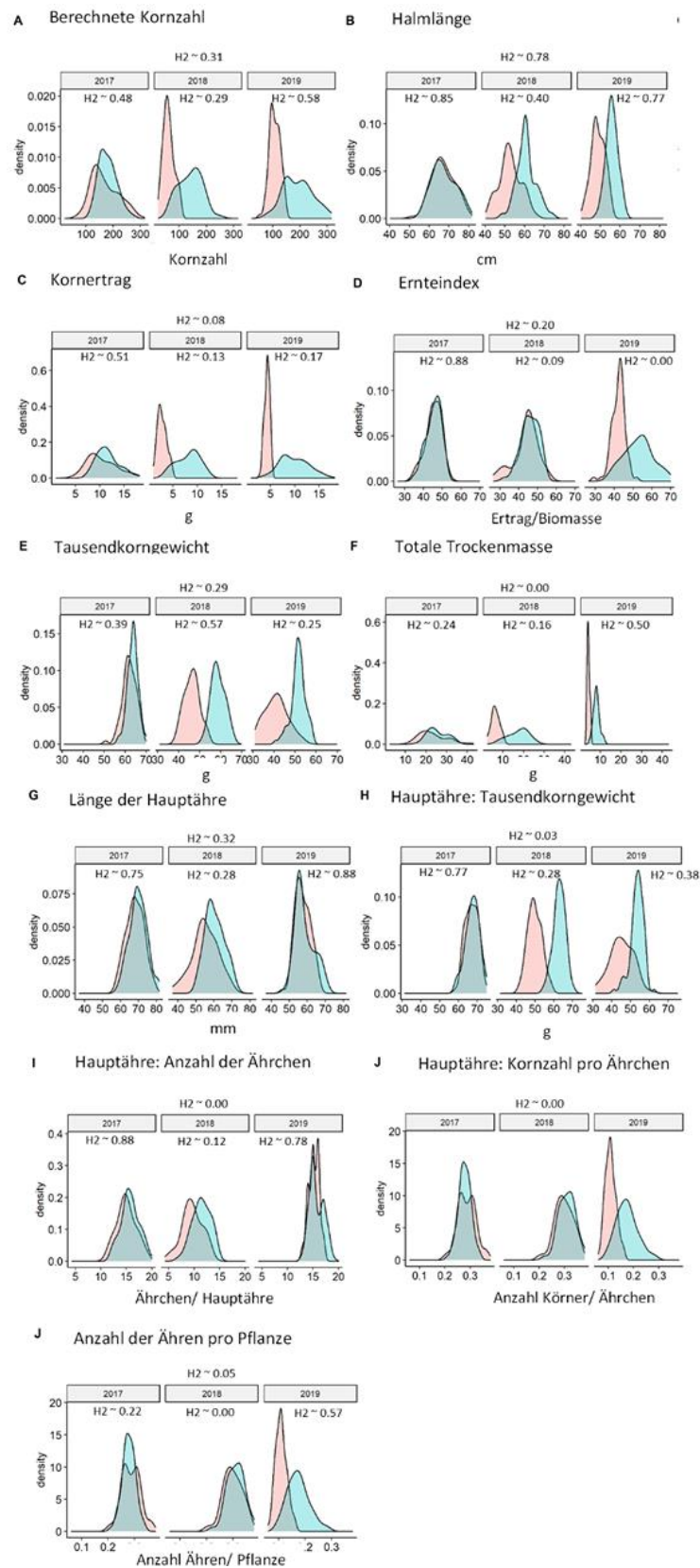
Die nachfolgenden Tabellen 10 und 11 und Abbildungen 19 und 20 stellen daher die Dichteplots, Mittelwerte, Varianzen und die Ergebnisse der gepaarten t-Tests der Merkmale für die Kontroll- und Trockenstressbedingungen der Jahre 2017 bis 2019 separat dar. In Abbildung 19 und 20 ist die Heritabilität (Piepho und Möhring 2007) für die jeweiligen Merkmale angegeben.

In beiden Populationen ist die berechnete Kornzahl, der Kornertrag, die Halmlänge, das Tausendkorngewicht, die Gesamttrockenmasse, das Tausendkorngewicht der Hauptähre, die Anzahl der Ährchen pro Pflanze unter Trockenstressbedingungen reduziert. Außerdem waren im Versuchsjahr 2017 die Auswirkungen des Trockenstresses milder ausgeprägt (Tabelle 10 und 11, Abbildung 19 und 20). Im Jahr 2019 wurden auf der LemnaTec-Anlage unter Kontrollbedingungen mehr Ähren pro Pflanze, ein geringeres TKG und ein höherer Ernteindex als zuvor an der HUJI in Israel gemessen.

In der Population UzxNIL-U-2B-1 ist der Unterschied zwischen Trockenstress- und Kontrollbedingungen für den Ernteindex, die Anzahl Ährchen der Hauptähre sowie die Anzahl Körner pro Ährchen (der Hauptähre) deutlicher als in der Population BNxNIL-B-7A-2 (vgl. Abbildung 19 und 20). Die Population BNxNIL-B-7A-2 weist eine bimodale Verteilung bzgl. der Halmlänge und dem TKG der Hauptähre auf (vgl. Abbildung 20B und H). In beiden Populationen ist die Heritabilität für das Merkmal Halmlänge am höchsten.

Die Tabellen 12 und 13 illustrieren die Pearson-Korrelationskoeffizienten der einzelnen Merkmale. Diese wurden für die Versuchsjahre 2017 bis 2019 separat berechnet.

# Ergebnisse



**Abbildung 19: Dichteplots der Population UzxNIL-U-2B-1** (modifiziert nach Deblieck et al., 2022). Rot und blau hinterlegte Dichtediagramme repräsentieren die Daten, die jeweils unter Trockenstress bzw. Kontrollbedingungen erhoben wurden. Für die Einzeljahre sowie alle drei Versuchsjahre wurde die Heritabilität (H2) nach Piepho und Möhring (2007) berechnet (vgl. Kapitel 2.4.2).

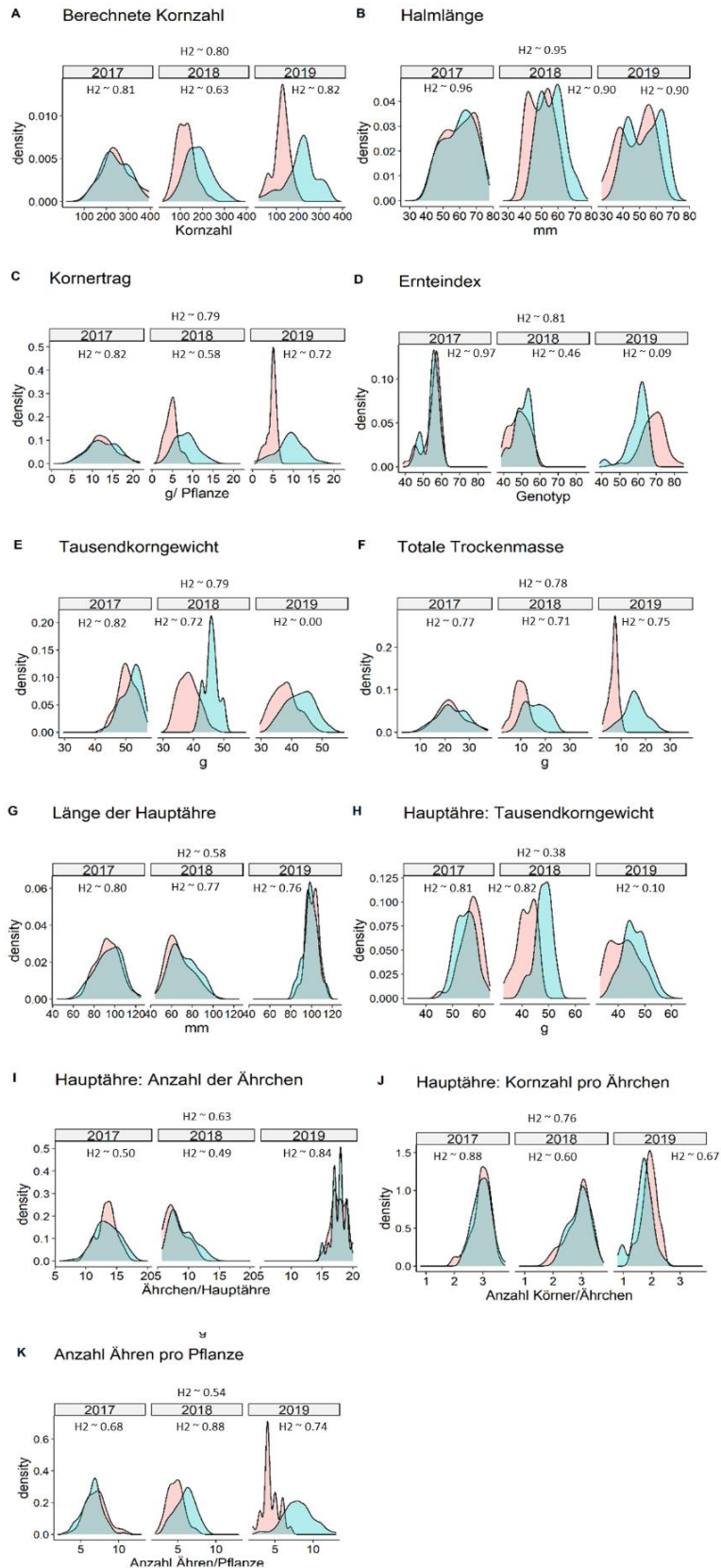
## Ergebnisse

**Tabelle 10: Gepaarte t-Tests bonitierter Merkmale unter Kontroll- und Trockenstressbedingungen der Population UzxNIL-U-2B-1 (modifiziert nach Deblieck et al., 2022).**

| Jahr                 | Bedingung                       | Kontrollbedingung |      |         | Trockenstress |      |         | T-test (pv-) |
|----------------------|---------------------------------|-------------------|------|---------|---------------|------|---------|--------------|
|                      | Merkmal                         | $\bar{x}$         | s    | S.W. pv | $\bar{x}$     | s    | S.W. pv |              |
| 2017                 | Halmlänge                       | 67,63             | 5,20 | 0,48    | 66,88         | 4,48 | 0,72    | 0,34         |
|                      | Länge der Hauptähre*            | 4,25              | 0,04 | 0,67    | 4,22          | 0,05 | 0,65    | 0,00         |
|                      | Hauptähre: Anzahl Ährchen       | 15,70             | 1,33 | 0,18    | 15,05         | 1,48 | 0,09    | 0,00         |
|                      | Hauptähre: Kornzahl pro Ährchen | 0,28              | 1,33 | 0,66    | 0,29          | 1,48 | 0,30    | 0,02         |
|                      | Hauptähre: Tausendkorngewicht   | 67,38             | 2,39 | 1       | 66,92         | 2,28 | 0,53    | 0,29         |
|                      | Kornertrag                      | 11,59             | 1,38 | 0,65    | 10,39         | 1,25 | 0,47    | 0,00         |
|                      | Ernteindex                      | 45,59             | 3,53 | 0,46    | 45,51         | 2,93 | 0,39    | 0,88         |
|                      | Anzahl Ähren pro Pflanze*       | 1,56              | 0,1  | 0,09    | 1,63          | 0,07 | 0,53    | 0,01         |
|                      | Kornertrag pro Ähre*            | 0,87              | 0,08 | 0,47    | 0,68          | 0,08 | 0,54    | 0,00         |
|                      | Tausendkorngewicht              | 63,57             | 1,57 | 0,54    | 61,78         | 2,75 | 0,95    | 0,01         |
|                      | Berechnete KZ*                  | 5,18              | 0,11 | 0,8     | 5,12          | 0,12 | 0,60    | 0,05         |
| 2018                 | Halmlänge                       | 61,08             | 3,19 | 0,08    | 52,8          | 2,75 | 0,50    | 0,00         |
|                      | Länge der Hauptähre*            | 4,10              | 0,05 | 0,69    | 4,01          | 0,06 | 0,87    | 0,00         |
|                      | Hauptähre: Anzahl Ährchen       | 11,43             | 1,02 | 0,12    | 9,57          | 1,01 | 0,41    | 0,00         |
|                      | Hauptähre: Kornzahl pro Ährchen | 0,31              | 1,02 | 0,66    | 0,3           | 1,01 | 0,78    | 0,01         |
|                      | Hauptähre: Tausendkorngewicht   | 63,01             | 1,93 | 0,63    | 49,91         | 2,38 | 0,61    | 0,00         |
|                      | Kornertrag                      | 8,10              | 1,08 | 0,30    | 2,75          | 0,44 | 0,81    | 0,00         |
|                      | Ernteindex                      | 45,75             | 2,92 | 0,12    | 43,7          | 3,04 | 0,55    | 0,06         |
|                      | Anzahl Ähren pro Pflanze*       | 1,31              | 0,12 | 0       | 0,75          | 0,1  | 0,06    | 0,00         |
|                      | Kornertrag pro Ähre*            | 0,80              | 0,07 | 0,55    | 0,25          | 0,09 | 0,23    | 0,00         |
|                      | Tausendkorngewicht              | 58,94             | 2,72 | 0,56    | 46,38         | 2,83 | 0,75    | 0,00         |
|                      | Berechnete Kornzahl*            | 4,93              | 0,16 | 0,17    | 4,07          | 0,19 | 0,43    | 0,00         |
| 2019                 | Halmlänge                       | 55,79             | 2,09 | 0,59    | 48,67         | 2,77 | 0,07    | 0,00         |
|                      | Länge der Hauptähre*            | 4,07              | 0,08 | 0,14    | 4,05          | 0,06 | 0,07    | 0,12         |
|                      | Hauptähre: Anzahl Ährchen       | 15,76             | 0,99 | 0,4     | 15,21         | 0,73 | 0,24    | 0,00         |
|                      | Hauptähre: Kornzahl pro Ährchen | 0,17              | 0,99 | 0,55    | 0,11          | 0,73 | 0,99    | 0,00         |
|                      | Hauptähre: Tausendkorngewicht   | 53,38             | 2,04 | 0,36    | 44,95         | 5,06 | 0,28    | 0,00         |
|                      | Kornertrag                      | 10,08             | 2,39 | 0,13    | 4,33          | 0,3  | 0,10    | 0,00         |
|                      | Ernteindex                      | 53,27             | 6,83 | 0,07    | NA            |      | 0,32    | 0,00         |
|                      | Anzahl Ähren pro Pflanze*       | 1,86              | 0,15 | 0,09    | 1,29          | 0,14 | 0,28    | 0,00         |
|                      | Kornertrag pro Ähre*            | 0,44              | 0,12 | 0,52    | 0,18          | 0,10 | 0,1     | 0,00         |
|                      | Tausendkorngewicht              | 51,49             | 1,77 | 0,67    | 40,64         | 4,58 | 0,42    | 0,00         |
| Berechnete Kornzahl* | 5,25                            | 0,23              | 0,28 | 4,68    | 0,14          | 0,03 | 0,00    |              |

\* Diese Werte wurden transformiert, da die anfänglichen Datensätze nicht normalverteilt waren. Merkmale: Orange gefärbte Merkmale wiesen keine signifikanten Unterschiede zwischen Kontroll- und Trockenstressbedingungen auf.  $\bar{X}$  = Mittelwert, s = Standardabweichung, S.W. pv = Wahrscheinlichkeitswert (*Propability score* ([P]) des Shapiro-Wilk-Tests. Diese Tabelle wurde in Anlehnung an Deblieck et al. (2022) erstellt.

# Ergebnisse



**Abbildung 20: Dichteplots der Population BNxNIL-B-7A-2.** Rot und blau hinterlegte Dichtediagramme repräsentieren die Daten, die jeweils unter Trockenstress bzw. Kontrollbedingungen erhoben wurden. Für die Einzeljahre sowie für alle drei Versuchsjahre wurde die Heritabilität ( $H2$ ) nach Piepho und Möhring (2007) berechnet (vgl. Kapitel 2.4.2).

## Ergebnisse

**Tabelle 11: Gepaarte t-Tests bonitierter Merkmale unter Kontroll- und Trockenstressbedingungen der Population BNxNIL-B-7A-2.**

| Jahr                 | Bedingung<br>Merkmal            | Kontrollbedingung |        |         | Trockenstress |       |         | t-Test (p-<br>) |
|----------------------|---------------------------------|-------------------|--------|---------|---------------|-------|---------|-----------------|
|                      |                                 | $\bar{X}$         | s      | S.W. pv | $\bar{X}$     | S     | S.W. pv |                 |
| 2017                 | Halmlänge                       | 59,22             | 82,71  | 0,06    | 59,10         | 80,73 | 0,51    | 0,88            |
|                      | Länge der Hauptähre*            | 94,37             | 64,32  | 0,50    | 93,33         | 47,23 | 0,98    | 0,38            |
|                      | Hauptähre: Anzahl Ährchen       | 13,58             | 1,27   | 0,73    | 13,41         | 0,76  | 0,55    | 0,46            |
|                      | Hauptähre: Kornzahl pro Ährchen | 2,96              | 1,27   | 0,01    | 2,97          | 0,76  | 0,11    | 0,94            |
|                      | Hauptähre: Tausendkorngewicht   | 54,71             | 6,50   | 0,26    | 56,50         | 8,08  | 0,52    | 0,00            |
|                      | Kornertrag                      | 12,67             | 7,54   | 0,18    | 12,46         | 4,39  | 0,50    | 0,62            |
|                      | Ernteindex                      | 54,69             | 16,65  | 0,00    | 54,97         | 18,74 | 0,01    | 0,40            |
|                      | Anzahl Ähren pro Pflanze*       | 6,58              | 0,71   | 0,59    | 7,01          | 0,65  | 0,38    | 0,03            |
|                      | Kornertrag pro Ähre*            | 1,90              | 0,09   | 0,00    | 1,78          | 0,06  | 0,08    | 0,00            |
|                      | Tausendkorngewicht              | 51,72             | 7,98   | 0,43    | 50,45         | 5,97  | 0,04    | 0,00            |
| Berechnete Kornzahl* | 244,17                          | 2338,38           | 0,47   | 247,05  | 1697,70       | 0,61  | 0,73    |                 |
| 2018                 | Halmlänge                       | 55,42             | 50,41  | 0,15    | 49,13         | 42,02 | 0,47    | 0,00            |
|                      | Länge der Hauptähre*            | 71,82             | 112,12 | 0,13    | 67,64         | 68,08 | 1,00    | 0,01            |
|                      | Hauptähre: Anzahl Ährchen       | 8,90              | 1,67   | 0,91    | 7,94          | 0,49  | 0,14    | 0,00            |
|                      | Hauptähre: Kornzahl pro Ährchen | 2,94              | 1,67   | 0,01    | 2,87          | 0,49  | 0,70    | 0,29            |
|                      | Hauptähre: Tausendkorngewicht   | 48,04             | 6,78   | 0,00    | 41,75         | 8,90  | 0,14    | 0,00            |
|                      | Kornertrag                      | 8,43              | 5,05   | 0,72    | 4,74          | 1,06  | 0,32    | 0,00            |
|                      | Ernteindex                      | 50,43             | 8,15   | 0,10    | 48,30         | 6,26  | 0,04    | 0,00            |
|                      | Anzahl Ähren pro Pflanze*       | 5,97              | 1,16   | 0,43    | 4,69          | 0,42  | 0,25    | 0,00            |
|                      | Kornertrag pro Ähre*            | 1,38              | 0,03   | 0,02    | 1,01          | 0,02  | 0,04    | 0,00            |
|                      | Tausendkorngewicht              | 45,76             | 3,18   | 0,45    | 38,25         | 7,93  | 0,43    | 0,00            |
| Berechnete Kornzahl* | 173,61                          | 2359,33           | 0,79   | 121,16  | 600,47        | 0,51  | 0,00    |                 |
| 2019                 | Halmlänge                       | 52,23             | 87,03  | 0,11    | 46,82         | 90,75 | 0,04    | 0,00            |
|                      | Länge der Hauptähre*            | 99,21             | 23,27  | 0,66    | 100,64        | 21,89 | 1,00    | 0,13            |
|                      | Hauptähre: Anzahl Ährchen       | 17,73             | 0,65   | 0,20    | 17,70         | 0,61  | 0,83    | 0,74            |
|                      | Hauptähre: Kornzahl pro Ährchen | 29,90             | 0,65   | 0,03    | 33,91         | 0,61  | 0,18    | 0,00            |
|                      | Hauptähre: Tausendkorngewicht   | 45,82             | 15,76  | 0,52    | 41,47         | 19,50 | 0,92    | 0,00            |
|                      | Kornertrag                      | 9,16              | 8,67   | 0,07    | 4,62          | 1,03  | 0,77    | 0,00            |
|                      | Ernteindex                      | 58,33             | 24,28  | 0,00    | 67,04         | 30,32 | 0,09    | 0,00            |
|                      | Anzahl Ähren pro Pflanze*       | 7,99              | 1,76   | 0,23    | 4,40          | 0,27  | 0,80    | 0,00            |
|                      | Kornertrag pro Ähre*            | 1,35              | 0,05   | 0,09    | 1,41          | 0,03  | 0,40    | 0,14            |
|                      | Tausendkorngewicht              | 42,26             | 15,45  | 0,79    | 37,11         | 8,62  | 0,04    | 0,00            |
| Berechnete Kornzahl* | 211,96                          | 3379,67           | 0,08   | 121,53  | 842,63        | 0,24  | 0,00    |                 |

\* Diese Werte wurden transformiert, da die anfänglichen Datensätze nicht normalverteilt waren. Merkmale: Orange gefärbte Merkmale wiesen keine signifikanten Unterschiede zwischen Kontroll- und Trockenstressbedingungen auf.  $\bar{X}$  = Mittelwert, s = Standardabweichung, S.W. pv = Wahrscheinlichkeitswert (*Propability score* (P)) des Shapiro-Wilk-Tests.

# Ergebnisse

**Tabelle 12: Pearson-Korrelationskoeffizienten der Merkmale der Population UzxNIL-U-2B-1 (vgl. Deblieck et al., 2022).**

| Versuchsjahr | Bonitiertes Merkmal*        | Kontrollbedingungen |                         |                           |                |                  |            |            |                           |                      |       |      | Trockenstress       |                         |                           |                |                  |            |            |                           |                      |       |       |
|--------------|-----------------------------|---------------------|-------------------------|---------------------------|----------------|------------------|------------|------------|---------------------------|----------------------|-------|------|---------------------|-------------------------|---------------------------|----------------|------------------|------------|------------|---------------------------|----------------------|-------|-------|
|              |                             | Länge der Hauptähre | Hauptähre: Anz. Ährchen | Hauptähre: KZ pro Ährchen | Hauptähre: TKG | Totale Bio-masse | Kornertrag | Ernteindex | Anzahl Ähren pro Pflanze* | Kornertrag pro Ähre* | TKG   | BKZ  | Länge der Hauptähre | Hauptähre: Anz. Ährchen | Hauptähre: KZ pro Ährchen | Hauptähre: TKG | Totale Bio-masse | Kornertrag | Ernteindex | Anzahl Ähren pro Pflanze* | Kornertrag pro Ähre* | TKG   | BKZ   |
| 2017         | Halmlänge                   | 0,23                | 0,19                    | 0,13                      | 0,3            | 0,38             | 0,25       | -0,42      | 0,1                       | 0,28                 | 0,18  | 0,22 | 0,11                | 0,04                    | 0,1                       | 0,45           | 0,25             | 0,15       | -0,27      | -0,02                     | 0,23                 | 0,42  | 0,04  |
|              | Länge der Hauptähre         |                     | 0,85                    | -0,06                     | -0,29          | 0,33             | 0,28       | -0,17      | 0,24                      | 0,16                 | -0,19 | 0,34 |                     | 0,78                    | 0,16                      | -0,1           | 0,37             | 0,36       | -0,01      | 0,29                      | 0,14                 | -0,22 | 0,39  |
|              | Hauptähre: Anz. Ährchen     |                     |                         | -0,01                     | -0,22          | 0,47             | 0,46       | 0,03       | 0,33                      | 0,33                 | -0,02 | 0,5  |                     |                         | 0,05                      | 0,01           | 0,49             | 0,49       | 0,07       | 0,36                      | 0,28                 | -0,09 | 0,51  |
|              | Hauptähre: KZ pro Ährchen   |                     |                         |                           | 0,14           | 0,5              | 0,59       | 0,51       | 0,23                      | 0,59                 | 0,31  | 0,56 |                     |                         |                           | -0,02          | 0,33             | 0,47       | 0,56       | 0,1                       | 0,57                 | 0,16  | 0,44  |
|              | Hauptähre: TKG              |                     |                         |                           |                | 0,23             | 0,25       | 0,22       | 0,01                      | 0,36                 | 0,63  | 0,13 |                     |                         |                           |                | 0,24             | 0,26       | 0,18       | 0                         | 0,4                  | 0,64  | 0,11  |
|              | Totale Biomasse             |                     |                         |                           |                |                  | 0,97       | 0,21       | 0,76                      | 0,64                 | 0,34  | 0,96 |                     |                         |                           |                |                  | 0,95       | 0,12       | 0,81                      | 0,5                  | 0,05  | 0,94  |
|              | Kornertrag                  |                     |                         |                           |                |                  |            | 0,43       | 0,69                      | 0,73                 | 0,42  | 0,98 |                     |                         |                           |                |                  |            | 0,41       | 0,73                      | 0,64                 | 0,12  | 0,97  |
|              | Ernteindex                  |                     |                         |                           |                |                  |            |            | 0                         | 0,59                 | 0,47  | 0,37 |                     |                         |                           |                |                  |            |            | -0,04                     | 0,62                 | 0,25  | 0,36  |
|              | Anz. Ähren/Pflanze Pflanze* |                     |                         |                           |                |                  |            |            |                           | 0,04                 | 0,01  | 0,74 |                     |                         |                           |                |                  |            |            |                           | -0,04                | -0,25 | 0,78  |
|              | Kornertrag/ Ähre*           |                     |                         |                           |                |                  |            |            |                           |                      | 0,62  | 0,65 |                     |                         |                           |                |                  |            |            |                           |                      | 0,45  | 0,54  |
|              | TKG                         |                     |                         |                           |                |                  |            |            |                           |                      |       | 0,23 |                     |                         |                           |                |                  |            |            |                           |                      |       | -0,11 |
| 2018         | Halmlänge                   | 0,27                | 0,17                    | 0,25                      | 0,18           | 0,31             | 0,26       | -0,16      | 0,02                      | 0,36                 | 0,4   | 0,19 | 0,33                | 0,24                    | 0,25                      | 0,2            | 0,35             | 0,31       | -0,14      | 0,18                      | 0,31                 | 0,06  | 0,29  |
|              | Länge der Hauptähre         |                     | 0,9                     | 0,1                       | 0,24           | 0,47             | 0,44       | -0,13      | 0,17                      | 0,52                 | 0,1   | 0,44 |                     | 0,86                    | 0,31                      | -0,09          | 0,46             | 0,47       | -0,11      | 0,36                      | 0,29                 | -0,44 | 0,55  |
|              | Hauptähre: Anzahl Ährchen   |                     |                         | 0,07                      | 0,3            | 0,57             | 0,58       | 0,03       | 0,25                      | 0,69                 | 0,18  | 0,57 |                     |                         | 0,32                      | 0,04           | 0,54             | 0,57       | -0,03      | 0,42                      | 0,4                  | -0,29 | 0,63  |
|              | Hauptähre: KZ pro Ährchen   |                     |                         |                           | -0,01          | 0,46             | 0,42       | -0,05      | 0,39                      | 0,26                 | -0,02 | 0,44 |                     |                         |                           | 0,36           | 0,67             | 0,66       | -0,15      | 0,5                       | 0,58                 | 0,08  | 0,63  |
|              | Hauptähre: TKG              |                     |                         |                           |                | 0,57             | 0,65       | 0,39       | 0,55                      | 0,5                  | 0,49  | 0,59 |                     |                         |                           |                | 0,38             | 0,4        | 0          | 0,18                      | 0,53                 | 0,68  | 0,23  |
|              | Totale Biomasse             |                     |                         |                           |                |                  | 0,95       | 0,02       | 0,79                      | 0,72                 | 0,37  | 0,93 |                     |                         |                           |                |                  | 0,94       | -0,31      | 0,81                      | 0,67                 | 0,02  | 0,91  |
|              | Kornertrag                  |                     |                         |                           |                |                  |            | 0,31       | 0,82                      | 0,76                 | 0,36  | 0,98 |                     |                         |                           |                |                  |            | 0,02       | 0,85                      | 0,71                 | 0,02  | 0,97  |
|              | Ernteindex                  |                     |                         |                           |                |                  |            |            | 0,27                      | 0,24                 | 0,05  | 0,33 |                     |                         |                           |                |                  |            |            | -0,01                     | -0,01                | 0,02  | 0,02  |
|              | Anz. Ähren/Pflanze Pflanze* |                     |                         |                           |                |                  |            |            |                           | 0,28                 | 0,15  | 0,84 |                     |                         |                           |                |                  |            |            |                           | 0,27                 | -0,17 | 0,86  |
|              | Kornertrag/ Ähre*           |                     |                         |                           |                |                  |            |            |                           |                      | 0,45  | 0,72 |                     |                         |                           |                |                  |            |            |                           |                      | 0,32  | 0,63  |
|              | TKG                         |                     |                         |                           |                |                  |            |            |                           |                      |       | 0,19 |                     |                         |                           |                |                  |            |            |                           |                      |       | -0,21 |
| 2019         | Halmlänge                   | 0,18                | 0                       | 0,22                      | 0,45           | 0,29             | 0,26       | 0,01       | -0,02                     | 0,47                 | 0,5   | 0,08 | 0,17                | 0,01                    | 0,18                      | 0,57           | 0,28             | 0,25       | -0,11      | -0,01                     | 0,66                 | 0,42  | -0,01 |
|              | Länge der Hauptähre         |                     | 0,5                     | 0,37                      | -0,11          | 0,13             | 0,18       | 0,24       | -0,11                     | 0,48                 | 0,03  | 0,18 |                     | 0,29                    | 0,38                      | -0,13          | 0                | -0,03      | -0,07      | -0,06                     | 0,36                 | -0,14 | 0,02  |
|              | Hauptähre: Anzahl Ährchen   |                     |                         | 0,02                      | 0,15           | 0,34             | 0,37       | 0,34       | 0,05                      | 0,46                 | 0,2   | 0,35 |                     |                         | -0,06                     | -0,22          | 0,15             | 0,14       | -0,04      | 0,01                      | 0,16                 | -0,09 | 0,19  |
|              | Hauptähre: KZ pro Ährchen   |                     |                         |                           | -0,37          | 0,2              | 0,27       | 0,48       | -0,17                     | 0,72                 | 0,09  | 0,33 |                     |                         |                           | -0,37          | 0,28             | 0,4        | 0,36       | -0,02                     | 0,6                  | -0,18 | 0,46  |
|              | Hauptähre: TKG              |                     |                         |                           |                | 0,39             | 0,4        | 0,19       | 0,12                      | 0,29                 | 0,69  | 0,18 |                     |                         |                           |                | -0,06            | -0,07      | -0,04      | -0,11                     | 0,41                 | 0,66  | -0,43 |
|              | Totale Biomasse             |                     |                         |                           |                |                  | 0,98       | 0,43       | 0,7                       | 0,53                 | 0,6   | 0,94 |                     |                         |                           |                |                  | 0,94       | -0,26      | 0,67                      | 0,27                 | 0,17  | 0,82  |
|              | Kornertrag                  |                     |                         |                           |                |                  |            | 0,61       | 0,61                      | 0,61                 | 0,65  | 0,95 |                     |                         |                           |                |                  |            | 0,08       | 0,53                      | 0,37                 | 0,09  | 0,89  |
|              | Ernteindex                  |                     |                         |                           |                |                  |            |            | 0                         | 0,66                 | 0,45  | 0,58 |                     |                         |                           |                |                  |            |            | -0,46                     | 0,3                  | -0,22 | 0,11  |
|              | Anz. Ähren/Pflanze Pflanze* |                     |                         |                           |                |                  |            |            |                           | -0,07                | 0,24  | 0,64 |                     |                         |                           |                |                  |            |            |                           | -0,11                | 0,11  | 0,51  |
|              | Kornertrag/ Ähre*           |                     |                         |                           |                |                  |            |            |                           |                      | 0,55  | 0,53 |                     |                         |                           |                |                  |            |            |                           |                      | 0,36  | 0,13  |
|              | TKG                         |                     |                         |                           |                |                  |            |            |                           |                      |       | 0,4  |                     |                         |                           |                |                  |            |            |                           |                      |       | -0,34 |

\* TKG = Tausendkorngewicht, (B)KZ = (Berechnete)Kornzahl. Besonders deutliche Korrelationsunterschiede zwischen Trockenstress- und Kontrollbedingungen wurden separat hervorgehoben.



# Ergebnisse

**Tabelle 13: Pearson-Korrelationskoeffizienten der Merkmale der Population BNxNIL-B-7A-2.**

|              |                           | Kontrollbedingungen |                           |                           |                |                 |            |            |                           |                      |       | Trockenstress |                     |                           |                           |                |                 |            |            |                           |                      |       |       |       |      |
|--------------|---------------------------|---------------------|---------------------------|---------------------------|----------------|-----------------|------------|------------|---------------------------|----------------------|-------|---------------|---------------------|---------------------------|---------------------------|----------------|-----------------|------------|------------|---------------------------|----------------------|-------|-------|-------|------|
| Versuchsjahr | Bonitiertes Merkmal*      | Länge der Hauptähre | Hauptähre: Anzahl Ährchen | Hauptähre: KZ pro Ährchen | Hauptähre: TKG | Totale Biomasse | Kornertrag | Ernteindex | Anzahl Ähren pro Pflanze* | Kornertrag pro Ähre* | TKG   | BKZ           | Länge der Hauptähre | Hauptähre: Anzahl Ährchen | Hauptähre: KZ pro Ährchen | Hauptähre: TKG | Totale Biomasse | Kornertrag | Ernteindex | Anzahl Ähren pro Pflanze* | Kornertrag pro Ähre* | TKG   | BKZ   |       |      |
| 2017         | Halmlänge                 | 0,3                 | 0,6                       | -0,32                     | -0,23          | 0,38            | 0,19       | -0,45      | 0,05                      | 0,17                 | -0,06 | 0,2           | 0,23                | 0,45                      | -0,46                     | 0,2            | 0,33            | 0,27       | -0,21      | 0,26                      | 0,16                 | -0,14 | 0,29  |       |      |
|              | Länge der Hauptähre       |                     | 0,77                      | -0,04                     | -0,25          | 0,37            | 0,3        | -0,2       | -0,04                     | 0,45                 | -0,01 | 0,31          |                     | 0,85                      | -0,22                     | -0,13          | 0,34            | 0,39       | 0,16       | 0,33                      | 0,3                  | -0,26 | 0,42  |       |      |
|              | Hauptähre: Anzahl Ährchen |                     |                           | -0,33                     | -0,25          | 0,37            | 0,3        | -0,18      | -0,01                     | 0,41                 | -0,03 | 0,31          |                     |                           | -0,53                     | -0,08          | 0,19            | 0,21       | 0,05       | 0,15                      | 0,19                 | -0,38 | 0,27  |       |      |
|              | Hauptähre: KZ pro Ährchen |                     |                           |                           | -0,11          | 0,08            | 0,26       | 0,42       | 0,09                      | 0,28                 | -0,09 | 0,29          |                     |                           |                           | -0,08          | 0,29            | 0,34       | 0,3        | 0,27                      | 0,3                  | 0,31  | 0,29  |       |      |
|              | Hauptähre: TKG            |                     |                           |                           |                | -0,08           | 0,06       | 0,31       | 0,17                      | -0,09                | 0,58  | -0,07         |                     |                           |                           |                | 0,27            | 0,35       | 0,29       | 0,28                      | 0,29                 | 0,26  | 0,3   |       |      |
|              | Totale Biomasse           |                     |                           |                           |                |                 | 0,9        | -0,26      | 0,64                      | 0,46                 | 0,18  | 0,87          |                     |                           |                           |                |                 | 0,95       | 0,01       | 0,87                      | 0,63                 | 0     | 0,94  |       |      |
|              | Kornertrag                |                     |                           |                           |                |                 |            | 0,19       | 0,68                      | 0,55                 | 0,17  | 0,98          |                     |                           |                           |                |                 |            | 0,32       | 0,86                      | 0,75                 | 0,08  | 0,98  |       |      |
|              | Ernteindex                |                     |                           |                           |                |                 |            |            | 0,09                      | 0,16                 | -0,04 | 0,2           |                     |                           |                           |                |                 |            |            |                           | 0,1                  | 0,51  | 0,24  | 0,27  |      |
|              | Anzahl Ähren pro Pflanze* |                     |                           |                           |                |                 |            |            |                           | 0,09                 | 0,16  | -0,04         | 0,2                 |                           |                           |                |                 |            |            |                           |                      | 0,1   | 0,51  | 0,24  | 0,27 |
|              | Kornertrag pro Ähre*      |                     |                           |                           |                |                 |            |            |                           |                      | -0,22 | 0,11          | 0,66                |                           |                           |                |                 |            |            |                           |                      | 0,32  | 0,02  | 0,85  |      |
|              | <b>TKG</b>                |                     |                           |                           |                |                 |            |            |                           |                      |       | -0,04         |                     |                           |                           |                |                 |            |            |                           |                      |       | -0,13 |       |      |
| 2018         | Halmlänge                 | 0,25                | 0,28                      | -0,2                      | 0,36           | 0,55            | 0,45       | -0,24      | 0,43                      | 0,29                 | 0,51  | 0,36          | 0,45                | 0,45                      | 0,19                      | 0,11           | 0,49            | 0,56       | 0,18       | 0,35                      | 0,59                 | 0,3   | 0,49  |       |      |
|              | Länge der Hauptähre*      |                     | 0,89                      | 0,08                      | -0,19          | 0,08            | 0,05       | -0,13      | -0,07                     | 0,21                 | -0,07 | 0,06          |                     | 0,94                      | 0,31                      | -0,11          | 0,66            | 0,65       | 0,09       | 0,46                      | 0,63                 | 0,05  | 0,64  |       |      |
|              | Hauptähre: Anzahl Ährchen |                     |                           | -0,15                     | -0,14          | 0,03            | -0,03      | -0,18      | -0,17                     | 0,24                 | 0,11  | -0,04         |                     |                           | 0,16                      | -0,1           | 0,66            | 0,6        | -0,01      | 0,41                      | 0,6                  | 0,09  | 0,58  |       |      |
|              | Hauptähre: KZ pro Ährchen |                     |                           |                           | -0,28          | 0,09            | 0,16       | 0,18       | 0,04                      | 0,25                 | -0,48 | 0,26          |                     |                           |                           | -0,36          | 0,28            | 0,37       | 0,16       | 0,19                      | 0,4                  | -0,36 | 0,45  |       |      |
|              | Hauptähre: TKG            |                     |                           |                           |                | 0,27            | 0,28       | 0,03       | 0,27                      | 0,2                  | 0,69  | 0,16          |                     |                           |                           |                | -0,08           | 0,06       | 0,3        | -0,08                     | 0,17                 | 0,69  | -0,1  |       |      |
|              | Totale Biomasse           |                     |                           |                           |                |                 | 0,95       | -0,15      | 0,88                      | 0,61                 | 0,23  | 0,92          |                     |                           |                           |                |                 | 0,87       | -0,17      | 0,73                      | 0,72                 | 0,02  | 0,86  |       |      |
|              | Kornertrag                |                     |                           |                           |                |                 |            | 0,14       | 0,91                      | 0,65                 | 0,14  | 0,98          |                     |                           |                           |                |                 |            | 0,87       | -0,17                     | 0,73                 | 0,72  | 0,02  | 0,86  |      |
|              | Ernteindex                |                     |                           |                           |                |                 |            |            | 0,1                       | 0,07                 | -0,23 | 0,19          |                     |                           |                           |                |                 |            | 0,33       | 0,81                      | 0,83                 | 0,1   | 0,97  |       |      |
|              | Anzahl Ähren pro Pflanze* |                     |                           |                           |                |                 |            |            |                           | 0,28                 | 0,05  | 0,9           |                     |                           |                           |                |                 |            |            |                           |                      | 0,37  | -0,1  | 0,83  |      |
|              | Kornertrag pro Ähre*      |                     |                           |                           |                |                 |            |            |                           |                      | 0,29  | 0,6           |                     |                           |                           |                |                 |            |            |                           |                      |       | 0,26  | 0,76  |      |
|              | <b>TKG</b>                |                     |                           |                           |                |                 |            |            |                           |                      |       | -0,04         |                     |                           |                           |                |                 |            |            |                           |                      |       | -0,13 |       |      |
| 2019         | Halmlänge                 | -0,31               | -0,33                     | 0,02                      | 0,28           | -0,02           | -0,26      | -0,23      | -0,13                     | -0,2                 | 0,19  | -0,32         | -0,46               | -0,29                     | -0,16                     | 0,52           | 0,05            | 0,18       | 0,04       | -0,34                     | 0,49                 | 0,6   | -0,38 |       |      |
|              | Länge der Hauptähre*      |                     | 0,63                      | -0,16                     | -0,16          | 0,58            | 0,68       | 0,1        | 0,23                      | 0,56                 | 0,23  | 0,64          |                     | 0,69                      | -0,02                     | -0,56          | 0,39            | 0,08       | -0,24      | 0,39                      | -0,32                | -0,53 | 0,51  |       |      |
|              | Hauptähre: Anzahl Ährchen |                     |                           | -0,28                     | -0,31          | 0,32            | 0,44       | 0,33       | 0,18                      | 0,33                 | 0,02  | 0,45          |                     |                           | -0,08                     | -0,57          | 0,4             | 0,01       | -0,34      | 0,33                      | -0,31                | -0,49 | 0,41  |       |      |
|              | Hauptähre: KZ pro Ährchen |                     |                           |                           | -0,06          | 0,29            | 0,26       | -0,2       | 0,85                      | -0,54                | 0,01  | 0,28          |                     |                           |                           | -0,14          | 0,48            | 0,38       | 0,13       | 0,82                      | -0,59                | -0,17 | 0,4   |       |      |
|              | Hauptähre: TKG            |                     |                           |                           |                | 0,07            | -0,13      | -0,1       | -0,27                     | 0,17                 | 0,56  | -0,28         |                     |                           |                           |                | -0,47           | 0,22       | 0,45       | -0,51                     | 0,69                 | 0,89  | -0,61 |       |      |
|              | Totale Biomasse           |                     |                           |                           |                |                 | 0,71       | -0,22      | 0,53                      | 0,32                 | 0,38  | 0,64          |                     |                           |                           |                |                 | 0,43       | -0,35      | 0,73                      | -0,43                | -0,32 | 0,59  |       |      |
|              | Kornertrag                |                     |                           |                           |                |                 |            | 0,21       | 0,6                       | 0,57                 | 0,28  | 0,96          |                     |                           |                           |                |                 |            | 0,64       | 0,39                      | 0,29                 | 0,19  | 0,54  |       |      |
|              | Ernteindex                |                     |                           |                           |                |                 |            |            | -0,06                     | 0,29                 | -0,14 | 0,25          |                     |                           |                           |                |                 |            |            | -0,09                     | 0,51                 | 0,3   | 0,18  |       |      |
|              | Anzahl Ähren pro Pflanze* |                     |                           |                           |                |                 |            |            |                           | -0,3                 | 0,03  | 0,63          |                     |                           |                           |                |                 |            |            |                           |                      | -0,75 | -0,51 | 0,71  |      |
|              | Kornertrag pro Ähre*      |                     |                           |                           |                |                 |            |            |                           |                      | 0,35  | 0,49          |                     |                           |                           |                |                 |            |            |                           |                      |       | 0,67  | -0,38 |      |
|              | <b>TKG</b>                |                     |                           |                           |                |                 |            |            |                           |                      |       | 0,02          |                     |                           |                           |                |                 |            |            |                           |                      |       | -0,71 |       |      |

\* TKG = Tausendkorngewicht, (B)KZ = (Berechnete)Kornzahl. Besonders deutliche Korrelationsunterschiede zwischen Trockenstress- und Kontrollbedingungen wurden separat hervorgehoben.



Unter Kontroll- und Trockenstressbedingungen korreliert in beiden Populationen der Kornertrag in abfallender Reihenfolge am stärksten positiv mit der Kornzahl pro Ähre, der Gesamtbiomasse, dem Ertrag pro Ähre, der Anzahl Ähren pro Pflanze, dem Ernteindex und dem TKG Pflanze (vgl. Tabelle 12 und 13).

Des Weiteren korreliert das TKG in der UzxNIL-U-2B-1 Population unter Kontrollbedingungen positiv mit der berechneten Kornzahl pro Pflanze (BKZ), unter Trockenstress hingegen leicht negativ (vgl. Tabelle 12). Gleichzeitig korreliert das TKG in der UzxNIL-U-2B-1 Population unter Kontrollbedingungen leicht positiv mit dem Kornertrag, jedoch nicht unter Trockenstressbedingungen. In den Jahren 2018 und 2019, in denen der Trockenstress stärker ausgeprägt war als im Jahre 2017, konnte für die Population UzxNIL-U-2B-1 unter Kontrollbedingungen eine schwach positive Korrelation zwischen dem Ernteindex und dem Kornertrag beobachtet werden, jedoch nicht unter Trockenstressbedingungen. Dieser Unterschied ist spezifisch für die Population UzxNIL-U-2B-1 (vgl. Tabelle 12 und 13).

### **3.4.3 QTL-Region 2B**

Da hinsichtlich der Halmlänge pro Pflanze, dem TKG der Hauptähre sowie dem Ernteindex der Pflanze im Jahr 2017 und der Länge der Hauptähre im Jahr 2019 keine signifikanten Unterschiede zwischen Stress- und Kontrollbedingungen nachweisbar waren (vgl. Tabelle 10), wurden diese Daten nicht für die Berechnung trockenstressspezifischer QTL genutzt (Deblieck et al., 2022). Tabelle 14 stellt eine Übersicht der berechneten QTL dar. In Tabelle 15 werden die LOD-Werte und Additiveffekte (d) signifikanter QTL ( $P < 0,05$ ) entlang des Zielintervalls illustriert.

QTL für die Halmlänge und das TKG der Pflanze konnten unter beiden Bewässerungsregimen nachgewiesen werden. Der Additiveffekt des TKG-QTL ist unter Stressbedingungen deutlich negativer als unter Kontrollbedingungen (vgl. Tabelle 14). QTL für den Ernteindex und die Kornzahl pro Ährchen (der Hauptähre) wurden spezifisch unter Kontrollbedingungen nachgewiesen (vgl. Tabelle 14).

QTL für den Ernteindex der Pflanze, die (berechnete) Kornzahl der Pflanze, die Halmlänge der Pflanze und das Tausendkorngewicht der Pflanze kolokalisieren an

den äußersten Enden des Intervalls, das im Rahmen dieser Arbeit mit Markern abgesättigt und einer Feinkartierung unterzogen wurde (vgl. Tabelle 8 und 15). Die Sub-NILs können daher in zwei Gruppen mit und ohne das entsprechende Fragment der Introgression des Wildelters eingeteilt werden (Tabelle 8). Von dem flankierenden Marker Tdurum\_contig27976\_414 ausgehend, werden Sub-NILs mit bzw. ohne die Introgression des Wildelterallels dieses Markers nachfolgend als nördliche oder südliche Rekombinante bezeichnet.

Nördliche Rekombinante (T1 und T2 in Tabelle 16) weisen relativ zu den südlichen Rekombinanten (T3 in Tabelle 16) eine reduzierte Halmlänge, eine höhere Kornzahl pro Pflanze und einen leicht erhöhten Kornertrag pro Pflanze auf (vgl. auch Abbildung 21). Eine erneute Differenzierung rekombinanter Genotypen, die nördlich des Markers Gene\_1741\_16 die Allele des Eliteelters aufwiesen, d. h. die Sub-NILs 1663G, 1688C, 1488A, 1767E und 1174B (vgl. Tabelle 8), ergab, dass diese Linien im Vergleich zu dem Eliteelter Uzan pro Pflanze einen höheren Kornertrag sowie eine höhere Kornzahl unter Kontrollbedingungen besitzen (vgl. T2 in Abbildung 21 und Tabelle 16). Der durchschnittliche Kornertrag dieser Linien unter Kontrollbedingungen betrug 12,05 g (2017), 9,48 g (2018) und 12,07 g (2019) (vgl. T2 in Tabelle 16). Vergleichsweise betrug der Ertrag des Eliteelter Uzan 10,60 g, 7,92 g und 6,92 g (Tabelle 16). In den Jahren 2017, 2018 und 2019 war der Ertrag in den ausgewählten Sub-NILs somit unter Kontrollbedingungen 12 %, 16 % und 42 % höher als der des Eliteelters (Tabelle 16). Unter Trockenstressbedingungen konnte kein einheitlich signifikant erhöhter Ertrag dieser Linien nachgewiesen werden.

Wie zuvor beobachtet, korrelieren in der UzxNIL-U-2B-1 der Kornertrag der Pflanze und das TKG der Pflanze unter Trockenstressbedingungen deutlich schwächer bzw. das TKG der Pflanze und die berechnete Kornzahl der Pflanze verstärkt negativ (Tabelle 12). Auch der vom Wildelter stammende TKG-QTL besitzt unter Stressbedingungen einen erhöhten LOD-Wert und deutlich negativeren Additiveffekt (Tabelle 14 und 15).

Statistisch signifikante QTL mit einem P-Wert  $< 0.05$  wurden zuvor mittels eines Permutationstest bestimmt (vgl. Kapitel 2.3) und in Tabelle 14 hervorgehoben. Die Verteilung der LOD-Werte signifikanter QTL innerhalb des Zielintervalles, das einer Feinkartierung unterzogen wurde (vgl. Tabelle 8), wurde in Tabelle 15 dargestellt.

## Ergebnisse

**Tabelle 14: Signifikante QTL im Zielintervall auf Chromosom 2B in den Jahren 2017, 2018 und 2019 (modifiziert nach Deblieck et al., 2022).**

| Jahr   |                                  | 2017        |                         |                              |             |              | 2018        |                         |                              |               |              | 2019        |                                |                                |              |              | 2017-2019   |                         |                                |             |               |
|--|----------------------------------|-------------|-------------------------|------------------------------|-------------|--------------|-------------|-------------------------|------------------------------|---------------|--------------|-------------|--------------------------------|--------------------------------|--------------|--------------|-------------|-------------------------|--------------------------------|-------------|---------------|
| Merkmal  | LOD                              | P           | Signifikantester Marker | PEV                          | Sub. Effekt | LOD          | P           | Signifikantester Marker | PEV                          | Subst. Effekt | LOD          | P           | Signifikantester Marker        | PEV                            | Sub. Effekt  | LOD          | P           | Signifikantester Marker | PEV                            | Sub. Effekt |               |
| Trockenstress                                  | <u>BKZ</u>                       | <b>2.39</b> | <b>0.01</b>             | <i>Kukri_rep_c69803_82</i>   | <b>0.50</b> | <b>24.60</b> | 1.96        | 0.06                    | NS                           | 0.45          | -13.67       | 1.81        | 0.08                           | NS                             | 0.40         | -17.85       | <b>2.59</b> | <b>0.01</b>             | <i>wsnp_Ex_c6537_1133876</i>   | <b>0.55</b> | <b>-13.00</b> |
|  | Halmlänge                        |             |                         | <i>Nicht berücksichtigt*</i> |             |              | 1.31        | 0.17                    | NS                           | 0.37          | -3.31        | <b>2.86</b> | <b>0.01</b>                    | <i>wsnp_Ex_c6537_1133876</i>   | <b>0.54</b>  | <b>3.88</b>  | <b>2.88</b> | <b>0.01</b>             | <i>Kukri_rep_c69803_82</i>     | <b>0.65</b> | <b>-3.45</b>  |
|  | Ernteindex                       |             |                         | <i>Nicht berücksichtigt*</i> |             |              | 0.62        | 0.49                    | NS                           | 0.17          | -2.43        | 0.32        | 0.82                           | NS                             | 0.10         | 1.17         | 1.33        | 0.19                    | NS                             | NS          | 1.89          |
|  | Hauptähre:<br>Anzahl der Ährchen | 0.46        | 0.66                    | NS                           | 0.12        | -1.01        | 0.70        | 0.46                    | NS                           | 0.20          | -0.88        | <b>2.55</b> | <b>0.02</b>                    | <i>Kukri_c46621_14</i>         | <b>0.51</b>  | <b>-1.03</b> | <b>2.24</b> | <b>0.03</b>             | <i>Tdurum_contig_68806_677</i> | <b>0.60</b> | <b>-1.07</b>  |
|  | Hauptähre:<br>TKG                |             |                         | <i>Nicht berücksichtigt*</i> |             |              | <b>2.95</b> | <b>0.01</b>             | <i>wsnp_Ex_c6537_1133876</i> | <b>0.60</b>   | <b>3.59</b>  | <b>2.14</b> | <b>0.04</b>                    | <i>Kukri_c46621_14</i>         | <b>0.45</b>  | <b>6.47</b>  | 1.14        | 0.20                    | NS                             | 0.37        | -3.38         |
|  | TKG                              | 0.78        | 0.38                    | NS                           | 0.20        | 2.41         | <b>3.86</b> | <b>0.00</b>             | <i>wsnp_Ex_c6537_1133876</i> | <b>0.70</b>   | <b>4.64</b>  | <b>2.48</b> | <b>0.01</b>                    | <i>wsnp_Ex_c6537_1133876</i>   | <b>0.49</b>  | <b>6.04</b>  | <b>2.67</b> | <b>0.01</b>             | <i>Kukri_rep_c69803_82</i>     | <b>0.61</b> | <b>-4.16</b>  |
|  | <i>BKZ (Log-transformiert)</i>   | <b>2.37</b> | <b>0.01</b>             | <i>Kukri_rep_c69803_82</i>   | <b>0.50</b> | <b>0.14</b>  |             |                         |                              |               |              |             |                                |                                |              |              |             |                         |                                |             |               |
| Kontrollbedingungen                            | Halmlänge                        | <b>3.01</b> | <b>0.01</b>             | <i>wsnp_Ex_c6537_1133876</i> | <b>0.56</b> | <b>7.63</b>  | 1.94        | 0.06                    | NS                           | 0.46          | 4.14         | <b>2.34</b> | <b>0.00</b>                    | <i>wsnp_Ex_c6537_1133876</i>   | <b>0.47</b>  | <b>2.82</b>  | <b>2.98</b> | <b>0.01</b>             | <i>Kukri_rep_c69803_82</i>     | <b>0.66</b> | <b>-4.20</b>  |
|  | Korntrag/Ährchen                 | 1.27        | 0.14                    | NS                           | 0.29        | -0.20        | 0.41        | 0.71                    | NS                           | 0.12          | -0.11        | 1.39        | 0.11                           | NS                             | 0.32         | -0.22        | <b>1.64</b> | <b>0.06</b>             | <i>Kukri_rep_c69803_82</i>     | <b>0.40</b> | <b>0.16</b>   |
|  | Ernteindex                       | <b>3.67</b> | <b>0.00</b>             | <i>wsnp_Ex_c6537_1133876</i> | <b>0.63</b> | <b>-5.36</b> | 1.50        | 0.11                    | NS                           | 0.38          | 3.59         | 1.61        | 0.09                           | NS                             | 0.36         | 7.91         | <b>2.69</b> | <b>0.01</b>             | <i>BS00010055_51</i>           | <b>0.56</b> | <b>6.00</b>   |
|  | Länge der Hauptähre              | 1.00        | 0.25                    | NS                           | 0.25        | -2.92        | 0.58        | 0.53                    | NS                           | 0.18          | -2.77        | <b>2.41</b> | <b>0.02</b>                    | <i>Tdurum_contig_68806_677</i> | <b>0.55</b>  | <b>-6.66</b> | <b>1.78</b> | <b>0.06</b>             | <i>Kukri_c6227780</i>          | <b>0.50</b> | <b>-3.73</b>  |
|  | Hauptähre:<br>Anzahl der Ährchen | 0.46        | 0.61                    | NS                           | 0.12        | -0.91        | 0.49        | 0.64                    | NS                           | 0.16          | -0.81        | <b>2.90</b> | <b>0.02</b>                    | <i>Kukri_c46621_14</i>         | <b>0.55</b>  | <b>-1.44</b> | 1.81        | 0.08                    | NS                             | 0.55        | -1.02         |
|  | Hauptähre:<br>Körner pro Ährchen | 1.65        | 0.08                    | NS                           | 0.36        | -0.02        | <b>2.75</b> | <b>0.02</b>             | <i>Kukri_rep_c69803_82</i>   | <b>0.64</b>   | <b>0.05</b>  | 0.61        | 0.50                           | NS                             | 0.17         | -0.02        | <b>2.33</b> | <b>0.03</b>             | <i>Gene_1741_16</i>            | <b>0.52</b> | <b>0.02</b>   |
|  | TKG                              | 1.15        | 0.17                    | NS                           | 0.35        | 1.89         | <b>2.82</b> | <b>0.01</b>             | <i>Kukri_rep_c69803_82</i>   | <b>0.59</b>   | <b>-4.08</b> | 1.62        | 0.04                           | 24.90                          | 0.38         | -2.21        | <b>2.38</b> | <b>0.04</b>             | <i>Kukri_rep_c69803_82</i>     | <b>0.53</b> | <b>-1.96</b>  |
| <i>Länge der Hauptähre (Log transformiert)</i> |                                  |             |                         |                              |             |              |             |                         |                              |               | <b>2.44</b>  | <b>0.01</b> | <i>Tdurum_contig_68806_677</i> | <b>0.55</b>                    | <b>-0.11</b> |              |             |                         |                                |             |               |

\* LOD = Logarithm of odds. Der QTL-Substitutionseffekts d repräsentiert die Wirkung des G18-16 auf das jeweilige Merkmal und berechnet sich aus der Differenz des Mittelwerts homozygoter Sub-NILs mit dem G18-16- bzw. Uzan-Allel. P = Wahrscheinlichkeit (*propability score* [p]) (basierend auf einem Permutationstest mit 1000 Wiederholungen), PEV = Prozentsatz der erklärten Varianz. Signifikante QTL mit einem p-Wert <0.05 wurden grau hinterlegt. In einigen wenigen Fällen wurden die jeweiligen Daten des Jahres nicht normalverteilt und log-transformiert. Diese Daten wurden separat analysiert. Die Log-Transformation war 2018 für die Anzahl Ähren pro Pflanze unter Kontroll- und Stressbedingungen nicht erfolgreich

# Ergebnisse

**Tabelle 15. QTL-LOD-Werte entlang des Zielintervalls auf Chromosom 2B (modifiziert nach Deblieck et al., 2022).**

| Jahr                      | iSelect                   | LOD-Wert    | iSelect                |                     |               |                 |              |              |              |               |              |                       |                        |               |               |                   |                  |                        |
|---------------------------|---------------------------|-------------|------------------------|---------------------|---------------|-----------------|--------------|--------------|--------------|---------------|--------------|-----------------------|------------------------|---------------|---------------|-------------------|------------------|------------------------|
|                           |                           |             | Tdurum_contig27976_414 | Kukri_rep_c69803_82 | BS00010055_51 | Kukri_c62277_80 | GBS_96013158 | GBS_97013837 | Gene1741_103 | GBS_100504657 | GBS_10264774 | Tdurum_contig30989_79 | Tdurum_contig68806_677 | GBS_113979606 | GBS_115312227 | Rac875_c21378_474 | Kukri_c46621_143 | wsnp_Ex_c6537_11338763 |
|                           |                           | Mbp         | 77,16                  | 80,47               | 96,01         | 96,01           | 97,01        | 97,7         | 100,5        | 102,7         | 104,1        | 111,4                 | 114,0                  | 115,3         | 122,5         | 128,1             | 138,1            |                        |
|                           |                           | cM**        | 35,44                  | 36,48               | 39,36         | 39,36           | 40,75        | 40,75        | 40,75        | 42,7          | 42,7         | 43,95                 | 43,95                  | 43,95         | 46,81         | 47,86             | 48,55            |                        |
| 2017                      | Halmlänge                 | LOD         | <b>3,01</b>            | <b>0,45</b>         | <b>0,16</b>   | <b>0,01</b>     | <b>0,01</b>  | <b>0,01</b>  | <b>0,01</b>  | <b>0,01</b>   | <b>0,01</b>  | <b>0,11</b>           | <b>0,28</b>            | <b>0,88</b>   | <b>1,4</b>    | <b>1,4</b>        | <b>3,01</b>      |                        |
|                           |                           | eff.(d)     | -7,63                  | -3,6                | -2,1          | 0,4             | 0,55         | 0,55         | 0,55         | 0,55          | -0,15        | 1,73                  | 2,87                   | 5,14          | 5,83          | 5,8               | 7,63             |                        |
| 2017                      | Ernteindex                | LOD         | <b>3,67</b>            | <b>1,91</b>         | <b>1,91</b>   | <b>1,12</b>     | <b>1,12</b>  | <b>1,02</b>  | <b>1,02</b>  | <b>1,02</b>   | <b>1,02</b>  | <b>0,35</b>           | <b>0,35</b>            | <b>0,4</b>    | <b>1,23</b>   | <b>2,71</b>       | <b>2,7</b>       | <b>3,67</b>            |
|                           |                           | eff.(d)     | 5,36                   | 4,35                | 4,35          | 3,6             | 3,6          | 3,36         | 3,36         | 3,36          | 2,02         | 2,02                  | -2,26                  | -3,94         | -4,94         | -4,9              | -5,36            |                        |
| 2018                      | Halmlänge                 | LOD         | <b>1,66</b>            | <b>1,66</b>         | <b>1,52</b>   | <b>1,21</b>     | <b>1,21</b>  | <b>1,16</b>  | <b>1,16</b>  | <b>1,16</b>   | <b>0,39</b>  | <b>0,39</b>           | <b>0,39</b>            | <b>1,12</b>   | <b>1,94</b>   | <b>1,9</b>        | <b>1,94</b>      |                        |
|                           |                           | eff.(d)     | -3,9                   | -3,9                | -3,79         | -3,58           | -3,58        | -3,38        | -3,38        | -3,38         | -2,04        | -2,04                 | 2,15                   | 3,7           | 4,14          | 4,14              | 4,14             |                        |
|                           | Hauptähre: KZ pro Ährchen | LOD         | <b>2,75</b>            | <b>1,73</b>         | <b>1,54</b>   | <b>1,17</b>     | <b>1,23</b>  | <b>1,23</b>  | <b>1,23</b>  | <b>1,23</b>   | <b>1,23</b>  | <b>0,65</b>           | <b>0,65</b>            | <b>0,05</b>   | <b>0,09</b>   | <b>0,52</b>       | <b>0,5</b>       | <b>1,65</b>            |
|                           |                           | eff.(d)     | 0,05                   | 0,04                | 0,04          | 0,03            | 0,03         | 0,03         | 0,03         | 0,03          | 0,02         | 0,02                  | -0,01                  | -0,01         | -0,02         | -0                | -0,04            |                        |
| TKG                       | LOD                       | <b>2,82</b> | <b>2,82</b>            | <b>1,63</b>         | <b>0,66</b>   | <b>0,66</b>     | <b>0,4</b>   | <b>0,4</b>   | <b>0,4</b>   | <b>0,4</b>    | <b>0,21</b>  | <b>0,21</b>           | <b>0,1</b>             | <b>0,25</b>   | <b>1,34</b>   | <b>1,3</b>        | <b>1,34</b>      |                        |
|                           | eff.(d)                   | -4,08       | -4,08                  | -3,3                | -2,39         | -2,39           | -1,83        | -1,83        | -1,83        | -1,32         | -1,32        | 0,96                  | 1,6                    | 3,11          | 3,11          | 3,1               |                  |                        |
| 2019                      | Halmlänge                 | LOD         | <b>2,22</b>            | <b>-1,43</b>        | <b>-3,5</b>   | <b>-0,42</b>    | <b>-0,4</b>  | <b>-0,42</b> | <b>-0,44</b> | <b>0,01</b>   | <b>0,97</b>  | <b>1,19</b>           | <b>1,63</b>            | <b>1,63</b>   | <b>1,6</b>    | <b>2,34</b>       |                  |                        |
|                           |                           | eff.(d)     | -2,82                  | -1,7                | -2,23         | -0,9            | -0,9         | -0,84        | -0,84        | -0,84         | 0,17         | 2                     | 2,25                   | 2,69          | 2,69          | 2,45              | 2,82             |                        |
|                           | Länge der Hauptähre       | LOD         | <b>0,6</b>             | <b>0</b>            | <b>0,84</b>   | <b>0,84</b>     | <b>1,3</b>   | <b>1,3</b>   | <b>1,3</b>   | <b>1,98</b>   | <b>1,98</b>  | <b>2,41</b>           | <b>1,99</b>            | <b>1,47</b>   | <b>1,79</b>   | <b>1,8</b>        | <b>1,79</b>      |                        |
|                           |                           | eff.(d)     | 3,5                    | 0,17                | -4,24         | -4,24           | -4,99        | -4,99        | -4,99        | -5,82         | -5,82        | -6,66                 | -5,92                  | -5,67         | -5,67         | -5,7              | -5,67            |                        |
|                           | Hauptähre: Anzahl Ährchen | LOD         | <b>2,64</b>            | <b>0,91</b>         | <b>0,91</b>   | <b>0,03</b>     | <b>0,03</b>  | <b>0</b>     | <b>0</b>     | <b>0,07</b>   | <b>0,07</b>  | <b>0,61</b>           | <b>0,64</b>            | <b>1,34</b>   | <b>2,9</b>    | <b>2,9</b>        | <b>2,9</b>       |                        |
|                           |                           | eff.(d)     | 1,48                   | 0,92                | 0,92          | 0,18            | 0,18         | -0,03        | -0,03        | -0,27         | -0,27        | -0,76                 | -0,8                   | -1,16         | -1,44         | -1,4              | -1,44            |                        |
| Log (Länge der Hauptähre) | LOD                       | <b>0,64</b> | <b>0</b>               | <b>0,83</b>         | <b>0,83</b>   | <b>1,3</b>      | <b>1,3</b>   | <b>1,3</b>   | <b>1,99</b>  | <b>1,99</b>   | <b>2,44</b>  | <b>2,05</b>           | <b>1,53</b>            | <b>1,81</b>   | <b>1,8</b>    | <b>1,81</b>       |                  |                        |
|                           | eff.(d)                   | 0,06        | 0                      | -0,07               | -0,07         | -0,08           | -0,08        | -0,08        | -0,1         | -0,1          | -0,1         | -0,1                  | -0,1                   | -0,1          | -0,1          | -0,1              |                  |                        |
| 2017 to 2019              | Halmlänge                 | LOD         | <b>2,98</b>            | <b>2,37</b>         | <b>1,59</b>   | <b>1,09</b>     | <b>1,14</b>  | <b>1,14</b>  | <b>1,14</b>  | <b>1,14</b>   | <b>0,8</b>   | <b>0,8</b>            | <b>0,12</b>            | <b>0,71</b>   | <b>1,2</b>    | <b>1,2</b>        | <b>1,45</b>      |                        |
|                           |                           | eff.(d)     | -4,2                   | -3,77               | -3,2          | -2,91           | -2,86        | -2,86        | -2,86        | -2,41         | -2,41        | 1,05                  | 2,58                   | 2,91          | 2,91          | 3,09              |                  |                        |
|                           | Ernteindex                | LOD         | <b>2,28</b>            | <b>2,69</b>         | <b>2,69</b>   | <b>1,81</b>     | <b>1,81</b>  | <b>1,82</b>  | <b>1,82</b>  | <b>1,61</b>   | <b>1,61</b>  | <b>1,61</b>           | <b>0,08</b>            | <b>0,19</b>   | <b>1,3</b>    | <b>1,3</b>        | <b>1,49</b>      |                        |
|                           |                           | eff.(d)     | 5,81                   | 6                   | 6             | 5,52            | 5,52         | 5,32         | 5,32         | 5,32          | 4,99         | 4,99                  | -1,31                  | -2,15         | -4,68         | -4,7              | -4,84            |                        |
| Hauptähre: KZ pro Ährchen | LOD                       | <b>0,41</b> | <b>0,58</b>            | <b>0,77</b>         | <b>0,77</b>   | <b>2,33</b>     | <b>2,33</b>  | <b>2,33</b>  | <b>2,33</b>  | <b>1,04</b>   | <b>1,04</b>  | <b>0,19</b>           | <b>0,13</b>            | <b>0,05</b>   | <b>0,2</b>    | <b>0,41</b>       |                  |                        |
|                           | eff.(d)                   | 0,01        | 0,01                   | 0,01                | 0,01          | 0,02            | 0,02         | 0,02         | 0,02         | 0,01          | 0,01         | 0,01                  | 0,01                   | 0,01          | 0             | -0,01             |                  |                        |
| TKG                       | LOD                       | <b>2,38</b> | <b>2,38</b>            | <b>0,89</b>         | <b>0,82</b>   | <b>0,82</b>     | <b>0,34</b>  | <b>0,34</b>  | <b>0,34</b>  | <b>0,13</b>   | <b>0,13</b>  | <b>0,13</b>           | <b>0,54</b>            | <b>1,49</b>   | <b>1,5</b>    | <b>1,56</b>       |                  |                        |
|                           | eff.(d)                   | -1,96       | -1,96                  | -1,3                | -1,33         | -1,33           | -0,86        | -0,86        | -0,86        | -0,52         | -0,52        | 0,55                  | 1,18                   | 1,65          | 1,65          | 1,65              |                  |                        |
| 2017                      | BKZ                       | LOD         | <b>2,39</b>            | <b>2,39</b>         | <b>1,97</b>   | <b>0,15</b>     | <b>0,15</b>  | <b>0</b>     | <b>0</b>     | <b>0,03</b>   | <b>0,03</b>  | <b>0,11</b>           | <b>0,16</b>            | <b>0,36</b>   | <b>0,47</b>   | <b>0,5</b>        | <b>0,88</b>      |                        |
|                           |                           | eff.(d)     | 24,6                   | 24,6                | 22,2          | 7,04            | 7,04         | 0,99         | 0,99         | 2,97          | 2,97         | -5,94                 | -7,24                  | -11,4         | -11,9         | -12               | -                |                        |
| 2017                      | Log (BKZ)                 | LOD         | <b>2,37</b>            | <b>2,37</b>         | <b>1,99</b>   | <b>0,2</b>      | <b>0,2</b>   | <b>0,01</b>  | <b>0,01</b>  | <b>0,05</b>   | <b>0,05</b>  | <b>0,11</b>           | <b>0,16</b>            | <b>0,39</b>   | <b>0,47</b>   | <b>0,5</b>        | <b>0,9</b>       |                        |
|                           |                           | eff.(d)     | 0,14                   | 0,14                | 0,13          | 0,05            | 0,05         | 0,01         | 0,01         | 0,02          | 0,02         | -0,03                 | -0,04                  | -0,07         | -0,07         | -0,1              | -0,09            |                        |
| 2018                      | Hauptähre: TKG            | LOD         | <b>2,95</b>            | <b>1,37</b>         | <b>1,38</b>   | <b>0,72</b>     | <b>0,72</b>  | <b>0,4</b>   | <b>0,4</b>   | <b>0,4</b>    | <b>0,14</b>  | <b>0,14</b>           | <b>0,19</b>            | <b>0,78</b>   | <b>1,43</b>   | <b>1,43</b>       | <b>2,95</b>      |                        |
|                           |                           | eff.(d)     | -3,59                  | -2,72               | -2,84         | -2,18           | -2,18        | -1,61        | -1,61        | -1,61         | -0,95        | -0,95                 | 1,16                   | 2,42          | 2,82          | 2,82              | 3,59             |                        |
| 2019                      | Halmlänge                 | LOD         | <b>2,86</b>            | <b>0,47</b>         | <b>0,47</b>   | <b>0,02</b>     | <b>0,04</b>  | <b>0,04</b>  | <b>0,04</b>  | <b>0,04</b>   | <b>0</b>     | <b>0,3</b>            | <b>0,53</b>            | <b>1,39</b>   | <b>1,4</b>    | <b>2,86</b>       |                  |                        |
|                           |                           | eff.(d)     | -3,88                  | -1,85               | -1,85         | -0,38           | -0,56        | -0,56        | -0,56        | -0,56         | 0,12         | 1,49                  | 1,49                   | 2,12          | 3             | 3                 | 3,88             |                        |
|                           | Hauptähre: KZ pro Ährchen | LOD         | <b>1,67</b>            | <b>0,28</b>         | <b>0,24</b>   | <b>0,24</b>     | <b>0,24</b>  | <b>0,22</b>  | <b>0,22</b>  | <b>0,46</b>   | <b>0,46</b>  | <b>1,1</b>            | <b>1,1</b>             | <b>1,45</b>   | <b>2,55</b>   | <b>2,6</b>        | <b>2,55</b>      |                        |
|                           |                           | eff.(d)     | 0,87                   | 0,41                | -0,38         | -0,38           | -0,38        | -0,35        | -0,35        | -0,49         | -0,49        | -0,74                 | -0,74                  | -0,9          | -1,03         | -1                | -1,03            |                        |
| Hauptähre: TKG            | LOD                       | <b>1,44</b> | <b>0,23</b>            | <b>0,16</b>         | <b>0,11</b>   | <b>0,12</b>     | <b>0,12</b>  | <b>0,12</b>  | <b>0,15</b>  | <b>0,15</b>   | <b>0,63</b>  | <b>0,63</b>           | <b>0,86</b>            | <b>2,14</b>   | <b>2,1</b>    | <b>2,14</b>       |                  |                        |
|                           | eff.(d)                   | -5,47       | -2,46                  | -1,99               | 1,72          | 1,74            | 1,74         | 1,74         | 1,89         | 1,89          | 3,87         | 3,87                  | 4,81                   | 6,47          | 6,47          | 6,47              |                  |                        |
| TKG                       | LOD                       | <b>2,48</b> | <b>0,52</b>            | <b>0,52</b>         | <b>0</b>      | <b>0,01</b>     | <b>0,01</b>  | <b>0,01</b>  | <b>0,01</b>  | <b>0</b>      | <b>0,32</b>  | <b>0,32</b>           | <b>0,63</b>            | <b>2,37</b>   | <b>2,4</b>    | <b>2,48</b>       |                  |                        |
|                           | eff.(d)                   | -6,04       | -3,19                  | -3,19               | -0,26         | -0,36           | -0,36        | -0,36        | -0,36        | -0,01         | 2,51         | 2,51                  | 3,74                   | 6,03          | 6,03          | 6,04              |                  |                        |
| 2017 to 2019              | BKZ                       | LOD         | <b>2,59</b>            | <b>2,45</b>         | <b>2,45</b>   | <b>0,34</b>     | <b>0,34</b>  | <b>0,11</b>  | <b>0,11</b>  | <b>0,11</b>   | <b>0,02</b>  | <b>0,33</b>           | <b>0,33</b>            | <b>0,81</b>   | <b>1,58</b>   | <b>1,6</b>        | <b>2,59</b>      |                        |
|                           |                           | eff.(d)     | 13,3                   | 12,7                | 12,7          | 5,81            | 5,81         | 3,2          | 3,2          | 3,2           | 1,46         | -5,54                 | -5,54                  | -9,3          | -11,1         | -11               | -13              |                        |
|                           | Halmlänge                 | LOD         | <b>2,88</b>            | <b>1,94</b>         | <b>1,85</b>   | <b>0,68</b>     | <b>0,68</b>  | <b>0,55</b>  | <b>0,55</b>  | <b>0,55</b>   | <b>0,31</b>  | <b>0,31</b>           | <b>0,23</b>            | <b>0,73</b>   | <b>1,32</b>   | <b>1,32</b>       | <b>1,47</b>      |                        |
|                           |                           | eff.(d)     | -3,45                  | -2,91               | -2,80         | -1,96           | -1,96        | -1,70        | -1,70        | -1,70         | -1,28        | -1,28                 | 1,17                   | 2,16          | 2,51          | 2,51              | 2,57             |                        |
| Hauptähre: Anzahl Ährchen | LOD                       | <b>0,22</b> | <b>0,23</b>            | <b>0,23</b>         | <b>0,09</b>   | <b>0,24</b>     | <b>0,24</b>  | <b>0,24</b>  | <b>0,41</b>  | <b>0,41</b>   | <b>2,24</b>  | <b>1,74</b>           | <b>1,1</b>             | <b>0,76</b>   | <b>0,3</b>    | <b>0,25</b>       |                  |                        |
|                           | eff.(d)                   | 0,36        | 0,36                   | 0,36                | -0,24         | -0,24           | -0,37        | -0,37        | -0,48        | -0,48         | -1,07        | -0,91                 | -0,78                  | -0,71         | -0,4          | -0,38             |                  |                        |
| TKG                       | LOD                       | <b>2,67</b> | <b>2,45</b>            | <b>2,28</b>         | <b>0,77</b>   | <b>0,77</b>     | <b>0,41</b>  | <b>0,41</b>  | <b>0,41</b>  | <b>0,18</b>   | <b>0,31</b>  | <b>0,31</b>           | <b>0,48</b>            | <b>1,55</b>   | <b>1,6</b>    | <b>1,55</b>       |                  |                        |
|                           | eff.(d)                   | -4,16       | -3,93                  | -3,77               | -2,57         | -2,57           | -1,87        | -1,87        | -1,87        | -1,25         | 1,64         | 1,64                  | 2,21                   | 3,32          | 3,32          | 3,32              |                  |                        |

\* LOD = Logarithmus of odds, d = Substitutionseffekt d repräsentiert den Effekt von G18-16 auf das jeweilige Merkmal. P = Wahrscheinlichkeit, d.h. Signifikanz des QTL (basierend auf einem Permutationstest mit 1000 Wiederholungen), PEV = Prozentsatz der erklärten Varianz, Mbp = Millionen Basenpaare. Für den Marker Tdurum\_contig27976\_414 wurde keine physikalische Position ermittelt. \*\* Genetische Positionen der ursprünglichen Kartierungspopulation (Fatiukha et al., 2021). Signifikante QTL mit negativen oder positiven Additiveffekten und einem LOD > 2,0 wurden gelb und blau angefarbt. QTL unter Trockenstress und Kontrollbedingungen sind orange bzw. grün eingefärbt, TKG = Tausendkorngewicht, (B)KZ = (Berechnete) Kornzahl (modifiziert nach Deblieck et al., 2022).

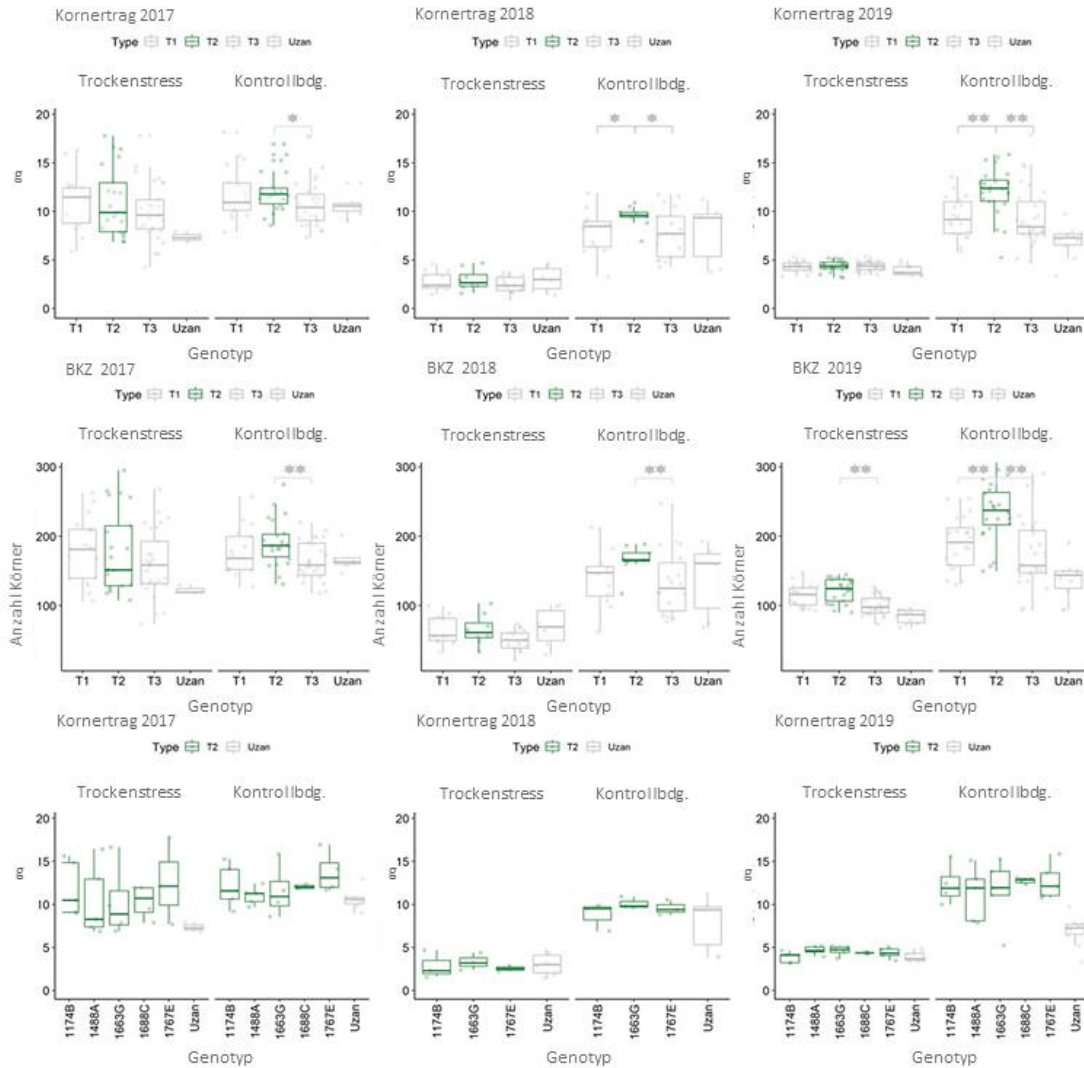
## Ergebnisse

**Tabelle 16: Mittelwerte von Sub-NILs der Population UzxNIL-U-2B-1 mit den Wild- bzw. Eliteelterallelen der Marker mit den Wild- bzw. Eliteelterallelen der Marker Tdurum\_contig27976\_414 und Gene\_1741\_103 (modifiziert nach De-blicke et al., 2022).**

|                                       | Bedingung   | Versuchsjahr | Genotyp *    | Merkmal**                 |              |                     |                           |                |                     |              |              |                     |                   |              |               |
|---------------------------------------|-------------|--------------|--------------|---------------------------|--------------|---------------------|---------------------------|----------------|---------------------|--------------|--------------|---------------------|-------------------|--------------|---------------|
|                                       |             |              |              | Hauptähre: Anzahl Ährchen | Halmlänge    | Länge der Hauptähre | Hauptähre: KZ pro Ährchen | Hauptähre: TKG | Totale Trockenmasse | Korntrag     | Ernteindex   | Ährchen pro Pflanze | Korntrag pro Ähre | TKG          | BKZ           |
| Mittelwerte                           | Stress      | 2017         | T1           | 14,40                     | 63,71        | 66,68               | 0,32                      | 67,96          | 22,83               | 10,96        | 48,72        | 5,28                | 2,03              | 62,38        | 178,67        |
|                                       |             |              | T2           | 14,81                     | 63,49        | 69,38               | 0,29                      | 66,36          | 23,51               | 11,00        | 46,53        | 5,06                | 2,06              | 61,85        | 178,45        |
|                                       |             |              | T3           | 15,22                     | 70,43        | 68,18               | 0,27                      | 66,01          | 23,67               | 9,89         | 42,27        | 5,23                | 1,87              | 61,92        | 160,88        |
|                                       |             |              | <b>Uzan</b>  | <b>16,00</b>              | <b>63,60</b> | <b>69,73</b>        | <b>0,30</b>               | <b>65,51</b>   | <b>16,75</b>        | <b>7,35</b>  | <b>44,41</b> | <b>4,63</b>         | <b>1,59</b>       | <b>59,96</b> | <b>122,46</b> |
|                                       |             | 2018         | T1           | 9,47                      | 50,54        | 55,08               | 0,32                      | 48,28          | 6,72                | 2,83         | 41,99        | 2,18                | 1,30              | 43,82        | 64,72         |
|                                       |             |              | T2           | 10,44                     | 51,68        | 58,67               | 0,31                      | 48,33          | 6,56                | 2,96         | 45,66        | 2,23                | 1,34              | 44,72        | 65,41         |
|                                       |             |              | T3           | 8,88                      | 53,88        | 52,67               | 0,28                      | 52,31          | 5,61                | 2,46         | 44,16        | 1,97                | 1,23              | 49,31        | 49,52         |
|                                       |             | <b>Uzan</b>  | <b>10,05</b> | <b>51,37</b>              | <b>57,33</b> | <b>0,34</b>         | <b>47,97</b>              | <b>6,63</b>    | <b>3,03</b>         | <b>47,02</b> | <b>2,17</b>  | <b>1,35</b>         | <b>44,37</b>      | <b>68,48</b> |               |
|                                       |             | 2019         | T1           | 15,30                     | 47,99        | 55,60               | 0,10                      | 43,90          | 4,17                | 4,32         | 41,55        | 3,55                | 1,24              | 38,17        | 113,90        |
|                                       | T2          |              | 15,92        | 45,55                     | 62,28        | 0,11                | 40,48                     | 4,32           | 4,38                | 42,18        | 3,92         | 1,14                | 36,73             | 121,92       |               |
|                                       | T3          |              | 14,90        | 51,27                     | 56,45        | 0,11                | 46,94                     | 4,24           | 4,33                | 42,09        | 3,66         | 1,21                | 43,42             | 100,27       |               |
|                                       | <b>Uzan</b> |              | <b>14,80</b> | <b>52,10</b>              | <b>55,40</b> | <b>0,10</b>         | <b>51,40</b>              | <b>3,63</b>    | <b>3,94</b>         | <b>41,82</b> | <b>2,90</b>  | <b>1,37</b>         | <b>46,85</b>      | <b>84,15</b> |               |
|                                       | Kontrolle   | 2017         | T1           | 15,12                     | 64,36        | 67,53               | 0,29                      | 68,55          | 24,71               | 11,83        | 49,09        | 4,55                | 2,53              | 63,57        | 177,60        |
|                                       |             |              | T2           | 15,53                     | 64,06        | 71,46               | 0,28                      | 66,05          | 25,78               | 12,05        | 46,79        | 4,77                | 2,49              | 63,22        | 190,80        |
|                                       |             |              | T3           | 15,95                     | 70,39        | 70,33               | 0,26                      | 67,05          | 25,15               | 10,69        | 41,52        | 4,71                | 2,24              | 63,41        | 164,74        |
|                                       |             |              | <b>Uzan</b>  | <b>15,60</b>              | <b>63,67</b> | <b>69,24</b>        | <b>0,29</b>               | <b>69,45</b>   | <b>21,31</b>        | <b>10,60</b> | <b>49,84</b> | <b>4,75</b>         | <b>2,26</b>       | <b>63,44</b> | <b>167,01</b> |
|                                       |             | 2018         | T1           | 10,83                     | 58,30        | 59,08               | 0,34                      | 62,36          | 16,52               | 7,87         | 47,93        | 3,54                | 2,20              | 56,54        | 138,91        |
|                                       |             |              | T2           | 11,33                     | 60,67        | 61,78               | 0,33                      | 62,38          | 20,13               | 9,48         | 47,00        | 4,07                | 2,32              | 57,36        | 165,42        |
| T3                                    |             |              | 11,71        | 63,36                     | 61,17        | 0,29                | 63,85                     | 17,14          | 7,71                | 43,44        | 3,89         | 2,12                | 60,59             | 133,52       |               |
| <b>Uzan</b>                           |             | <b>11,60</b> | <b>57,25</b> | <b>62,00</b>              | <b>0,34</b>  | <b>60,92</b>        | <b>16,48</b>              | <b>7,92</b>    | <b>47,22</b>        | <b>3,35</b>  | <b>2,32</b>  | <b>56,33</b>        | <b>139,43</b>     |              |               |
| 2019                                  |             | T1           | 16,20        | 54,83                     | 56,65        | 0,16                | 52,37                     | 7,45           | 9,38                | 58,98        | 6,25         | 1,51                | 49,36             | 189,82       |               |
|                                       | T2          | 16,58        | 54,03        | 63,58                     | 0,17         | 53,24               | 8,77                      | 12,07          | 55,45               | 6,79         | 1,76         | 51,72               | 235,38            |              |               |
|                                       | T3          | 15,03        | 57,69        | 57,67                     | 0,18         | 54,48               | 8,31                      | 9,37           | 49,60               | 6,40         | 1,50         | 52,79               | 177,00            |              |               |
|                                       | <b>Uzan</b> | <b>14,80</b> | <b>57,28</b> | <b>54,60</b>              | <b>0,16</b>  | <b>54,70</b>        | <b>6,86</b>               | <b>6,92</b>    | <b>45,51</b>        | <b>5,30</b>  | <b>1,41</b>  | <b>51,70</b>        | <b>137,42</b>     |              |               |
| P-Werte eines zweiseitigen t-Tests*** | Kontrolle   | 2017         | T1 vs T2     | 0,50                      | 0,84         | 0,02                | 0,13                      | 0,05           | 0,51                | 0,78         | 0,00         | 0,36                | 0,70              | 0,66         | 0,23          |
|                                       |             |              | T2 vs T3     | 0,46                      | 0,00         | 0,45                | 0,01                      | 0,35           | 0,62                | 0,04         | 0,00         | 0,78                | 0,00              | 0,78         | 0,01          |
|                                       |             | 2018         | T1 vs T2     | 0,55                      | 0,05         | 0,30                | 0,41                      | 0,99           | 0,03                | 0,05         | 0,6          | 0,07                | 0,22              | 0,38         | 0,07          |
|                                       |             |              | T2 vs T3     | 0,65                      | 0,08         | 0,80                | 0,00                      | 0,16           | 0,05                | 0,02         | 0,05         | 0,51                | 0,08              | 0,00         | 0,02          |
|                                       |             | 2019         | T1 vs T2     | 0,38                      | 0,25         | 0,00                | 0,70                      | 0,51           | 0,00                | 0,00         | 0,06         | 0,18                | 0,00              | 0,04         | 0,00          |
|                                       |             |              | T2 vs T3     | 0,00                      | 0,00         | 0,00                | 0,26                      | 0,17           | 0,24                | 0,00         | 0,00         | 0,36                | 0,01              | 0,19         | 0,00          |
|                                       | Stress      | 2017         | T1 vs T2     | 0,54                      | 0,90         | 0,12                | 0,02                      | 0,16           | 0,77                | 0,97         | 0,06         | 0,57                | 0,74              | 0,71         | 0,99          |
|                                       |             |              | T2 vs T3     | 0,50                      | 0,00         | 0,43                | 0,02                      | 0,72           | 0,94                | 0,25         | 0,00         | 0,55                | 0,05              | 0,92         | 0,26          |
|                                       |             | 2018         | T1 vs T2     | 0,33                      | 0,66         | 0,30                | 0,43                      | 0,97           | 0,88                | 0,79         | 0,33         | 0,81                | 0,74              | 0,5          | 0,95          |
|                                       |             |              | T1 vs T3     | 0,13                      | 0,39         | 0,09                | 0,03                      | 0,01           | 0,36                | 0,27         | 0,63         | 0,12                | 0,37              | 0,00         | 0,09          |
|                                       |             | 2019         | T1 vs T2     | 0,02                      | 0,00         | 0,00                | 0,44                      | 0,06           | 0,44                | 0,7          | 0,74         | 0,05                | 0,09              | 0,25         | 0,11          |
|                                       |             |              | T2 vs T3     | 0,00                      | 0,00         | 0,00                | 0,43                      | 0,00           | 0,65                | 0,74         | 0,93         | 0,14                | 0,16              | 0,00         | 0,00          |

\* T1: Nördlich rekombinante Sub-NILs mit dem G18-16-Allel von Tdurum\_contig27976\_414 und Gene\_1741\_16. T2: Nördlich rekombinante Sub-NILs mit dem G18-16-Allel von Tdurum\_contig27976\_414 und dem Eliteelterallel von Gene\_1741\_16. T3: Südlich rekombinante Sub-NILs mit dem Eliteelterallel von Tdurum\_contig27976\_414 und dem G18-16-Allel von Gene\_1741\_16. Uzan: Der Name des jeweiligen Eliteelterteils. \*\* TKG = Tausendkorngewicht, (B)KZ = (Berechnete) Kornzahl. Wahrscheinlichkeitswerte (*propability scores* [P]) unter 0,05 wurden grau hinterlegt.

# Ergebnisse



**Abbildung 21: Kornertag und berechnete Kornzahl von Sub-NILs der Population UzxNIL-U-2B-1 mit den Wild- bzw. Eliteelerallelen der Marker Tdurum\_contig27976\_414 und Gene\_1741\_103 (modifiziert nach Deblieck et al., 2022).** T1: Nördliche rekombinante Sub-NILs mit dem G18-16-Allel von Tdurum\_contig27976\_414 und Gene\_1741\_103. T2: Nördliche rekombinante Sub-NILs mit dem G18-16-Allel von Tdurum\_contig27976\_414 und dem Eliteelerallel von Gene\_1741\_103. T3: Südlich rekombinante Sub-NILs mit dem Eliteelerallel von Tdurum\_contig27976\_414 und dem G18-16-Allel von Gene\_1741\_103. BKZ = berechnete Kornzahl. Signifikante Unterschiede zwischen den Genotypgruppen T1, T2 und T3 wurden mit einem zweiseitigen t-Test berechnet. P-Werte  $\leq 0,05$  bzw.  $0,01$  sind mit einem bzw. zwei Sternen markiert.

### **3.4.4 QTL-Region 7A**

Merkmale, die unter Trockenstress- und Kontrollbedingungen keine signifikanten Unterschiede aufwiesen (vgl. Tabelle 11 und 13), wurden für die Berechnung umweltspezifischer QTL nicht berücksichtigt. Mittels einer einfaktoriellen QTL-Berechnung unter Trockenstress- und Kontrollbedingungen konnten keine signifikanten QTL identifiziert werden.

### 4 Diskussion

#### 4.1 Die Software GenoTypeMapper

##### 4.1.1 *Motivation für die Entwicklung von GTM*

Während der Durchführung dieser Arbeit war keine Software bekannt, die die für diese Arbeit notwendigen Genotypisierungsanalysen ermöglicht hätte (vgl. Kapitel 3.1). Obwohl Programme wie der Graphical Genotyper (GGT) (van Berloo, 2008), Flapjack (Milne et al., 2010) bzw. der Integrative Genom Viewer (IGV) (Thorvaldsdóttir et al., 2013) die grafische Darstellung von Genotypinformationen ermöglichen, erlauben diese nicht den Vergleich genetischer und physikalischer Positionen. Ähnlich verhält es sich mit Softwarepaketen wie Iview (Bottoms et al., 2010), dem Physical Introgression Browser (Aflitos et al., 2015) oder der R-basierten MareyMap (Rezvoy et al., 2007). Letztere ermöglicht den Vergleich von genetischen und physikalischen Karten, jedoch nicht die Analyse genotypischer Daten. Zudem erlaubt keines der o. g. Softwarepakete die Analyse von Allelinformationen von bis zu vier Kreuzungseltern.

Die effiziente Gegenüberstellung sequenzbasierter zu genetischen Karten stellt eine Möglichkeit dar, um den Informationsgehalt genetischer Karten zu ergänzen oder zu erhöhen, da die Informationen von Markerplattformen, die teils hunderttausende Marker beinhalten (Thomson, 2014; Jaccoud, 2001; Comadran et al., 2012; Elshire et al., 2011), in einer genetischen Karte aus den verschiedenen Gründen nur begrenzt abgebildet werden können:

- i. Zum einen ist die Auflösung einer genetischen Karte abhängig von der Größe der Kartierungspopulation und der Markerzahl, sodass eine Vielzahl der Marker genetisch an derselben Stelle kartiert wird (Morgan, 1911; Sturtevant, 1913; Ronin 2017).
- ii. Zum anderen ist, insbesondere bei einer biparentalen Kartierung, die Kartierung eines genetischen Markers nur möglich, wenn dieser Marker zwischen



den Eltern der Kartierungspopulation polymorph ist und mit einem zu erwartenden Verhältnis segregiert (Mester et al., 2003).

- iii. Zusätzlich erschweren fehlende Markerinformationen, Abweichungen von der zu erwartenden Spaltung sowie Repulsionseffekte (Bailey, 1961), z.B. zwischen dominanten und kodominanten Markern (Mester et al., 2003), den Kartierungsprozess.

Die Entwicklungen der Sequenzierverfahren der dritten Generation sowie verbesserte Assemblierungsalgorithmen ermöglichten im Laufe des letzten Jahrzehnts eine erhöhte Verfügbarkeit sequenzierter und assemblierter komplexer Genome, wie dem Genom des Weizens (Appels et al., 2018), der Gerste (Mascher et al., 2017), des Einkorns (Ling et al., 2018) oder sogar von Pangenomenen, wie das des Weizens und der Gerste (Jayakodi et al., 2020; Walkowiak et al., 2020, Kamal et al., 2022) (vgl. Kapitel 1.3).

Diese Genomsequenzinformationen stellen eine wachsende Ressource dar, die ergänzend zu einer genetischen Kartierung verwendet werden kann. Um diese Informationen in der Züchtung bzw. Züchtungsforschung besser verwendbar zu machen, könnten Programme hilfreich sein, die Ihre Nutzung vereinfachen und intuitiver gestalten, d.h. ohne ausgewiesene Bioinformatik und Programmierkenntnisse. Bei der Entwicklung von GTM sollten insbesondere drei Ziele erreicht werden:

- i. Die Gegenüberstellung von Basenpaar- und genetischen Positionen molekularer Marker.

Diese Informationen können z.B. hilfreich sein, um die tatsächliche Größe von QTL-Regionen realistisch einschätzen zu können und flankierende Marker, die mit anderen Markern an einer genetischen Position kartiert wurden, effizienter auszuwählen. Insbesondere im Bereich der Zentromere kann dies von besonderer Bedeutung sein, um die Einkreuzung unnötig großer Genomfragmente zu vermeiden.

- ii. Die Integration zusätzlicher Marker, die im Rahmen einer klassischen genetischen Kartierung nicht berücksichtigt werden würden.

Dies kann aus unterschiedlichsten Gründen relevant sein: Bei einer klassischen biparentalen Kartierung werden u.a. monomorphe und heterozygote

Marker der Eltern der Kartierungspopulation zu Beginn des Kartierungsprozesses entfernt. Befinden sich die heterozygoten Bereiche innerhalb relevanter QTL-Regionen, könnten diese zu einer Segregation des Merkmales in der Kartierungspopulation führen. Außerdem könnten mittels der sequenzbasierten Informationen auch solche Marker relativ zur genetischen Karte dargestellt werden, die aufgrund von Repulsionseffekten in einer genetischen Kartierung gemeinschaftlich nicht selbstverständlich kartiert werden können, z.B. dominante und kodominante Marker (Mester et al., 2003).

iii. Letztendlich sollte das Programm in der Lage sein, die Allelinformationen mehrerer Eltern miteinander zu vergleichen, um den Ursprung eines Allels in Genotypen unterschiedlichster Populationstypen identifizieren zu können.

Im Rahmen dieser Arbeit wurde die Verwendung von GTM am Beispiel der NIL-U-2B-1 und NIL-B-7A-2 illustriert (vgl. Kapitel 3.1 und 3.2). GTM bietet jedoch weitere Analyseoptionen, die im Rahmen dieser Arbeit nicht detailliert vorgestellt wurden, wie z.B. die Genotypisierung von F<sub>2</sub> oder DH-Populationen bzw. die Darstellung einzelner physikalischer bzw. genetischer Karten (vgl. Kapitel 3.1, Deblieck et al., 2020).

### **4.1.2 Mögliche zukünftige Verwendung und Entwicklungsschritte**

Im Hinblick auf den Verlust genetischer Diversität und die enormen Herausforderungen, wie dem Klimawandel und dem Weltbevölkerungswachstum, könnte die züchterische Arbeit mit Wildmaterial an Bedeutung gewinnen (vgl. Abbildung 3; Dempewolf et al., 2017). GTM könnte in diesem Kontext ein nützliches Werkzeug sein, um Introgressionen, die mit negativen Eigenschaften in Zusammenhang stehen, zu identifizieren. Durch die grafische Darstellung der Informationen wird eine schnelle und intuitive Handhabung ermöglicht, die bei großen Excel-Tabellen nicht gegeben ist. Die Filter- und Exportfunktionen in GTM ermöglichen es Marker mit gewünschten Genotypinformationen unkompliziert zu identifizieren und zu extrahieren (vgl. Kapitel 3.1 und Abbildung 11).

Da genotypische Informationen gleicher Art auch in der Humangenetik sowie Tierzucht anfallen, ist die Nutzung von GTM zur Darstellung der entsprechenden

Karyogramme für andere Anwendungsbereiche ebenfalls potenziell möglich. So wurde GTM bereits exemplarisch auf SNP-Daten des Illumina Porcine 60k SNP Beadchips von F<sub>2</sub>-Schweinegenotypen (Pant et al., 2015) verwendet (vgl. Abbildung S1; Deblieck et al., 2020). Zukünftig könnten verschiedenste Fallbeispiele (*use cases*) erstellt werden, um zu überprüfen für welche Organismen GTM sinnvoll verwendet werden könnte. Basierend auf diesen Beispielen, könnte die Software entsprechend optimiert werden. Obwohl Emmer und Weizen tetra- bzw. hexaploid sind, liegen die Genomsätze diploid vor, da es sich bei Weizen und Emmer um allopoloide Organismen handelt. Autopolyploide Genome, mit mehr als zwei Allelinformationen pro Loci, wie z.B. das der autotetraploiden ( $2n=4x$ ) Kartoffel (Xu et al., 2011), wurden mittels GTM noch nicht untersucht und wären ein interessantes Anwendungsbeispiel.

Um die Problematiken, die bei der Installation und Distribution der Software auf unterschiedlichen Betriebssystemen entstehen, zu umgehen, wäre es möglich eine Onlineversion von GTM zur Verfügung zu stellen. Zu diesem Zweck wurde bereits der Versuch unternommen, die Java-Klassen auf einen Linux-Server des Cloudanbieters Amazon Web Service (AWS) zu übertragen und mittels der *web deployment platform* AjaxSwing (<http://creamtec.com>) von einer Java-Swing-Anwendung in eine Webanwendung zu konvertieren. Die Verwendung von AjaxSwing hätte den Vorteil, dass GTM dem Nutzer online mittels eines Browsers zur Verfügung gestellt werden könnte, ohne den Quellcode in eine andere Programmiersprache übersetzen zu müssen. AjaxSwing wird für diese Zwecke z.B. von bekannten Unternehmen wie NOKIA oder der Bertelsmann AG eingesetzt ([http://creamtec.com/products/ajaxswing/success\\_stories.html](http://creamtec.com/products/ajaxswing/success_stories.html)). Da die Software auf einem Server bereitgestellt werden würde und der Nutzer keinen Zugang zum Quellcode des Programmes hätte, wären Lizenzvereinbarungen bezüglich der Verwendung des Codes nicht mehr notwendig. Durch den Zugriff auf den Server durch das JKI könnte zudem eine stets aktualisierte Version der Software zur Verfügung gestellt werden. Die Standardversion von AjaxSwing ist kostenfrei verfügbar (<http://creamtec.com/products/ajaxswing/prices.html>) und ermöglicht online die parallele Nutzung von bis zu maximal fünf Nutzern.

Eine weitere Optimierungsmöglichkeit betrifft die Laufzeit der Software: GTM besitzt eine lineare Laufzeit ( $y$ ), die von der Anzahl der untersuchten Individuen ( $x$ ) und

Marker ( $z$ ) beeinflusst wird (vgl. Abbildung 14). Gemäß der Bachmann-Landau Notation, ist GTM daher eine lineare Laufzeit der Ordnung ( $O$ )  $O(n)$  zuzuordnen (Bachman 1894; Landau 1909 und Knuth 1976).

Zuvor wurde in Abbildung 14 (vgl. Kapitel 3.1) illustriert, dass insbesondere die verwendete Markerzahl die Laufzeit von GTM beeinflusst. Der Grund dafür ist, dass die Positionen der Marker gespeichert und sortiert werden müssen, um die Allelinformationen flankierender Marker eines Genombereiches miteinander vergleichen zu können und die Genomintervalle anzufärben, deren Marker dieselbe Allelherkunft aufweisen. Das Anfärben der Markerintervalle ist jedoch nur eine spezifische Funktion von GTM, die eine anschauliche Darstellung der Introgressionen ermöglicht (vgl. Abbildung 12). Für die Analyse der Allelherkunft der einzelnen Markerpositionen (vgl. Abbildung 12) wäre eine Sortierung jedoch nicht notwendig, da jede Zeile der Eingabedatei (vgl. Tabelle 3), die dafür relevanten Informationen enthält.

Die Sortierung wird für die Darstellung des Karyogramms in GTM bisher standardisiert durchgeführt und für jeden einzelnen Genotyp wiederholt, unabhängig davon, ob die Allelherkunft als Intervall dargestellt werden soll. Es wäre für die Funktionalität der Software sinnvoll, die Sortierung spezifisch innerhalb der Funktion, die das Anfärben der Intervalle ermöglicht, zu implementieren.

Die Positionen und Genotypinformationen könnten auf diese Weise direkt, mittels der in Tabelle 1 illustrierten Informationen, für jeden einzelnen Marker auf das Karyogramm übertragen, analysiert und dargestellt werden – ohne zuvor sortiert werden zu müssen.

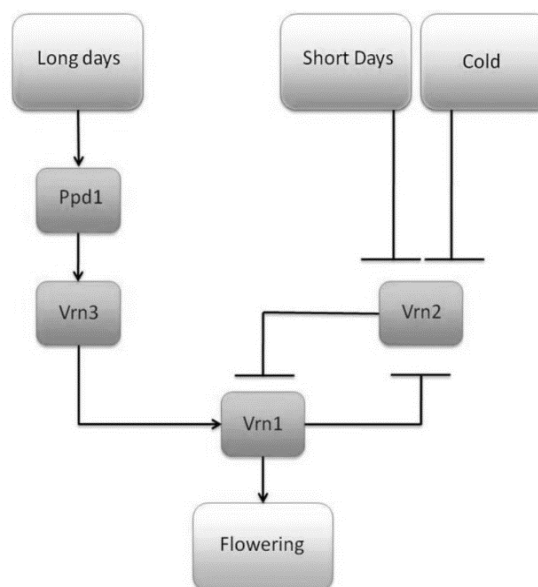
Die Vermeidung des Sortierschrittes würde den Einfluss der untersuchten Markerzahl ( $z$ ) auf die zu untersuchende Anzahl Individuen reduzieren. Gemäß der Bachmann-Landau Notation besäße GTM weiterhin eine lineare Laufzeit  $O(n)$  (Bachman 1894; Landau 1909 und Knuth 1976). Diese würde jedoch nur von der Anzahl der zu untersuchten Individuen ( $x$ ) abhängen. Die Laufzeit ergäbe sich daher aus der Funktion ( $y \sim x$ ). GTM wäre somit deutlich schneller und könnte potentiell für eine größere Menge an Genotypdaten verwendet zu werden, um z.B. nach dem Vorhandensein bestimmter Allelinformationen zu suchen, diese auszuwerten und darzustellen.

## 4.2 Introgressionen in der NIL-U-2B-1

### 4.2.1 Mögliche Effekte des *PPd-A1*-Gens auf den Blühzeitpunkt

Innerhalb der Sub-NIL-Population UzxNIL-U-2B-1 wurde eine Spaltung bezüglich des Blühzeitpunktes festgestellt (vgl. Abbildung 18). Das einzelne 669 kbp große Fragment auf Chromosom 2A, das sich zwischen spät und früh blühenden Genotypen eindeutig unterscheidet, enthält die G18-16-Variante des *Ppd-A1*-Gens (vgl. auch Abbildung 16, Tabelle 4 und 5) und verursacht sehr wahrscheinlich die verspätete Blüte der NIL-U-2B-1 relativ zu der Akzession Uzan.

Es ist bekannt, dass *Ppd1*-Gene die Expression des Vernalisationsfaktors (*Vrn*) *Vrn1*, dessen Expression für die Induktion der Blüte von zentraler Bedeutung ist, verstärken (vgl. Abbildung 22; Kitchen & Allaby 2013).



**Abbildung 22: Vernalisation und Fotoperiodizität bei der Gerste (modifiziert nach Kitchen & Allaby, 2013).** Das Vernalisationsgen (*vernalisation gene* [*Vrn*]) *Vrn2* reguliert die Expression des *Vrn1*-Gens negativ und verhindert die Blütenbildung. Längere Tage führen zu einer verstärkten Funktion des Fotoperiodensensitivitätsgens (*photoperiod sensitivity gene* [*Ppd1*]) und somit zur Aktivierung des *Vrn1*-Gens, das für die Induktion der Blüte direkt verantwortlich ist.

Mutationen des *Ppd-A1*-Gens führen zu einer verringerten bzw. ausbleibenden Fotosensitivität und reduzierten Anzahl der Tage bis zur Blüte im Hartweizen (Royo et al., 2016; Arjona et al., 2018; Achilli et al., 2022).

Die Stärke des Effektes ist abhängig von der Mutation des *Ppd-A1*-Gens. So wurde z. B. nachgewiesen, dass das GS100-Allel des *Ppd-A-1* Gens einen deutlich stärkeren Einfluss auf den Zeitpunkt der Blüte besitzt als das GS105-Allel, d.h. Genotypen mit dem GS100-Allel des *PpdA-1* Genes deutlich früher blühten als Träger des GS105-Allels (Royo et al., 2016).

Die allelische Variante des *Ppd1-A*-Gens, das die Tage bis zur Blüte in der SubNIL-Population UzxNIL-U-2B-1 erhöht, stammt aus dem Wildelter G18-16. Zukünftig könnte das *Ppd-A1*-Gen der Akzession G18-16 und Uzan sequenziert werden, um zu überprüfen, ob die Variante des *Ppd-A1* Gens aus Uzan Mutationen enthält, die bisher noch nicht beschrieben wurden.

### **4.2.2 QTL für das Merkmal Kornzahl**

Die Identifizierung von Kandidatengenen, die für die erhöhte Kornzahl verantwortlich sein könnten (vgl. Tabelle 15), ist schwierig, da nördlich des iSelect-Markers Tdurum\_contig27976\_414 ein etwa 50 Mbp großes G18-16 Fragment in NIL-U-2B-1 vorliegt (Tabelle 4, Tabelle 15, Abbildung 16; Deblieck et al., 2020). Darüber hinaus ist nicht eindeutig festzustellen, auf welche ursächliche(n) Eigenschaft(en) die erhöhte Kornzahl dieser Pflanzen zurückzuführen ist: Pflanzen mit der nördlichen Introgression der QTL-Region besitzen sowohl eine erhöhte Länge der Hauptähre sowie eine erhöhte Anzahl Ähren pro Pflanze (vgl. T2 in Tabelle 16). Diese Unterschiede sind jedoch nicht signifikant (vgl. T2 in Tabelle 16), so dass weitere Schlussfolgerungen zu diesem Zeitpunkt spekulativ wären (Deblieck et al., 2022).

In der Literatur sind bisher keine Arbeiten bekannt, die eindeutig QTL für eine erhöhte Kornzahl pro Ähre nördlich des Markers Tdurum\_contig27976\_414 auf dem kurzen Arm des Chromosom 2B beschreiben. So beschreiben Gao et al. (2015) für den Brotweizen auf Chromosom 2B zwar einen QTL für das Merkmal Kornzahl pro Ähre zwischen den iSelect-Markern IAAV1381 sowie Tdurum\_contig10048\_447. Eine BLASTN-Analyse ergab jedoch, dass IAAV1381 sowie Tdurum\_contig10048\_447 auf dem Wildemmerchromosom 2B der Akzession Zavitan an den

Positionen 4.606.963 bzw. 779.009.651 lokalisiert sind, d. h. ein Intervall von mehr als 700 Mbp flankieren. Aufgrund der enormen Größe dieses Intervalles kann ein Effekt der Region nördlich des Markers von Tdurum\_contig27976\_414 auf die Kornzahl mittels der Ergebnisse von Gao et al. (2015) daher nicht eindeutig bestätigt werden.

Shi et al. (2017) identifizierten einen QTL für das Merkmal Kornzahl pro Ähre um die iSelect Marker BS00014345\_51, BS00037278\_51 sowie wsnp\_JD\_c12346\_12606967. Eine Standard BLASTN Suche ergab, dass diese Marker sich auf dem Wildemmerchromosom 2B (Avni et al., 2017) zwischen 128 bis 190 Mbp befinden und somit südlich des iSelect Markers Tdurum\_contig27976\_414 (vgl. Tabelle 8) lokalisiert sind.

Möglicherweise handelt es sich daher bei der hier für die Population UzxNIL-U-2B-1 identifizierten QTL-Region (vgl. Tabelle 15) für eine erhöhte Kornzahl nördlich des Markers Tdurum\_contig27976\_414, um einen neuen QTL.

Bemerkenswerterweise befindet sich innerhalb des 50 Mbp großen Fragmentes, das nördlich des Markers Tdurum\_contig27976\_414 lokalisiert ist, das G18-16-Allel des *Ppd-B1*-Gens der NIL-U-2B-1 (vgl. Tabelle 4 und 5 sowie Abbildung 16). Wie das *Ppd-1A*-Gen besitzt die homologe *Ppd-B1*-Variante dieses Gens das Potenzial, den Blühzeitpunkt zu beeinflussen (Royo et al., 2016). Jedoch ist der Einfluss des *Ppd-1B*-Gens auf den Blühzeitpunkt deutlich schwächer als der des *Ppd-1A*-Gens (Royo et al., 2015) und wurde von Arjona et al. (2018) als statistisch nicht signifikant beschrieben. Da sowohl südliche als auch nördlich rekombinante Genotypen der UzxNIL-U-2B-1 Population (Tabelle 8) einen späteren Blühzeitpunkt aufwiesen (vgl. Genotypen der Gruppe II in Abbildung 18 und Tabelle 8), kann ein Effekt des *Ppd-B1*-Gens auf die Blühzeitdauer der Sub-NIL-Population UzxNIL-U-2B-1 ausgeschlossen werden. Interessanterweise beschreiben Arjona et al. (2018), dass das Wildallel des *Ppd-B1*-Gens die Anzahl Ährchen pro Ähre und damit die Kornzahl pro Ähre positiv beeinflusst.

Sowohl das TKG als auch die Kornzahl/Ähre bilden Hauptfaktoren, die den Kornertrag bestimmen. Arjona et al. (2018) weisen darauf hin, dass die züchterische Verwendung eines QTL für erhöhte Kornzahl nur dann zu einem erhöhten Ertrag führen kann, wenn die negative Korrelation von TKG und Kornzahl den Effekt auf den Ertrag nicht kompensiert. Arjona et al. (2018) schlussfolgern, dass die Selektion des

Wildallels des *Ppd-B1* Genes unter bestimmten Wachstumsbedingungen, in denen die Bildung vieler Körner schwierig ist, von Vorteil sein könnte (Arjona et al., 2018).

Aus Tabelle 12 ist ersichtlich, dass unter Trockenstressbedingungen die berechnete Kornzahl der Pflanze in den Jahren 2017 bis 2019 stärker negativ mit dem TKG korreliert als unter Kontrollbedingungen. Dies wäre eine mögliche Erklärung dafür, weshalb der Zugewinn an Ertrag in den Sub-NILs mit der nördlichen Introgression des Wildemmerfragments unter Kontrollbedingungen stärker ist als unter Trockenstress (vgl. T2 Genotypen in Abbildung 21 und Tabelle 16).

Des Weiteren ist zu erkennen, dass unter Trockenstress das TKG deutlich weniger mit dem Ertrag korreliert als die berechnete Kornzahl (vgl. Tabelle 12). Interessanterweise wiesen die NILs mit der nördlichen Introgression des Wildemmerfragments auch unter Trockenstressbedingungen in allen drei Versuchsjahren einen leicht, aber nicht signifikant, erhöhten Ertrag auf (vgl. T2 Genotypen in Abbildung 21 und Tabelle 16). Im Jahre 2017 war dieser Unterschied stärker ausgeprägt als in den Jahren 2018 und 2019 (vgl. T2 Genotypen in Abbildung 21 und Tabelle 16). Der applizierte Trockenstress im Jahr 2017 war geringer als in den Jahren 2018 und 2019 (vgl. Kapitel 2.4.1).

Die nördliche G18-16 Introgression könnte somit unter milden Trockenstressbedingungen in der Population Uz\*NIL-U-2B-1 einen positiven Effekt auf den Kornertrag haben, der mit zunehmenden Trockenstress geringer wird.

Für die zukünftige züchterische Verwendung und Feinkartierung dieses Lokus könnten die Sub-NILs 1663G, 1688C, 1488A, 1767E und 1174B verwendet werden (vgl. Abbildung 21, Tabelle 16). Diese Linien tragen das eingegrenzte 50 Mbp große QTL-Fragment nördlich des Markers Kukri\_rep\_c69803\_82 (vgl. Tabelle 8) und könnten mit dem Eliteelter Uzan für die Erstellung von Feinkartierungspopulationen erneut rückgekreuzt werden. Da die identifizierte Region sich am äußersten Ende des kurzen Arms des Chromosoms 2B befindet, ist davon auszugehen, dass in dieser Region eine hinreichende Rekombinationsrate vorliegt und dieser Bereich sich gut für eine Feinkartierung eignet (Epstein et al., 2023).

Die Experimente könnten – je nach der Größe des Versuchsansatzes – zunächst mehrjährig an verschiedenen Standorten angelegt und der Trockenstress unterschiedlich stark stimuliert werden, um zu überprüfen bis zu welchem Grad der Effekt



des QTL festzustellen ist. In diesem Kontext sollten die konkreten Eigenschaften, auf welche die erhöhte Kornzahl zurückzuführen ist (z. B. die Anzahl Ähren/Pflanze; Anzahl Ährchen/Ähre etc.), berücksichtigt und zudem beobachtet werden, wie die Kornzahl und das TKG zueinander bzw. mit dem Kornertrag bei zunehmendem Trockenstress (Dhanagond et al., 2019) korrelieren. Sollten die beobachteten Effekte tatsächlich auf das Wildallel des *Ppd-B1*-Locus zurückzuführen sein, könnte beurteilt werden, ob und unter welchen Bedingungen die Selektion des *Ppd-B1*-Wilderalles sinnvoll ist. Dies wäre eine genauere Analyse von Arjonas et al. (2018) aufgestellter Hypothese, dass die Selektion des *Ppd-B1*-Wilderalles unter bestimmten Wachstumsbedingungen, in denen die Bildung vieler Körner schwierig ist, von Vorteil ist. Weiterführende Fragestellungen sind die Wechselwirkungen des QTL mit anderen Umwelt-/Stressfaktoren wie z. B. Hitze oder Kälte bzw. der Einfluss des Trockenstresses in den jeweils unterschiedlichen Wachstumsphasen auf den QTL.

### **4.2.3 QTL für das Merkmal Ährenlänge**

In Bezug auf das QTL-Intervall, das mit einer reduzierten Ährenlänge im Zusammenhang stehen könnte (vgl. Tabelle 15), wurden 111 Gene zwischen den iSelect Markern Gene-1741\_103 und Tdurum\_contig\_68806\_677 annotiert (Avni et al., 2017; Deblieck et al., 2022).

Eines dieser Gene, der *Ethylen-responsive-Faktor (ERF)* (TRIDC2BG016990), ist ein homologes Gen des bekannten *Frizzle-Panicle (FZP)*-Gens (LOC4344233) oder des *Branched-Silkless-Gens (BD1)* in Reis bzw. Mais (Komatsu et. al., 2001; Komatsu et. al., 2003; Colombo et al., 1998; Wang et al., 2020; Deblieck et al., 2022). Kürzlich wurde nachgewiesen, dass Weizen-*fzp*-Linien eine erhöhte Anzahl von Ährchen, eine größere Ährenlänge und ein reduziertes TKG aufweisen (Li et al., 2021a).

Diese Merkmale können dem Eliteelerallel zugeschrieben werden (vgl. Tabelle 14), sodass die Hypothese aufgestellt werden kann, dass im Laufe der Domestikation und Züchtungshistorie ein günstiges *FZP*-Allel selektiert und in Sorten wie Uzan eingekreuzt wurde (Deblieck et al., 2022).

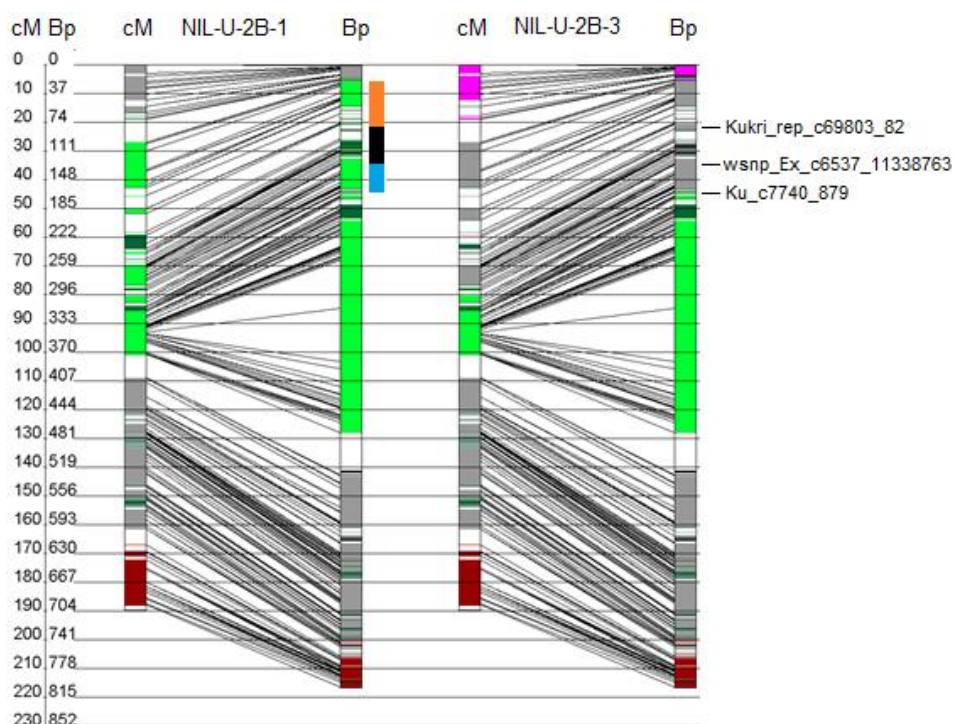
Zusätzliche Experimente wären erforderlich, um diese Hypothese näher zu untersuchen (Deblieck et al., 2022). So könnte durch die Identifikation weiterer rekombinanter Genotypen zwischen den iSelect-Markern Gene-1741\_103 und Tdurum\_contig\_68806\_677 das QTL-Intervall weiter reduziert werden. Für die Erstellung der F<sub>2</sub>-Population könnten die NIL-U-2B-1 sowie der Eliteelter selbst als Kreuzungselter verwendet werden. Mittels CRISPR/Cas (Sternberg et al., 2014) wäre es zusätzlich möglich in der Wildemmerakzession G18-16 Mutationen des *FZP*-Gens zu induzieren (Budhagatapalli et al., 2020; Li et al., 2021b). Die Mutanten müssten anschließend phänotypisiert werden, um zu überprüfen, ob und inwiefern diese z.B. die Anzahl der Ährchen oder die Ährenlänge beeinflussen.

#### **4.2.4 QTL für das Merkmal Halmlänge**

Ein QTL für eine erhöhte Halmlänge wurde am südlichen Ende des für die Feinkartierung selektierten Zielintervalls auf Chromosom 2B (vgl. Tabelle 8) um den iSelect Marker *w SNP\_Ex\_c6537\_11338763* nachgewiesen (vgl. Tabelle 14 und 15; Deblieck et al., 2022). In Übereinstimmung mit diesen Ergebnissen, wiesen Zanke et al. (2014) nach, dass der iSelect-Marker *w SNP\_Ex\_c6537\_11338763* und der Marker südlich von *w SNP\_Ex\_c6537\_11338763* einen Einfluss auf die Wuchshöhe der Pflanzen haben. Die Autoren erwähnen die Existenz eines Gens in Weizen, das ortholog zum GIBBERELLIN-INSENSITIVE-DWARF1(GID1) - ähnlichen Rezeptor in Reis ist (Zanke et al., 2014). Diese Region wurde von G18-16 in die NIL-U-2B-1 übertragen (vgl. Tabelle 4 und 5; Deblieck et al., 2020).

Interessanterweise wiesen Merchuk-Ovnat et al. (2016) nach, dass eine weitere NIL (NIL-U-2B-3), eine kleinere G18-16-Introgression auf Chromosom 2B besitzt als die NIL-U-2B-1 und eine zu Uzan nur geringfügig erhöhte Halmlänge aufweist (Tabelle S5 in Merchuk-Ovnat et al., 2016). Die Introgression in der NIL-U-2B-3 beginnt südlich des iSelect-Markers *Ku\_c7740\_879* (Tabelle S1 in Merchuk-Ovnat et al., 2016). Der Abgleich von *Ku\_c7740\_879* mit dem Referenzgenom von Zavitan (Avni et al., 2017) ergab, dass sich der Marker bei 164,96 Mbp auf Chromosom 2BS befindet

(Deblieck et al., 2022), sodass der QTL für die erhöhte Halmlänge südlich und einschließlich des iSelect-Markers `w SNP_Ex_c6537_11338763` eine Größe von ungefähr 26,88 Mbp besitzen könnte und vermutlich von 138,09–164,96 Mbp auf Chromosom 2BS reicht (vgl. Abbildung 23). Dieses Intervall enthält etwa 201 annotierte Hochkonfidenzgene und wurde in die NIL-U-2B-1, nicht aber in die NIL-U-2B-3 übertragen (vgl. Abbildung 23; Merchuk-Ovnat et al., 2016; Avni et al., 2017; Deblieck et al., 2022).



**Abbildung 23: G18-16-Introgression auf Chromosom 2B in der NIL-U-2B-1 sowie NIL-U-2B-3.** Hellgrün, hellrot und grau markierte Regionen wurden jeweils aus dem Wildelter (G18-16), Langdon oder Uzan in die NIL-U-2B-1 übertragen. Dunkelgrüne bzw. dunkelrote Regionen könnten sowohl von Uzan als auch aus G18-16 (dunkelgrün) oder Langdon (dunkelrot) in die NIL übertragen worden sein. Pink markierte Regionen weisen auf heterozyote Allele der NIL hin. Der schwarze Balken illustriert die genetische Region, die im Rahmen der Feinkartierung untersucht wurde. Der orange und hellblaue Balken illustriert die Regionen, die in den nördlichen bzw. südlichen Rekombinanten (vgl. Tabelle 8) mit einer erhöhten Kornzahl bzw. erhöhtem Kornertrag (orange) oder einer erhöhten Halmlänge (blau) in Verbindung gebracht wurden. Diese Regionen wurden nicht in die NIL-U-2B-3 übertragen. Da die NIL-U-2B-3 ein deutlich geringeres Halmwachstum als die NIL-U-2B-1 aufweist, besteht die Möglichkeit, dass sich das Gen, das mit einem verlängerten Halmwachstum in Zusammenhang steht, zwischen den Markern `w SNP_Ex_c6537_11338763` und `Ku_c7740_879` in der NIL-U-2B-3 befindet.

Der Abgleich des Reis-*GID1*-Gens (LOC4338764) mit dem Chromosom 2B des Referenzgenoms von Zavitan (Avni et al., 2017) ergab die Identifikation eines orthologen Kandidatengens (TRIDC2BG021600) an Position 146,52 Mbp innerhalb des eingekreuzten 26,88 Mbp großen Intervalls auf Chromosom 2B der NIL-U-2B-1 (vgl. Abbildung 23).

Ein Zusammenhang dieses Gens mit einem veränderten Halmlängenwachstum wäre daher möglich. So wurde nachgewiesen, dass GID1-Proteine über die Bildung eines Komplexes von Gibbellerin und DELLA-Proteinen posttranslational über Proteasom-Komplexe den Abbau von DELLA-Proteinen induzieren (Murase et al., 2008). Das Akronym DELLA bezieht sich auf ein Motiv der Proteine, das aus den Aminosäuren Asparaginsäure (D), Glutaminsäure (E), Leucin (L) und Alanin (A) besteht und für die Funktion dieser Proteine von zentraler Bedeutung ist (Murase et al., 2008). DELLA-Proteine besitzen eine wachstumshemmende Wirkung auf die Pflanze, sodass ihr Abbau zu einem verstärkten Pflanzenwachstum führt (Xue et al., 2022). Der Effekt von Mutationen des *GID1*-Gen auf das Halmwachstum wurde im Reis mittels Mutationsstudien belegt (Ueguchi-Tanaka et al., 2005).

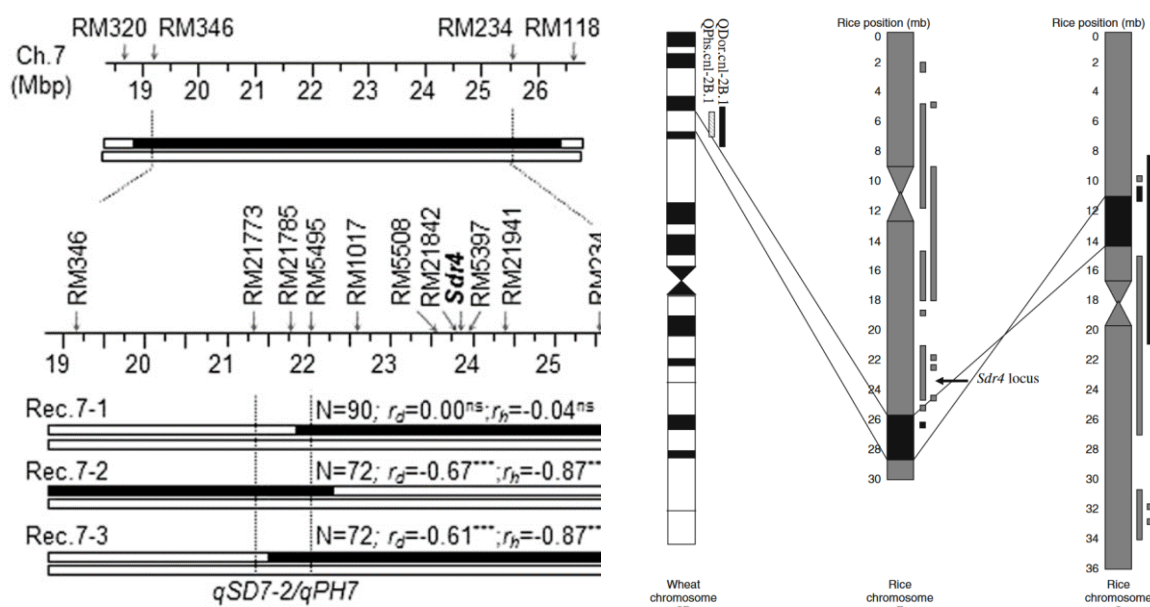
Ein Abgleich des flankierenden Markers *wsnp\_Ex\_c6537\_11338763*, der von Zanke et al. (2014) mit einem erhöhten Halmwachstum in Verbindung gebracht wurde, ergab Übereinstimmungen mit syntenischen Genomregionen auf Chromosom 3 (~13087817 Mbp) und 7 (~25591239) im Reis (IRGSP 2005).

Auf dem Chromosom 7 im Reis wurde zwischen ~19 bis ~27 Mbp ein QTL für das Merkmal Pflanzenhöhe beschrieben, das mit einem veränderten Gibbelerinhaushalt in Verbindung steht (vgl. Abbildung 24; Ye et al., 2013). Kandidatengene innerhalb des QTLs werden von Ye et al., (2013) für diesen QTL nicht genannt.

Zanke et al. (2014), verweisen in ihren Arbeiten im Weizen jedoch darauf, dass die Identifikation des *GID1*-Gens auf Chromosom 2BS im Weizen (TRIDC2BG021600) auf dem orthologen Reis *GID1*-Gen (Loc\_Os07g44850) beruht. Dieses Gen ist innerhalb des QTLs von Ye et al., (2013) lokalisiert. Somit könnte das Gen für die beobachteten Effekte der syntenischen QTL im Wildemmer und Reis verantwortlich sein.

Zusätzlich anzumerken ist, dass Ye et al. (2013) die Existenz eines Gens für das Merkmal Samenruhe (*seed dormancy* [*sdr*]), namens *Sdr4* innerhalb des QTL für

das veränderte Halmwachstum nachweisen. Eine Syntenie dieses Locus auf Chromosom 7 im Reis zu einem QTL für das Merkmal Samenruhe auf Chromosom 2B im Weizen, wurde zuvor auch von Somyong et al., (2011) beschrieben (vgl. Abbildung 24).



**Abbildung 24: Syntenische Genomregionen der QTL-Region 2B im Reis** (modifiziert nach Somyong et al. (2011) und Ye et al., (2013)). Links dargestellt ist der von Ye et al., (2013) identifizierte QTL für das Merkmal Pflanzenhöhe (*plant height* [PH]) mit der Bezeichnung qPH7 sowie die Position des Samenruhe (*seed dormancy* [*Sdr4*])-Gens für den QTL qSD7-2. Rechts dargestellt ist eine modifizierte Abbildung des von Somyong et al. (2011) beschriebenen QTLs für Samenruhe aus dem Weizen und dessen Syntenie zum Weizenchromosom 2B. Das *Sdr4*-Gen wurde ebenfalls aus dem Wildemmer in den Hartweizen übertragen (vgl. Text). Die Abbildung kann somit auf den Hartweizen und die NIL-U-2B-1 übertragen werden.

Im Rahmen dieser Arbeit wurden keine weiteren publizierten QTL für das Merkmal Wuchshöhe zwischen den Markern Ku\_c7740\_879 und wsnp\_Ex\_c6537\_11338763 (vgl. Abbildung 23) im Weizen oder Emmer identifiziert. So beschreiben Agarwal et al. (2020) zwar die Existenz eines QTL auf Chromosom 2B zwischen den Mikrosatellitenmarkern Xbarc55 (133.521.586 BP) sowie Xwmc36 (779.339.482 BP), sie ordneten den Effekt jedoch – vermutlich aufgrund der enormen Größe des QTL – dem *Rht4*-Gen zu (Agarwal et al., 2020).

In diesem Kontext ist zu berücksichtigen, dass auch das *Rht4*-Gen auf dem langen Arm des Chromosoms 2B lokalisiert ist (Zanke et al., 2014; Wu et al., 2021). Der

Abgleich der Primersequenzen des am nächsten mit dem *Rht4*-gekoppelten SSR-Markers WMC317 (Ellis et al., 2005, vgl. Tabelle 5) mit dem Referenzgenom von Zavitan (Avni et al., 2017) ergab jedoch, dass dieses sich etwa bei 762 Mbp. auf Chromosom 2B befindet und somit nicht aus G18-16 in die NIL-U-2B-1 übertragen wurde (Tabelle 4-5; Abbildung 16; Deblieck et al., 2020). Die beobachteten Unterschiede in der Pflanzenhöhe können somit nicht auf das *Rht4*-Gen zurückgeführt werden (Deblieck et al., 2022).

Zanke et al. (2014) erwähnen in ihrer Publikation, dass die Ergebnisse ihrer Studie ein Hinweis darauf sind, dass es abseits von den weitläufig bekannten GA-insensitiven *Rht*-Genen weitere Loci geben könnte, die das Halmwachstum beeinflussen. Eine weitere Feinkartierung des eingekreuzten G18-16-Fragments wäre eine interessante Ergänzung zu den Arbeiten von Zanke et al. (2014) bzw. Ye et al., (2013) und sinnvoll, um den QTL einzugrenzen bzw. die tatsächliche Bedeutung des homologen *GID1*-Kandidatengens zu untersuchen. Zu diesem Zweck könnte die NIL-U-2B-1-Akzession mit der Elitesorte Uzan gekreuzt und rekombinante F<sub>2</sub>-Linien mithilfe der iSelect-Marker *wspn\_Ex\_c6537\_11338763* und *Ku\_c7740\_879* identifiziert werden. Die jeweils allelischen Versionen des *GID1*-Gens der Wildemmerakzession G18-16 und des Eliteelters Uzan könnten sequenziert werden. Da kristalline Strukturen des Proteines bereits existieren (PDB ID: 3EBL, Shimada et al., 2008), wäre es möglich, mittels Proteinstrukturvorhersageprogrammen wie z. B. iTasser (Zhou et al., 2022) die für Uzan und G18-16 vorhergesagten *GID1* Proteinstrukturen mit der bereits bekannten publizierten Tertiärstruktur (PDB ID: 3EBL, Shimada et al., 2008) zu vergleichen und die Folgen der entsprechenden Mutationen z.B. auf die Tertiärstruktur oder funktional relevanten Domänen des Proteines vorherzusagen. Wie zuvor für das *FZP*-Gen beschrieben (vgl. Kapitel 4.2.3), könnten auch innerhalb des *GID1*-Gens oder anderer Kandidatengenen im Zielintervall mittels CRISPR/Cas (Sternberg et al., 2014; Budhagatapalli et al., 2020; Li et al., 2021) Mutationen induziert und die entsprechenden Mutanten anschließend phänotypisiert werden, um die Konsequenzen der Mutation auf das Halmwachstum bzw. anderer Merkmale zu erfassen.

### 4.3 Introgressionen in der NIL-B-7A-2

#### 4.3.1 QTL für das Merkmal Trockenmasse der Ähre

Auf dem Chromosom 7A konnte im Rahmen der Feinkartierung kein G18-16-QTL in der Sub-NIL-Population BNxNIL-B-7A-2 bestätigt werden (Peleg et al., 2009; Faitukha et al., 2021). Weitere Experimente sind notwendig, um zu überprüfen, ob und inwiefern die Trockenmasse der Ähre (Merchuck-Ovnat et al., 2016) und das Wurzelwachstum (Merchuck-Ovnat et al., 2017) unter Kontroll- und Trockenstressbedingungen durch die G18-16-Introgression tatsächlich beeinflusst werden.

Möglicherweise handelte es sich bei der zuvor von Peleg et al., (2009) identifizierten QTL-Region um ein Artefakt, das durch die lediglich einortigen und einjährigen Versuche verursacht wurde. Andererseits wurde im Rahmen dieser Arbeit nach der Neukartierung des Chromosom 7A und der Rekonstruktion der QTL-Regionen, oberhalb des nicht signifikanten G18-16-QTL ein weiterer nicht signifikanter QTL für eine erhöhte Trockenmasse der Ähre aus dem Eliteelter Langdon identifiziert (vgl. Tabelle 7, Fatiukha et al., 2021). Dieser befindet sich am äußersten Ende des kurzen Arms des Chromosom 7A, das von Peleg et al. (2009) zuvor nicht mit Markern abgedeckt und kartiert werden konnte.

In den Tabellen 4 und 5 und in Abbildung 17 wird illustriert, dass die entsprechende Region ebenfalls in die NIL-B-7A-2 eingekreuzt wurde und somit möglicherweise den von Peleg et al. (2009) G18-16 zugewiesenen Effekt in der NIL-B-7A-2 verstärkt bzw. verursacht haben könnte. Da Langdon im Rahmen der phänotypischen Experimente nicht als Standard mitgeprüft wurde, war es in dieser Arbeit nicht möglich die Trockenmasse der Ähre in Langdon relativ zum Eliteelter BarNir und der NIL zu untersuchen.

Merchuk-Ovnat et al. (2017) beschrieben, dass das G18-16-Fragment in der NIL-B-7A-2 ein erhöhtes Wachstum der seitlichen Wurzelhaare begünstigt. Als Standard wurden jedoch nur die NIL-B-7A-2 sowie BarNir, aber nicht Langdon und der Wildelter G18-16 untersucht, sodass auch hier der Effekt des QTL aus den Eliteelter Langdon nicht auszuschließen ist. Ein wiederholtes Experiment unter Berücksichtigung

aller Kreuzungseltern wäre daher notwendig, um zu validieren, welche Introgression von welchem Elter das Wurzelwachstum in der NIL-U-7A-2 tatsächlich begünstigt. Ein im Hartweizen am äußersten Ende von Chromosom 7A existierender QTL für ein verändertes Wurzelwachstum wurde auch von Maccaferri et al. (2016) beschrieben.

Der Marker RAC875\_c63822\_185 mit dem höchsten Effekt des nicht signifikanten QTL (vgl. Tabelle 7) kolokalisiert in der Publikation von Fatiukha et al. (2021) mit einem signifikanten QTL für eine erhöhte vegetative Biomasse des Eliteelter Langdon. Ein erhöhtes Wurzelwachstum könnte mit einem erhöhten vegetativen Biomassewachstum und somit mit dem von Fatiukha et al., (2021) identifizierten QTL in Zusammenhang stehen. Im Rahmen zukünftiger Experimente sollte berücksichtigt werden, inwiefern die vegetative Biomasse, die Trockenmasse der Ähre sowie das Wurzelwachstum korrelieren.

### **4.3.2 Mögliche Effekte des *Rht14*-Gens auf das die Halmlänge**

Interessanterweise weist die Population BNxNIL-B-7A-2 eine bimodale Verteilung bezüglich der Halmlänge auf (vgl. Abbildung 20B, Tabelle 17). So hatten die Genotypen 086-C, 091-F, 094-H, 106-D, 122-G, 176-B, 186-C, 227-A, 256-B, 448-A, 494-E in den Jahren 2017, 2018 und 2019 ein stärkeres Halmwachstum als die Genotypen 065-C, 296-C, 304-B, 517-D, 554-A (vgl. Tabelle 17 und Abbildung S2). Die beobachtete Spaltung von kurzen zu langen Pflanzen beträgt 1:2 (vgl. Tabelle 17, Abbildung S2).

Tabelle 17 illustriert, dass die Effekte sehr wahrscheinlich nicht auf eine Introgression auf Chromosom 7A zurückzuführen sind, da Genotypen mit langen und kurzen Halmen Rekombinationen an beiden Enden des untersuchten Zielintervalls aufweisen (vgl. Tabelle 9 und 17), sodass das die Halmlänge beeinflussende Fragment sich weder auf dem nördlichen noch auf dem südlichen Chromosomenarm und somit nicht auf dem Chromosom 7A befindet (vgl. Tabelle 4, 5 und 17).



**Tabelle 17: Mittelwerte der Halmlänge der Sub-NIL-Population BNxNIL-B-7A-2 in den Jahren 2017, 2018 und 2019.**

|           | Kontrollbdg. |       |       | Trockenstress |       |       | Marker | Kukri_rep_c70864_329 |               |
|-----------|--------------|-------|-------|---------------|-------|-------|--------|----------------------|---------------|
|           | 2017         | 2018  | 2019  | 2017          | 2018  | 2019  |        | BP                   | BS00040929_51 |
| Jahr      | 2017         | 2018  | 2019  | 2017          | 2018  | 2019  | BP     | 50.891.248           | 78.811.091    |
| Genotyp   |              |       |       |               |       |       | cM     | 39                   | 53.7          |
| 086-C     | 62,92        | 65,40 | 57,30 | 64,82         | 55,20 | 50,94 | 086-C  | ■                    | ■             |
| 091-F     | 63,04        | 55,60 | 62,66 | 64,47         | 49,37 | 54,54 | 091-F  | ■                    | ■             |
| 094-H     | 64,90        | 59,33 | 61,12 | 61,78         | 54,93 | 49,84 | 094-H  | ■                    | ■             |
| 106-D     | 74,66        | 71,23 | 62,06 | 72,74         | 60,83 | 54,02 | 106-D  | ■                    | ■             |
| 115-C     | 58,24        | 57,93 | 56,32 | 68,55         | 44,83 | 45,48 | 115-C  | ■                    | ■             |
| 122-G     | 70,74        | 61,10 | 61,92 | 69,20         | 54,40 | 56,46 | 122-G  | ■                    | ■             |
| 176-B     | 68,80        | 58,37 | 64,36 | 66,72         | 55,30 | 60,74 | 176-B  | ■                    | ■             |
| 186-C     | 64,68        | 61,90 | 52,26 | 60,70         | 53,90 | 48,08 | 186-C  | ■                    | ■             |
| 227-A     | 60,12        | 56,10 | 50,22 | 60,28         | 47,80 | 54,22 | 227-A  | ■                    | ■             |
| 256-B     | 68,66        | 58,23 | 60,06 | 64,78         | 57,20 | 52,46 | 256-B  | ■                    | ■             |
| 448-A     | 60,72        | 57,57 | 54,12 | 60,60         | 54,53 | 58,42 | 448-A  | ■                    | ■             |
| 494-E     | 64,82        | 56,23 | 60,14 | 68,72         | 48,77 | 54,34 | 494-E  | ■                    | ■             |
| 065-C     | 52,12        | 47,07 | 41,44 | 50,08         | 41,17 | 35,96 | 065-C  | ■                    | ■             |
| 133-D     | 49,54        | 48,17 | 39,8  | 48,50         | 43,17 | 32,42 | 133-D  | ■                    | ■             |
| 296-C     | 49,32        | 50,40 | 45,34 | 51,46         | 43,07 | 38,84 | 249-B  | ■                    | ■             |
| 304-B     | 43,36        | 46,77 | 39,44 | 45,32         | 39,67 | 30,8  | 304-B  | ■                    | ■             |
| 517-D     | 45,20        | 49,03 | 41,9  | 46,26         | 44,93 | 38,66 | 517-D  | ■                    | ■             |
| 554-A     | 53,72        | 48,63 | 44,48 | 50,80         | 43,87 | 39,20 | 554-A  | ■                    | ■             |
| Gruppe I  | 65,19        | 59,92 | 58,55 | 65,28         | 53,09 | 53,30 |        |                      |               |
| Gruppe II | 48,88        | 48,34 | 42,07 | 48,74         | 42,64 | 35,98 |        |                      |               |
| Differenz | 16,32        | 11,57 | 16,48 | 16,54         | 10,44 | 17,32 |        |                      |               |

\* cM = centiMorgan, BP = Basenpaarposition rel. zum sequenzierten Genom der Akzession Zavitan. Mittelwerte wurden je nach Ausprägung angefarbt. Gruppe I und II beinhalten die Genotypen 086-C, 091-F, 094-H, 106-D, 122-G, 176-B, 186-C, 227-A, 256-B, 448-A, 494-E bzw. C,296-C,304-B,517-D, 554-A. Zusätzlich dargestellt wurden die Allelinformationen der Marker, die die untersuchte Region auf Chromosom 7A flankieren. Schwarz bzw. weiß hinterlegte Regionen stammen aus dem Wild- oder Eliteelter. Deutlich erkennbar ist, dass weder Genotypen mit dem äußersten nördlichen oder südlichen Ende der G18-16 Introgression (dh. dem Marker Kukri\_rep\_c70864\_329 oder BS00040929\_51) mit der Halmlänge assoziiert sind. Dies gilt ebenfalls für alle Marker innerhalb des Intervalls (nicht dargestellt). Nähere Informationen zu den Genotypdaten dieser Linien wurden jedoch in Tabelle 9 dargestellt.

Obwohl im Rahmen dieser Arbeit Langdon nicht phänotypisiert wurde, zeigten Merchuk-Ovnat et al. (2016), dass die NIL-B-7A-2 sowie die Wildemmerakzession G18-16 selbst im Vergleich zu Langdon deutlich kürzere Halme besitzen (Tabelle 18; Merchuk-Ovnat et al., 2016).

**Tabelle 18: Halmlänge von BarNir, der NIL-B-7A-2, G18-16 und Langdon in den Versuchsjahren 2014 und 2015** (modifiziert nach Merchuk-Ovnat et al., 2016).

|                   | Jahr 2014    |           | Jahr 2015    |           |
|-------------------|--------------|-----------|--------------|-----------|
|                   | Kontrollbdg. | Stressbdg | Kontrollbdg. | Stressbdg |
| <b>G18-16</b>     | 103          | 65        | 93           | 66        |
| <b>Langdon</b>    | 161          | 118       | 175          | 129       |
| <b>Bar Nir</b>    | 60           | 56        | 59           | 50        |
| <b>NIL-B-7A-2</b> | 75***        | 70***     | 70***        | 62***     |

Mittelwertvergleiche der Halmlänge in cm wurden mittels eines t-Test zwischen der NIL-B-7A-2 und BarNir unter Trockenstress- und Kontrollbedingungen durchgeführt. Die Anzahl der Sternchen markieren wie signifikant die Unterschiede in der Halmlänge sind ( $P < 0,05$ ,  $0,01$  bzw.  $0,001$ ).

Eine G18-16-Introgression könnte somit das verringerte Halmwachstum in der NIL-7A-2 verursachen (vgl. Tabelle 18). Da BarNir jedoch relativ zur NIL ebenfalls ein reduziertes Halmwachstum aufweist (vgl. Tabelle 18), ist nicht auszuschließen, dass die die Halmlänge reduzierende Introgression aus dem Eliteelter stammt. Eine Spaltung innerhalb der BNxNIL-B-7A-2-Population setzt jedoch voraus, dass in einem solchen Fall die Introgression in der NIL heterozygot vorliegt. Dies gilt nicht für Introgressionen von G18-16, da sowohl homozygote als auch heterozygote Introgressionen von G18-16 der NIL-B-7A-2 nach Kreuzung mit BarNir segregieren können.

G18-16-Introgressionen befinden sich in der NIL-B-7A-2 auf den Chromosomen 4B sowie 7A, heterozygote Bereiche auf den Chromosomen 1A, 4A und 6A. (vgl. Abbildung 17, Tabelle 4 und 5). Während im Rahmen dieser Arbeit keine zuvor bekannten QTL in den von G18-16 eingekreuzten Bereichen auf den Chromosomen 4B, 7A sowie 1A und 4A festgestellt werden konnten, wurde auf Chromosom 6A ein QTL identifiziert, der das Pflanzenwachstum beeinflusst und mit dem dort lokalisierten *Rht14*-Gen in Verbindung gebracht wurde (Vikhe et al., 2019; Duan et al., 2022). Für die Kartierung nutzten Duan et al. (2022) die Hartweizensorten Langdon und Castelporziano, wobei Castelporziano das halmverkürzende Allel des *Rht14*-Genes enthält und Langdon nicht (Duan et al., 2022).

Ein Alignment des *Rht14*-Gens (Akzessionsnr.: AZZ84123) ergab, dass das Gen auf Chromosom 6A in der Wildemmerakzession Zavitan v1 (Avni et al., 2017) an Position 436 Mbp lokalisiert ist. Dieser Bereich ist in der NIL-7A-2 heterozygot

(vgl. Abbildung 17), sodass eine Segregation dieses Fragments für die beobachteten Halmlängenunterschiede verantwortlich sein könnte. Ähnlich wie zuvor für die QTL-Region 2B beschrieben, könnte mittels einer weiteren Genotypisierung von Sub-NILs beider Gruppen (vgl. Tabelle 17) eine *bulk segregant analysis* durchgeführt werden, um die Effekte dieser Region zu untersuchen. Da Duan et al., (2022) jedoch bereits nachweisen konnten, dass das *Rht14*-Allel von Langdon zu einem verlängerten Halmwachstum führt, ist zu berücksichtigen, dass diese Analysen zu keinen neuen Erkenntnissen führen könnten, sondern lediglich zu einer Bestätigung der Arbeiten von Duan et al. (2022).

#### 4.3.3 Markerallele ungeklärter Herkunft in der NIL-B-7A-2

Abschließend ist anzumerken, dass von den 7.245 untersuchten Markerinformationen die Allelherkunft von 18 Marken der NIL-B-7A-2 nicht geklärt werden konnte (vgl. Tabelle 19).

**Tabelle 19: Marker in der NIL-7A-B-2, deren Allelherkunft nicht bestimmt werden konnte.**

| Chromosom | Marker                       | BP          | G18-16 | Ldn | BarNir | RIL12 | NIL-B-7A-2 |
|-----------|------------------------------|-------------|--------|-----|--------|-------|------------|
| 1A        | RAC875_c57939_78             | 10.189.404  | T      | T   | T      | T     | C          |
| 6B        | Kukri_rep_c107077_360        | 20.632.030  | C      | C   | C      | C     | T          |
| 7A        | RAC875_c29314_291            | 57.232.978  | T      | T   | T      | T     | C          |
| 7A        | Kukri_c6386_2065             | 58.822.209  | T      | T   | T      | C     | C          |
| 7A        | w SNP_Ex_rep_c69838_68799256 | 269.733.726 | T      | T   | T      | T     | C          |
| 7A        | Kukri_c55196_445             | 282.453.218 | C      | C   | C      | C     | T          |
| 7A        | BS00002897_51                | 486.897.817 | A      | A   | A      | A     | C          |
| 7A        | w SNP_JD_c18814_17164689     | 488.735.995 | G      | G   | G      | G     | A          |
| 7A        | BS00023673_51                | 495.511.521 | T      | T   | T      | T     | C          |
| 7A        | BS00022049_51                | 495.638.491 | C      | C   | C      | C     | A          |
| 7A        | RAC875_c32212_84             | 497.460.179 | C      | C   | C      | C     | T          |
| 7A        | CAP7_c3756_190               | 497.957.959 | C      | C   | C      | C     | T          |
| 7A        | RAC875_c11662_401            | 500.295.808 | T      | T   | T      | T     | C          |
| 7A        | BS00040590_51                | 508.553.128 | A      | A   | A      | A     | G          |
| 7A        | Kukri_c860_353               | 510.652.141 | T      | T   | T      | T     | C          |
| 7A        | w SNP_Ex_c19214_28132186     | 590.427.198 | T      | T   | T      | T     | G          |
| 7A        | BobWhite_c4399_447           | 604.889.345 | G      | G   | G      | G     | A          |
| 7A        | w SNP_Ex_c22547_31738007     | 690.594.232 | T      | T   | T      | T     | C          |

\* BP = Basenpaarposition relativ zum Referenzgenom der Akz. Zavitan (Avni et al., 2017)

Da 16 dieser Marker sich innerhalb der Introgression auf Chromosom 7A befinden und nicht zufällig über das gesamte Genom verteilt sind, sind diese Unstimmigkeiten vermutlich nicht auf Genotypisierungsfehler zurückzuführen.

Die im Rahmen dieser Arbeit verwendeten iSelect-Daten stammen von der F7RIL12 (vgl. Kapitel 3.1). Möglicherweise war die F<sub>6</sub>RIL12, die mit dem Eliteelter BarNir von Merchuk-Ovnat et al., (2016) gekreuzt wurde, für die entsprechenden Marker heterozygot. Weitere Untersuchungen wären notwendig, um diese Hypothese zu bestätigen. Entfernt man die Marker von der Genotypisierung der NIL-B-7A-2, unterscheidet sich das Ergebnis jedoch nicht wesentlich von der in Abbildung 15 illustrierten Introgression auf Chromosom 7A (vgl. Abbildung S3).

## 5 Fazit und Ausblick

### 5.1 Die NIL-U-2B-1

Der positive Effekt der G18-16 Introgression auf den Kornertrag in der UzxNIL-U-2B-1 Population wurde bestätigt und einer ca. 50 Mbp großen Introgression nördlich des Markers Kukri\_rep\_c69803\_82 zugeordnet. Diese schließt einen QTL für das Merkmal Kornzahl (Tabelle 15, Kapitel 4.2.2) ein und flankiert das Zielintervall der G18-16 Introgression zwischen den Markern Tdurum\_contig27976\_414 und wsnp\_Ex\_c6537\_11338763, das einer Feinkartierung unterzogen wurde (vgl. Tabelle 8, Tabelle S1). Eine weitere Eingrenzung der ~ 50 Mbp großen Region war daher in dieser Arbeit nicht möglich, da sie sich nördlich und somit außerhalb des im Rahmen dieser Arbeit genotypisierten Genombereiches befindet (vgl. Tabelle 8). Die SubNILs 1663G, 1688C, 1488A, 1767E und 1174B mit der 50 Mbp großen G18-16 Introgression (vgl. Tabelle 8) wiesen eine erhöhte Kornzahl und erhöhten Ertrag unter Kontrollbedingungen in allen drei Versuchsjahren und unter mildem Trockenstress im Jahr 2017 relativ zum Eliteelter Uzan auf (vgl. Tabelle 16, Abbildung 21). Da diese Introgression deutlich kleiner als das ursprünglich übertragene G18-16 Fragment der NIL-U-2B-1 (>400 Mbp) (Tabelle 4, Abbildung 16) ist und die Linien im Gegensatz zu der NIL-U-2B-1 keinen verzögerten Blühzeitpunkt oder eine erhöhte Halmlänge aufweisen (Merchuk-Ovat et al., 2016, Tabelle 16), könnten diese Pflanzen für die Züchtung leistungsstärkerer und ertragsstabilerer Sorten von Bedeutung sein (Deblieck et al., 2020).

Aus diesem Grund könnte der QTL weiter eingegrenzt und untersucht werden, bis zu welchem Grad an Trockenstress dieser zu erhöhten Erträgen führt bzw. auf welche Merkmale, z.B. Anzahl Ähren pro Pflanze, erhöhte Ährenlänge, die erhöhte Kornzahl zurückzuführen ist (vgl. Kapitel 4.2.2). Dabei sollte der Einfluss des *PpdB1* Genes berücksichtigt werden und die von Arjona et al. (2018) aufgestellte Hypothese, dass das Wildallel des *PPdB1* Gens unter bestimmten Wachstumsbedingungen, in denen die Bildung vieler Körner wichtig ist, von Vorteil sein könnte.

Des Weiteren wurden G18-16 Introgressionen in der NIL-U-2B-1 auf Chromosom 2A und 2B identifiziert, die mit einem verzögerten Blühzeitpunkt, erhöhten Halm-

wachstum und einer kürzeren Ähre in Zusammenhang stehen. Innerhalb dieser Introgressionen wurden Kandidatengene wie das *Ppd-A1* Gen auf Chromosom 2A, (vgl. Kapitel 4.2.1), das *FZP 1* Gen innerhalb des QTL- Zielintervalls auf Chromosom 2B (vgl. Kapitel 4.2.3) und das *GID1* homologe Gen auf Chromosom 2B (vgl. Kapitel 4.2.4) identifiziert.

Insbesondere weiterführende Experimente zu dem *GID1* homologen Gen (TRIDC2BG021600) im Wildemmer (vgl. Kapitel 4.2.4) könnten relevante Erkenntnisse zu einem Gen ergeben, das abseits von den bekannten *Rht*-Genen das Halmwachstum im Getreide beeinflusst. Diese Hypothese wurde bereits von Zanke et al., (2014) aufgestellt und im Reis für das *GID1* Gen mittels Mutationsstudien (Ueguchi-Tanaka et al., 2005) nachgewiesen. Sollte sich der Effekt des *GID1* homologen Genes auf das Halmwachstum in der NIL-U-2B-1 bestätigen (vgl. Kapitel 4.2.4), ist mit hoher Wahrscheinlichkeit auch davon auszugehen, dass der von Ye et al. (2013) syntenische QTL im Reis (vgl. Kapitel 4.2.4, Abbildung 24) auf eine orthologe Version dieses Genes zurückzuführen ist. Die Größe des Intervalls beträgt 26,88 Mbp. und liegt auf dem kurzen Arm des Chromosom 2B (vgl. Kapitel 4.2.4, Abbildung 23). Für eine Feinkartierung könnte die NIL-U-2B-1 mit Uzan gekreuzt werden und die in Kapitel 4.2.4 beschriebenen flankierenden Marker (vgl. Abbildung 23) verwendet werden.

## 5.2 Die NIL-B-7A-2

In der SubNIL-Population BN\*NIL-B-7A-2 konnte kein signifikanter Effekt der G18-16 Introgression auf die Trockenmasse der Ähre bestätigt werden (vgl. Kapitel 3.4.4). Jedoch wurde am Ende des kurzen Arms des Chromosom 7A ein weiterer QTL vom Kreuzungselter Langdon identifiziert (Tabelle 7; Fatiukha et al., (2021)), der zuvor in die NIL übertragen wurde (vgl. Tabelle 4, Abbildung 17 und Kapitel 4.3.1).

Dies stimmt mit den Ergebnissen von Macaferri et al., (2016) überein, die einen QTL für das Merkmal Kornertrag, TKG und ein verändertes Wurzelwachstum im Hartweizen am äußersten Ende des kurzen Arms des Chromosom 7A beschreiben. Dieser QTL wurde von Peleg et al. (2009) nicht beschrieben, da die entsprechende

Chromosomenregion zum damaligen Zeitpunkt noch nicht kartiert werden konnte (vgl. Kapitel 3.3 und 4.3.1; Peleg et al., 2009).

Um sicherzustellen, dass die für die NIL-B-7A-2 beobachtete erhöhte Trockenmasse der Ähre und das veränderte Wurzelwachstum (Merchuk-Ovnat et al., 2016; Merchuk-Ovnat et al., 2017) tatsächlich auf die Introgressionen des Wildemmers zurückzuführen sind, wäre es notwendig zu überprüfen, ob die Introgression des QTL aus dem Eliteelter Langdon (vgl. Kapitel 4.2, Tabelle 7 und Abbildung 17) einen Effekt auf die zuvor durchgeführte Phänotypisierung der NIL (Merchuk-Ovnat et al., 2016) sowie Wurzelexperimente hatte (Merchuk-Ovnat et al., 2017). Zu diesem Zweck müsste Langdon als Standardgenotyp in die zuvor genannten Versuche integriert werden (vgl. Kapitel 4.3).

Schließlich wurde auf Chromosom 6A der NIL-B-7A-2 eine heterozygote Introgression identifiziert, die möglicherweise in der BN\*NIL-B-7A-2\* Population eine Segregation der Halmlänge verursacht (Abbildung 17) und mit dem dort lokalisierten *Rht14* Gen im Zusammenhang stehen könnte (vgl. Kapitel 4.3.2). Duan et al. (2022) wiesen nach, dass Langdon eine Variante des *Rht14* Genes besitzt, die ein verlängertes Halmwachstum verursacht. Weiterführende Experimente dazu werden in Kapitel 4.3.2 erläutert. Aufgrund der erläuterten Zusammenhänge sollte berücksichtigt werden, dass diese möglicherweise lediglich zu einer Bestätigung der Arbeiten von Duan et al. (2022) und zu keinen neuen Erkenntnissen führen könnten.

### 5.3 GenoTypeMapper

In dieser Arbeit wurde gezeigt wie Genomsequenzinformationen, Genotypdaten und genetische Karten mittels der eigens für diese Arbeit entwickelten Software effizient kombiniert verwendet werden können, um Genomregionen aus PGR in Elitezuchtmaterial zu identifizieren und unerwünschte Einkreuzungen zu reduzieren. Da PGR an Bedeutung gewinnen (Dempewolf et al., 2018), um der genetischen Erosion im Zuchtmaterial zu begegnen und einen Beitrag für die Züchtung ertragsstabiler Sorten zu leisten, könnte GTM auch zukünftig nützlich sein, um die züchterische Nutzung von PGR effizient zu gestalten.

Dies gilt insbesondere im Hinblick auf die besonderen Herausforderungen, wie den Klimawandel, der wachsenden Weltbevölkerung, aber auch den beschriebenen technologischen Fortschritten im Bereich der Genomsequenzierung sowie Hochdurchsatzgenotypisierung und -phänotypisierung. Software wie GTM könnte einen Beitrag dazu leisten, letztere effizient zu kombinieren und nutzbar zu machen, um den Herausforderungen im Umgang mit PGR zeitgemäß zu begegnen. Neben den genannten Entwicklungen könnte GTM auch für andere Organismen verwendet werden. Optimierungsmöglichkeiten von GTM wurden in Kapitel 4.1.2 erläutert.



## 6 Literaturverzeichnis

- Achilli, Ana Laura; Roncallo, Pablo Federico; Larsen, Adelina Olga; Dreisigacker, Susanne; Echenique, Viviana (2022): Population structure, allelic variation at Rht-B1 and Ppd-A1 loci and its effects on agronomic traits in Argentinian durum wheat. In *Scientific reports* 12 (1), p. 9629. DOI: 10.1038/s41598-022-13563-w.
- Aflitos, Saulo Alves; Sanchez-Perez, Gabino; Ridder, Dick de; Fransz, Paul; Schranz, Michael E.; Jong, Hans de; Peters, Sander A. (2015): Introgression browser: high-throughput whole-genome SNP visualization. In *The Plant journal: for cell and molecular biology* 82 (1), pp. 174–182. DOI: 10.1111/tpj.12800.
- Agarwal, Priyanka; Balyan, H. S.; Gupta, P. K. (2020): Identification of modifiers of the plant height in wheat using an induced dwarf mutant controlled by RhtB4c allele. In *Physiology and molecular biology of plants: an international journal of functional plant biology* 26 (11), pp. 2283–2289. DOI: 10.1007/s12298-020-00904-0.
- Ahmed, Hanin Ibrahim; Heuberger, Matthias; Schoen, Adam; Koo, Dal-Hoe; Quiroz-Chavez, Jesus; Adhikari, Laxman et al. (2023): Einkorn genomics sheds light on history of the oldest domesticated wheat. In: *Nature* 620 (7975), S. 830–838. DOI: 10.1038/s41586-023-06389-7.
- Altschul, S. F.; Gish, W.; Miller, W.; Myers, E. W.; Lipman, D. J. (1990): Basic local alignment search tool. In *Journal of molecular biology* 215 (3), pp. 403–410. DOI: 10.1016/S0022-2836(05)80360-2.
- Appels, Rudi; Eversole, Kellye; Stein, Nils; Feuillet, Catherine; Keller, Beat; Rogers, Jane et al. (2018): Shifting the limits in wheat research and breeding using a fully annotated reference genome. In *Science* 361 (6403), Article eaar7191. DOI: 10.1126/science.aar7191.
- Arjona, Jose M.; Royo, Conxita; Dreisigacker, Susanne; Ammar, Karim; Villegas, Dolores (2018): Effect of Ppd-A1 and Ppd-B1 Allelic Variants on Grain Number and Thousand Kernel Weight of Durum Wheat and Their Impact on Final Grain Yield. In *Frontiers in plant science* 9, p. 888. DOI: 10.3389/fpls.2018.00888.
- Arnold, Ken; Gosling, James (2000): *The Java programming language*. 3rd ed. Boston: Addison-Wesley (The Java series).
- Avni, Raz; Lux, Thomas; Minz-Dub, Anna; Millet, Eitan; Sela, Hanan; Distelfeld, Assaf et al. (2022): Genome sequences of three Aegilops species of the section Sitopsis reveal phylogenetic relationships and provide resources for wheat improvement. In *The Plant journal: for cell and molecular biology* 110 (1), pp. 179–192. DOI: 10.1111/tpj.15664.
- Avni, Raz; Nave, Moran; Barad, Omer; Baruch, Kobi; Twardziok, Sven O.; Gundlach, Heidrun et al. (2017): Wild emmer genome architecture and diversity elucidate wheat evolution and domestication. In *Science (New York, N.Y.)* 357 (6346), pp. 93–97. DOI: 10.1126/science.aan0032.
- Ayala, Marcela; Guzmán, Carlos; Alvarez, Juan B.; Peña, Roberto J. (2013): Characterization of genetic diversity of puroindoline genes in Mexican wheat landraces. In *Euphytica* 190 (1), pp. 53–63. DOI: 10.1007/s10681-012-0773-2.

- Bachmann, P.G.H. G. (1894). *Zahlentheorie*, Bd. 2: Die Analytische Zahlentheorie. Leipzig: B.G.Teubner.
- Bailey, N. T. J. (1961) *Introduction to mathematical theory of genetic linkage*. Calendon Press, Oxford.
- Barkley, N. A.; Wang, M. L. (2008): Application of TILLING and EcoTILLING as Reverse Genetic Approaches to Elucidate the Function of Genes in Plants and Animals. In *Current genomics* 9 (4), pp. 212–226. DOI: 10.2174/138920208784533656.
- Basu, Debarati; Haswell, Elizabeth S. (2017): Plant mechanosensitive ion channels: an ocean of possibilities. In *Current opinion in plant biology* 40, pp. 43–48. DOI: 10.1016/j.pbi.2017.07.002.
- Bates, D., Mächler, M., Bolker, B., and Walker, S. (2015). Fitting Linear Mixed-Effects Models Using lme4. *J. Stat. Soft.* 67. doi: 10.18637/jss.v067.i01
- Bateson, William; Mendel, Gregor (2010): *Mendel's Principles of Heredity*: Cambridge University Press.
- Benesty, Jacob; Chen, Jingdong; Huang, Yiteng; Cohen, Israel (2009): Pearson Correlation Coefficient. In Israel Cohen, Yiteng Huang, Jingdong Chen, Jacob Benesty (Eds.): *Noise Reduction in Speech Processing*, vol. 2. Berlin, Heidelberg: Springer Berlin Heidelberg (Springer Topics in Signal Processing), pp. 1–4.
- Boch, Jens (2011): TALEs of genome targeting. In *Nature biotechnology* 29 (2), pp. 135–136. DOI: 10.1038/nbt.1767.
- Botstein, D.; White, R. L.; Skolnick, M.; Davis, R. W. (1980): Construction of a genetic linkage map in man using restriction fragment length polymorphisms. In *American journal of human genetics* 32 (3), pp. 314–331.
- Bottoms, Christopher A.; Flint-Garcia, Sherry; McMullen, Michael D. (2010): IView: introgression library visualization and query tool. In *BMC bioinformatics* 11 Suppl 6 (Suppl 6), S28. DOI: 10.1186/1471-2105-11-S6-S28.
- Bray, Elizabeth A. (1997): Plant responses to water deficit. In *Trends in plant science* 2 (2), pp. 48–54. DOI: 10.1016/S1360-1385(97)82562-9.
- Brown, A. H. D., Lawrence, G. J., Jenkin, M., Douglass, J., and Gregory, E. (1989). Linkage Drag in Backcross Breeding in Barley. *Journal of Heredity* 80, 234–239. doi: 10.1093/oxfordjournals.jhered.a110841
- Brown, Anthony H. D. (2010): Variation under domestication in plants: 1859 and today. In *Philosophical transactions of the Royal Society of London. Series B, Biological sciences* 365 (1552), pp. 2523–2530. DOI: 10.1098/rstb.2010.0006.
- Browning, Brian L.; Browning, Sharon R. (2016): Genotype Imputation with Millions of Reference Samples. In *American journal of human genetics* 98 (1), pp. 116–126. DOI: 10.1016/j.ajhg.2015.11.020.
- Buck, H. T.; Nisi, J. E.; Salomón, N. (Eds.) (2007): *Wheat Production in Stressed Environments*. Proceedings of the 7th International Wheat Conference, 27 November - 2 December 2005, Mar del Plata, Argentina. 1st ed. 2007. Dordrecht: Springer Netherlands; Imprint: Springer (Developments in Plant Breeding, 12). Available online at <https://permalink.obvsg.at/>.

- Budak, Hikmet; Kantar, Melda; Kurtoglu, Kuaybe Yucebilgili (2013): Drought tolerance in modern and wild wheat. In *TheScientificWorldJournal* 2013, p. 548246. DOI: 10.1155/2013/548246.
- Budhagatapalli, Nagaveni; Halbach, Thomas; Hiekel, Stefan; Büchner, Heike; Müller, Andreas E.; Kumlehn, Jochen (2020): Site-directed mutagenesis in bread and durum wheat via pollination by cas9/guide RNA-transgenic maize used as haploidy inducer. In: *Plant biotechnology journal* 18 (12), S. 2376–2378. DOI: 10.1111/pbi.13415.
- Büschges, R.; Hollricher, K.; Panstruga, R.; Simons, G.; Wolter, M.; Frijters, A. et al. (1997): The barley Mlo gene: a novel control element of plant pathogen resistance. In *Cell* 88 (5), pp. 695–705. DOI: 10.1016/s0092-8674(00)81912-1.
- Cantu, Dario; Vanzetti, Leonardo S.; Sumner, Adam; Dubcovsky, Martin; Matvienko, Marta; Distelfeld, Assaf et al. (2010): Small RNAs, DNA methylation and transposable elements in wheat. In *BMC genomics* 11, p. 408. DOI: 10.1186/1471-2164-11-408.
- Charmet, Gilles (2011): Wheat domestication: lessons for the future. In *Comptes rendus biologiques* 334 (3), pp. 212–220. DOI: 10.1016/j.crv.2010.12.013.
- Chaudhary, Harinder Kumar; Kaila, Vineeta; Rather, Shoukat Ahmad; Badiyal, Anila; Hussain, Waseem; Jamwal, Navdeep Singh; Mahato, Anima (2014): Wheat. In Aditya Pratap, Jitendra Kumar (Eds.): *Alien Gene Transfer in Crop Plants*, Volume 2. New York, NY: Springer New York, pp. 1–26.
- Chen, Daoqian; Wang, Shiwen; Cao, Beibei; Cao, Dan; Leng, Guohui; Li, Hongbing et al. (2015): Genotypic Variation in Growth and Physiological Response to Drought Stress and Re-Watering Reveals the Critical Role of Recovery in Drought Adaptation in Maize Seedlings. In *Frontiers in plant science* 6, p. 1241. DOI: 10.3389/fpls.2015.01241.
- Cohen, Joel I.; Loskutov, Igor G. (2016): Exploring the nature of science through courage and purpose: a case study of Nikolai Vavilov and plant biodiversity. In: *SpringerPlus* 5 (1), S. 1159. DOI: 10.1186/s40064-016-2795-z.
- Collard, B. C. Y.; Jahufer, M. Z. Z.; Brouwer, J. B.; Pang, E. C. K. (2005): An introduction to markers, quantitative trait loci (QTL) mapping and marker-assisted selection for crop improvement: The basic concepts. In *Euphytica* 142 (1-2), pp. 169–196. DOI: 10.1007/s10681-005-1681-5.
- Colombo, Lucia; Marziani, Giovanna; Masiero, Simona; Wittich, Peter E.; Schmidt, Robert J.; Gorla, Mirella Sari; Pe, M. Enrico (1998): BRANCHED SILKLESS mediates the transition from spikelet to floral meristem during *Zea mays* ear development. In *Plant J* 16 (3), pp. 355–363. DOI: 10.1046/j.1365-313x.1998.00300.x.
- Comadran, Jordi; Kilian, Benjamin; Russell, Joanne; Ramsay, Luke; Stein, Nils; Ganai, Martin et al. (2012): Natural variation in a homolog of *Antirrhinum CENTRORADIALIS* contributed to spring growth habit and environmental adaptation in cultivated barley. In *Nature genetics* 44 (12), pp. 1388–1392. DOI: 10.1038/ng.2447.

- Covarrubias-Pazaran, Giovanny (2016): Genome-Assisted Prediction of Quantitative Traits Using the R Package sommer. In *PloS one* 11 (6), e0156744. DOI: 10.1371/journal.pone.0156744.
- Covarrubias-Pazaran, G.E. (2020). Optimizing breeding schemes Manual Heritability: meaning and computation.
- Curtis, T.; Halford, N. G. (2014): Food security: the challenge of increasing wheat yield and the importance of not compromising food safety. In *The Annals of applied biology* 164 (3), pp. 354–372. DOI: 10.1111/aab.12108.
- Deblieck, Mathieu; Fatiukha, Andrii; Grundman, Norbert; Merchuk-Ovnat, Lianne; Saranga, Yehoshua; Krugman, Tamar et al. (2020): GenoTypeMapper: graphical genotyping on genetic and sequence-based maps. In *Plant methods* 16, p. 123. DOI: 10.1186/s13007-020-00665-7.
- Deblieck, Mathieu; Szilagyi, Gergely; Andrii, Fatiukha; Saranga, Yehoshua; Lauterberg, Madita; Neumann, Kerstin et al. (2022): Dissection of a grain yield QTL from wild emmer wheat reveals sub-intervals associated with culm length and kernel number. In *Frontiers in genetics* 13, p. 955295. DOI: 10.3389/fgene.2022.955295.
- Dempewolf, Hannes; Baute, Gregory; Anderson, Justin; Kilian, Benjamin; Smith, Chelsea; Guarino, Luigi (2017): Past and Future Use of Wild Relatives in Crop Breeding. In *Crop Science* 57 (3), pp. 1070–1082. DOI: 10.2135/cropsci2016.10.0885.
- Deng, Xiaomin; Hu, Wei; Wei, Shuya; Zhou, Shiyi; Zhang, Fan; Han, Jiapeng et al. (2013): TaCIPK29, a CBL-interacting protein kinase gene from wheat, confers salt stress tolerance in transgenic tobacco. In *PloS one* 8 (7), e69881. DOI: 10.1371/journal.pone.0069881.
- Deng, Xiaomin; Zhou, Shiyi; Hu, Wei; Feng, Jialu; Zhang, Fan; Chen, Lihong et al. (2013): Ectopic expression of wheat TaCIPK14, encoding a calcineurin B-like protein-interacting protein kinase, confers salinity and cold tolerance in tobacco. In *Physiologia plantarum* 149 (3), pp. 367–377. DOI: 10.1111/ppl.12046.
- Devos, Katrien; Gale, Mike (1993): The Genetic Maps of Wheat and their Potential in Plant Breeding. In *Outlook Agric* 22 (2), pp. 93–99. DOI: 10.1177/003072709302200205.
- Dhanagond, Sidram; Liu, Guozheng; Zhao, Yusheng; Chen, Dijun; Grieco, Michele; Reif, Jochen et al. (2019): Non-Invasive Phenotyping Reveals Genomic Regions Involved in Pre-Anthesis Drought Tolerance and Recovery in Spring Barley. In *Frontiers in plant science* 10, p. 1307. DOI: 10.3389/fpls.2019.01307.
- Díaz, Aurora; Zikhali, Meluleki; Turner, Adrian S.; Isaac, Peter; Laurie, David A. (2012): Copy number variation affecting the Photoperiod-B1 and Vernalization-A1 genes is associated with altered flowering time in wheat (*Triticum aestivum*). In *PloS one* 7 (3), e33234. DOI: 10.1371/journal.pone.0033234.
- Distelfeld, Assaf; Tranquilli, Gabriela; Li, Chengxia; Yan, Liuling; Dubcovsky, Jorge (2009): Genetic and molecular characterization of the VRN2 loci in tetraploid wheat. In *Plant physiology* 149 (1), pp. 245–257. DOI: 10.1104/pp.108.129353.
- Dong, Zhenying; Yang, Yushuang; Li, Yiwen; Zhang, Kunpu; Lou, Haijuan; An, Xueli et al. (2013): Haplotype variation of Glu-D1 locus and the origin of Glu-D1d allele

- conferring superior end-use qualities in common wheat. In *PloS one* 8 (9), e74859. DOI: 10.1371/journal.pone.0074859.
- Doyle, Jeffrey (1991): DNA Protocols for Plants. In Godfrey M. Hewitt, Andrew W. B. Johnston, J. Peter W. Young (Eds.): *Molecular Techniques in Taxonomy*. Berlin, Heidelberg: Springer Berlin Heidelberg, pp. 283–293.
- Duan, Shan; Cui, Chunge; Chen, Liang; Yang, Zujun; Hu, Yin-Gang (2022): Fine mapping and candidate gene analysis of dwarf gene Rht14 in durum wheat (*Triticum durum*). In *Functional & integrative genomics* 22 (2), pp. 141–152. DOI: 10.1007/s10142-021-00825-5.
- Edel, Kai H.; Marchadier, Elodie; Brownlee, Colin; Kudla, Jörg; Hetherington, Alistair M. (2017): The Evolution of Calcium-Based Signalling in Plants. In *Current biology : CB* 27 (13), R667-R679. DOI: 10.1016/j.cub.2017.05.020.
- Edwards, Marlin (1992): Use of molecular markers in the evaluation and introgression of genetic diversity for quantitative traits. In *Field Crops Research* 29 (3), pp. 241–260. DOI: 10.1016/0378-4290(92)90028-8.
- Ellis, M. H.; Rebetzke, G. J.; Azanza, F.; Richards, R. A.; Spielmeyer, W. (2005): Molecular mapping of gibberellin-responsive dwarfing genes in bread wheat. In *TAG. Theoretical and applied genetics. Theoretische und angewandte Genetik* 111 (3), pp. 423–430. DOI: 10.1007/s00122-005-2008-6.
- Elshire, Robert J.; Glaubitz, Jeffrey C.; Sun, Qi; Poland, Jesse A.; Kawamoto, Ken; Buckler, Edward S.; Mitchell, Sharon E. (2011): A robust, simple genotyping-by-sequencing (GBS) approach for high diversity species. In *PloS one* 6 (5), e19379. DOI: 10.1371/journal.pone.0019379.
- Epstein, Ruth; Sajai, Nikita; Zelkowski, Mateusz; Zhou, Adele; Robbins, Kelly R.; Pawlowski, Wojciech P. (2023): Exploring impact of recombination landscapes on breeding outcomes. In: *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America* 120 (14), e2205785119. DOI: 10.1073/pnas.2205785119.
- Fahad, Shah; Bajwa, Ali A.; Nazir, Usman; Anjum, Shakeel A.; Farooq, Ayesha; Zohaib, Ali et al. (2017): Crop Production under Drought and Heat Stress: Plant Responses and Management Options. In *Frontiers in plant science* 8, p. 1147. DOI: 10.3389/fpls.2017.01147.
- Fahima, T.; Sun, G. L.; Beharav, A.; Krugman, T.; Beiles, A.; Nevo, E. (1999): RAPD polymorphism of wild emmer wheat populations, *Triticum dicoccoides*, in Israel. In *Theor Appl Genet* 98 (3-4), pp. 434–447. DOI: 10.1007/s001220051089.
- Fang, Yujie; Xiong, Lizhong (2015): General mechanisms of drought response and their application in drought resistance improvement in plants. In *Cellular and molecular life sciences : CMLS* 72 (4), pp. 673–689. DOI: 10.1007/s00018-014-1767-0.
- FAO (2002). Forest Genetic Resources, International and Australian perspectives. Paper prepared by Christel Palmberg-Lerche, August 2000. Forest Genetic Resources Working Papers, Working Paper FGR/36E (September 2002). Forest Resources Development Service, Forest Resources Division. FAO, Rome (unpublished).

- Farooq, Muhammad; Hussain, Mubshar; Siddique, Kadambot H. M. (2014): Drought Stress in Wheat during Flowering and Grain-filling Periods. In *Critical Reviews in Plant Sciences* 33 (4), pp. 331–349. DOI: 10.1080/07352689.2014.875291.
- Fatiukha, Andrii; Deblieck, Mathieu; Klymiuk, Valentyna; Merchuk-Ovnat, Lianne; Peleg, Zvi; Ordon, Frank et al. (2021): Genomic Architecture of Phenotypic Plasticity in Response to Water Stress in Tetraploid Wheat. In *International journal of molecular sciences* 22 (4). DOI: 10.3390/ijms22041723.
- Fazlikhani, Leila; Keilwagen, Jens; Kopahnke, Doris; Deising, Holger; Ordon, Frank; Perovic, Dragan (2019): High Resolution Mapping of RphMBR1012 Conferring Resistance to Puccinia hordei in Barley (*Hordeum vulgare* L.). In *Frontiers in plant science* 10, p. 640. DOI: 10.3389/fpls.2019.00640.
- Frankel, Otto H. (1970): Genetic conservation of plants useful to man. In *Biological Conservation* 2 (3), pp. 162–168. DOI: 10.1016/0006-3207(70)90094-7.
- Frankel, Otto H; Bennett, E. (eds.) (1970): Genetic resources in plants. Their exploration and conservation. Oxford: Distributed by Blackwell Scientific.
- Fu, Yong-Bi; Somers, Daryl J. (2009): Genome-Wide Reduction of Genetic Diversity in Wheat Breeding. In *Crop Sci.* 49 (1), pp. 161–168. DOI: 10.2135/cropsci2008.03.0125.
- Gao, Fengmei; Wen, Weie; Liu, Jindong; Rasheed, Awais; Yin, Guihong; Xia, Xianchun et al. (2015): Genome-Wide Linkage Mapping of QTL for Yield Components, Plant Height and Yield-Related Physiological Traits in the Chinese Wheat Cross Zhou 8425B/Chinese Spring. In *Frontiers in plant science* 6, p. 1099. DOI: 10.3389/fpls.2015.01099.
- Gayon, Jean (2016): From Mendel to epigenetics: History of genetics. In *Comptes rendus biologiques* 339 (7-8), pp. 225–230. DOI: 10.1016/j.crvi.2016.05.009.
- Girden, Ellen (1992): ANOVA. 2455 Teller Road, Thousand Oaks California 91320 United States of America: SAGE Publications, Inc.
- Gill BS, Appels R, Botha-Oberholster A-M, Buell CR, Bennetzen JL, Chalhoub B, et al. A workshop report on wheat genome sequencing: International Genome Research on Wheat Consortium. *Genetics*. 2004;168:1087–96. <https://doi.org/10.1534/genetics.104.034769>.
- Glaubrecht, Matthias (Ed.) (2010): Evolution in Action. Berlin, Heidelberg: Springer Berlin Heidelberg.
- Hashimoto, Kenji; Kudla, Jörg (2011): Calcium decoding mechanisms in plants. In *Biochimie* 93 (12), pp. 2054–2059. DOI: 10.1016/j.biochi.2011.05.019.
- Haswell, Elizabeth S.; Peyronnet, Rémi; Barbier-Brygoo, Hélène; Meyerowitz, Elliot M.; Frachisse, Jean-Marie (2008): Two MscS homologs provide mechanosensitive channel activities in the Arabidopsis root. In *Current biology : CB* 18 (10), pp. 730–734. DOI: 10.1016/j.cub.2008.04.039.
- HAWKES, J. G. (1991): 1. The importance of genetic resources in plant breeding. In *Biological Journal of the Linnean Society* 43 (1), pp. 3–10. DOI: 10.1111/j.1095-8312.1991.tb00578.x.

- Heyne, E. G. (1959): Registration of Improved Wheat Varieties, XXIII 1. In *Agronomy Journal* 51 (11), pp. 689–692. DOI: 10.2134/agronj1959.00021962005100110019x.
- Hothorn T, Bretz F, Westfall P (2008). “Simultaneous Inference in General Parametric Models.” *Biometrical Journal*, **50**(3), 346–363.
- Huschke, Ralph E. (1959): Glossary of meteorology. Boston (Mass.): American Meteorological Society.
- Jaccoud, D.; Peng, K.; Feinstein, D.; Kilian, A. (2001): Diversity arrays: a solid state technology for sequence information independent genotyping. In *Nucleic acids research* 29 (4), E25. DOI: 10.1093/nar/29.4.e25.
- Jansen, R. C.; Stam, P. (1994): High resolution of quantitative traits into multiple loci via interval mapping. In *Genetics* 136 (4), pp. 1447–1455. DOI: 10.1093/genetics/136.4.1447.
- Jayakodi, Murukarthick; Padmarasu, Sudharsan; Haberer, Georg; Bonthala, Venkata Suresh; Gundlach, Heidrun; Monat, Cécile et al. (2020): The barley pan-genome reveals the hidden legacy of mutation breeding. In *Nature* 588 (7837), pp. 284–289. DOI: 10.1038/s41586-020-2947-8.
- Jiang, Guo-Liang (2013): Molecular Markers and Marker-Assisted Breeding in Plants. In Sven Bode Andersen (Ed.): *Plant Breeding from Laboratories to Fields: InTech*.
- Johannsen, W. (1909): Elemente der exakten erblichkeitslehre. Deutsche wesentlich erweiterte ausgabe in fünfundzwanzig vorlesungen, von W. Johannsen. Jena: G. Fischer.
- Johnson, Andrew D. (2010): An extended IUPAC nomenclature code for polymorphic nucleic acids. In: *Bioinformatics (Oxford, England)* 26 (10), S. 1386–1389. DOI: 10.1093/bioinformatics/btq098.
- Jordan, Katherine W.; Wang, Shichen; Lun, Yanni; Gardiner, Laura-Jayne; MacLachlan, Ron; Hucl, Pierre et al. (2015): A haplotype map of allohexaploid wheat reveals distinct patterns of selection on homoeologous genomes. In *Genome biology* 16 (1), p. 48. DOI: 10.1186/s13059-015-0606-4.
- Kamal, Nadia; Lux, Thomas; Jayakodi, Murukarthick; Haberer, Georg; Gundlach, Heidrun; Mayer, Klaus F. X. et al. (2022): The Barley and Wheat Pan-Genomes. In *Methods in molecular biology (Clifton, N.J.)* 2443, pp. 147–159. DOI: 10.1007/978-1-0716-2067-0\_7.
- Khush, G. S. (2001): Green revolution: the way forward. In *Nature reviews. Genetics* 2 (10), pp. 815–822. DOI: 10.1038/35093585.
- Knuth, Donald E. (1976): Big Omicron and big Omega and big Theta. In: *SIGACT News* 8 (2), S. 18–24. DOI: 10.1145/1008328.1008329.
- Kilian, Benjamin; Martin, William; Salamini, Francesco (2010): Genetic Diversity, Evolution and Domestication of Wheat and Barley in the Fertile Crescent. In Matthias Glaubrecht (Ed.): *Evolution in Action*. Berlin, Heidelberg: Springer Berlin Heidelberg, pp. 137–166.
- Kitchen, James L.; Allaby, Robin G. (2013): Systems Modeling at Multiple Levels of Regulation: Linking Systems and Genetic Networks to Spatially Explicit Plant

- Populations. In *Plants (Basel, Switzerland)* 2 (1), pp. 16–49. DOI: 10.3390/plants2010016.
- Knopf, C.; Becker, H.; Ebmeyer, E.; Korzun, V. (2008): Occurrence of three dwarfing Rht genes in German winter wheat varieties. In *Cereal Research Communications* 36 (4), pp. 553–560. DOI: 10.1556/CRC.36.2008.4.4.
- Komatsu, Mai; Chujo, Atsushi; Nagato, Yasuo; Shimamoto, Ko; Kyojuka, Junko (2003): FRIZZY PANICLE is required to prevent the formation of axillary meristems and to establish floral meristem identity in rice spikelets. In *Development (Cambridge, England)* 130 (16), pp. 3841–3850. DOI: 10.1242/dev.00564.
- Komatsu, M.; Maekawa, M.; Shimamoto, K.; Kyojuka, J. (2001): The LAX1 and FRIZZY PANICLE 2 genes determine the inflorescence architecture of rice by controlling rachis-branch and spikelet development. In *Developmental biology* 231 (2), pp. 364–373. DOI: 10.1006/dbio.2000.9988.
- Konieczny, A.; Ausubel, F. M. (1993): A procedure for mapping Arabidopsis mutations using co-dominant ecotype-specific PCR-based markers. In *The Plant journal: for cell and molecular biology* 4 (2), pp. 403–410. DOI: 10.1046/j.1365-313X.1993.04020403.x.
- Korte, Arthur; Farlow, Ashley (2013): The advantages and limitations of trait analysis with GWAS: a review. In *Plant methods* 9, p. 29. DOI: 10.1186/1746-4811-9-29.
- KOSAMBI, D. D. (1943): THE ESTIMATION OF MAP DISTANCES FROM RECOMBINATION VALUES. In *Annals of Eugenics* 12 (1), pp. 172–175. DOI: 10.1111/j.1469-1809.1943.tb02321.x.
- Kroupina, Aleksandra Yu; Yanovsky, Aleksey S.; Korobkova, Varvara A.; Bepalova, Ludmila A.; Arkhipov, Andrey V.; Bukreeva, Galina I. et al. (2023): Allelic Variation of Glu-A1 and Glu-B1 Genes in Winter Durum Wheat and Its Effect on Quality Parameters. In *Foods (Basel, Switzerland)* 12 (7). DOI: 10.3390/foods12071436.
- Lafiandra, D.; Ceoloni, C.; Carozza, R.; Margiotta, B.; Urbano, M.; Colaprico, G.; D'Egidio, M. G. (2007): Introduction Of D-Genome Related Gluten Proteins Into Durum Wheat. In H. T. Buck, J. E. Nisi, N. Salomón (Eds.): *Wheat Production in Stressed Environments*, vol. 12. Dordrecht: Springer Netherlands (Developments in Plant Breeding), pp. 449–454.
- Landau, E. (1909). *Handbuch der Lehre von der Verteilung der Primzahlen*. Leipzig: B.G.Teubner.
- Lander, E. S.; Botstein, D. (1989): Mapping mendelian factors underlying quantitative traits using RFLP linkage maps. In *Genetics* 121 (1), pp. 185–199. DOI: 10.1093/genetics/121.1.185.
- Lenth, R. V. (2016). Least-Squares Means: The R Package lsmeans. *J. Stat. Soft.* 69. doi: 10.18637/jss.v069.i01
- Lesk, Corey; Rowhani, Pedram; Ramankutty, Navin (2016): Influence of extreme weather disasters on global crop production. In *Nature* 529 (7584), pp. 84–87. DOI: 10.1038/nature16467.
- Li, Heng (2013): Aligning sequence reads, clone sequences and assembly contigs with BWA-MEM.



- Li, Heng; Handsaker, Bob; Wysoker, Alec; Fennell, Tim; Ruan, Jue; Homer, Nils et al. (2009): The Sequence Alignment/Map format and SAMtools. In: *Bioinformatics (Oxford, England)* 25 (16), S. 2078–2079. DOI: 10.1093/bioinformatics/btp352.
- Li, Jinlong; Xin, Xin; Sun, Fangyao; Zhu, Zhenzhen; Xu, Xiangru; Yang, Jiatian et al. (2023): Copy number variation of B1 controls awn length in wheat. In: *The Crop Journal* 11 (3), S. 817–824. DOI: 10.1016/j.cj.2022.10.007.
- Li, Jun; Li, Yan; Ma, Ligeng (2021): Recent advances in CRISPR/Cas9 and applications for wheat functional genomics and breeding. In: *aBIOTECH* 2 (4), S. 375–385. DOI: 10.1007/s42994-021-00042-5.
- Li, Yongpeng; Li, Long; Zhao, Meicheng; Guo, Lin; Guo, Xinxin; Zhao, Dan et al. (2021): Wheat FRIZZY PANICLE activates VERNALIZATION1-A and HOMEBOX4-A to regulate spike development in wheat. In: *Plant biotechnology journal* 19 (6), S. 1141–1154. DOI: 10.1111/pbi.13535.
- Lieberman-Aiden, Erez; van Berkum, Nynke L.; Williams, Louise; Imakaev, Maxim; Ragoczy, Tobias; Telling, Agnes et al. (2009): Comprehensive mapping of long-range interactions reveals folding principles of the human genome. In: *Science (New York, N.Y.)* 326 (5950), S. 289–293. DOI: 10.1126/science.1181369.
- Ling, Hong-Qing; Ma, Bin; Shi, Xiaoli; Liu, Hui; Dong, Lingli; Sun, Hua et al. (2018): Genome sequence of the progenitor of wheat A subgenome *Triticum urartu*. In *Nature* 557 (7705), pp. 424–428. DOI: 10.1038/s41586-018-0108-0.
- Ling, Hong-Qing; Zhao, Shancen; Liu, Dongcheng; Wang, Junyi; Sun, Hua; Zhang, Chi et al. (2013): Draft genome of the wheat A-genome progenitor *Triticum urartu*. In *Nature* 496 (7443), pp. 87–90. DOI: 10.1038/nature11997.
- Liu, Sixin; Chao, Shiaoman; Anderson, James A. (2008): New DNA markers for high molecular weight glutenin subunits in wheat. In *TAG. Theoretical and applied genetics. Theoretische und angewandte Genetik* 118 (1), pp. 177–183. DOI: 10.1007/s00122-008-0886-0.
- Liu, Y. G.; Mori, N.; Tsunewaki, K. (1990): Restriction fragment length polymorphism (RFLP) analysis in wheat. I. Genomic DNA library construction and RFLP analysis in common wheat. In *Idengaku zasshi* 65 (5), pp. 367–380. DOI: 10.1266/jjg.65.367.
- Lorieux, M.; Goffinet, B.; Perrier, X.; León, D. G. de; Lanaud, C. (1995): Maximum-likelihood models for mapping genetic markers showing segregation distortion. 1. Backcross populations. In *TAG. Theoretical and applied genetics. Theoretische und angewandte Genetik* 90 (1), pp. 73–80. DOI: 10.1007/BF00220998.
- Luo, Ming-Cheng; Gu, Yong Q.; Puiu, Daniela; Wang, Hao; Twardziok, Sven O.; Deal, Karin R. et al. (2017): Genome sequence of the progenitor of the wheat D genome *Aegilops tauschii*. In *Nature* 551 (7681), pp. 498–502. DOI: 10.1038/nature24486.
- Maccaferri, Marco; Cane', Maria Angela; Sanguineti, Maria C.; Salvi, Silvio; Colalongo, Maria C.; Massi, Andrea et al. (2014): A consensus framework map of durum wheat (*Triticum durum* Desf.) suitable for linkage disequilibrium analysis and genome-wide association mapping. In *BMC genomics* 15 (1), p. 873. DOI: 10.1186/1471-2164-15-873.

- Maccaferri, Marco; El-Feki, Walid; Nazemi, Ghasemali; Salvi, Silvio; Canè, Maria Angela; Colalongo, Maria Chiara et al. (2016): Prioritizing quantitative trait loci for root system architecture in tetraploid wheat. In *Journal of experimental botany* 67 (4), pp. 1161–1178. DOI: 10.1093/jxb/erw039.
- Mahajan, Shilpi; Tuteja, Narendra (2005): Cold, salinity and drought stresses: an overview. In *Archives of biochemistry and biophysics* 444 (2), pp. 139–158. DOI: 10.1016/j.abb.2005.10.018.
- Mascher, Martin; Gundlach, Heidrun; Himmelbach, Axel; Beier, Sebastian; Twardziok, Sven O.; Wicker, Thomas et al. (2017): A chromosome conformation capture ordered sequence of the barley genome. In *Nature* 544 (7651), pp. 427–433. DOI: 10.1038/nature22043.
- Mascher, Martin; Muehlbauer, Gary J.; Rokhsar, Daniel S.; Chapman, Jarrod; Schmutz, Jeremy; Barry, Kerrie et al. (2013): Anchoring and ordering NGS contig assemblies by population sequencing (POPSEQ). In *The Plant journal : for cell and molecular biology* 76 (4), pp. 718–727. DOI: 10.1111/tpj.12319.
- Maxted, Nigel; Vincent, Holly (2021): Review of congruence between global crop wild relative hotspots and centres of crop origin/diversity. In *Genet Resour Crop Evol* 68 (4), pp. 1283–1297. DOI: 10.1007/s10722-021-01114-7.
- McCallum, C. M.; Comai, L.; Greene, E. A.; Henikoff, S. (2000): Targeting induced local lesions IN genomes (TILLING) for plant functional genomics. In *Plant physiology* 123 (2), pp. 439–442. DOI: 10.1104/pp.123.2.439.
- McCouch, S. R.; Kochert, G.; Yu, Z. H.; Wang, Z. Y.; Khush, G. S.; Coffman, W. R.; Tanksley, S. D. (1988): Molecular mapping of rice chromosomes. In *TAG. Theoretical and applied genetics. Theoretische und angewandte Genetik* 76 (6), pp. 815–829. DOI: 10.1007/BF00273666.
- Mendel, G. (1866): Versuche über Pflanzen-Hybriden. Brünn: Aus Georg Gastl's Buchdruckerei.
- Merchuk-Ovnat, Lianne; Barak, Vered; Fahima, Tzion; Ordon, Frank; Lidzbarsky, Gabriel A.; Krugman, Tamar; Saranga, Yehoshua (2016): Ancestral QTL Alleles from Wild Emmer Wheat Improve Drought Resistance and Productivity in Modern Wheat Cultivars. In *Frontiers in plant science* 7, p. 452. DOI: 10.3389/fpls.2016.00452.
- Merchuk-Ovnat, Lianne; Fahima, Tzion; Ephrath, Jhonathan E.; Krugman, Tamar; Saranga, Yehoshua (2017): Ancestral QTL Alleles from Wild Emmer Wheat Enhance Root Development under Drought in Modern Wheat. In *Frontiers in plant science* 8, p. 703. DOI: 10.3389/fpls.2017.00703.
- Mester, D. I.; Ronin, Y. I.; Hu, Y.; Peng, J.; Nevo, E.; Korol, A. B. (2003): Efficient multipoint mapping: making use of dominant repulsion-phase markers. In *TAG. Theoretical and applied genetics. Theoretische und angewandte Genetik* 107 (6), pp. 1102–1112. DOI: 10.1007/s00122-003-1305-1.
- Michelmore, Richard W. (2003): The impact zone: genomics and breeding for durable disease resistance. In *Current opinion in plant biology* 6 (4), pp. 397–404. DOI: 10.1016/S1369-5266(03)00067-0.
- Milne, Iain; Shaw, Paul; Stephen, Gordon; Bayer, Micha; Cardle, Linda; Thomas, William T. B. et al. (2010): Flapjack--graphical genotype visualization. In

- Bioinformatics* (Oxford, England) 26 (24), pp. 3133–3134. DOI: 10.1093/bioinformatics/btq580.
- Morgan, T. H. (1911): RANDOM SEGREGATION VERSUS COUPLING IN MENDELIAN INHERITANCE. In *Science* (New York, N.Y.) 34 (873), p. 384. DOI: 10.1126/science.34.873.384.
- MORTON, N. E. (1955): Sequential tests for the detection of linkage. In *American journal of human genetics* 7 (3), pp. 277–318.
- Mullis, K.; Faloona, F.; Scharf, S.; Saiki, R.; Horn, G.; Erlich, H. (1986): Specific enzymatic amplification of DNA in vitro: the polymerase chain reaction. In *Cold Spring Harbor symposia on quantitative biology* 51 Pt 1, pp. 263–273. DOI: 10.1101/SQB.1986.051.01.032.
- Murase, Kohji; Hirano, Yoshinori; Sun, Tai-ping; Hakoshima, Toshio (2008): Gibberellin-induced DELLA recognition by the gibberellin receptor GID1. In *Nature* 456 (7221), pp. 459–463. DOI: 10.1038/nature07519.
- Muterko, Alexandr; Kalendar, Ruslan; Cockram, James; Balashova, Irina (2015): Discovery, evaluation and distribution of haplotypes and new alleles of the Photoperiod-A1 gene in wheat. In *Plant molecular biology* 88 (1-2), pp. 149–164. DOI: 10.1007/s11103-015-0313-2.
- Nadeem, Muhammad Azhar; Nawaz, Muhammad Amjad; Shahid, Muhammad Qasim; Doğan, Yıldız; Comertpay, Gonul; Yıldız, Mehtap et al. (2018): DNA molecular markers in plant breeding: current status and recent advancements in genomic selection and genome editing. In *Biotechnology & Biotechnological Equipment* 32 (2), pp. 261–285. DOI: 10.1080/13102818.2017.1400401.
- Neumann, Kerstin; Klukas, Christian; Friedel, Swetlana; Rischbeck, Pablo; Chen, Dijun; Entzian, Alexander et al. (2015): Dissecting spatiotemporal biomass accumulation in barley under different water regimes using high-throughput image analysis. In: *Plant, cell & environment* 38 (10), S. 1980–1996. DOI: 10.1111/pce.12516.
- Nevo, E.; Beiles, A.; Kaplan, D.; Storch, N.; Zohary, D. (1986): Genetic diversity and environmental associations of wild barley, *Hordeum spontaneum* (Poaceae), in Iran. In *Pl Syst Evol* 153 (3-4), pp. 141–164. DOI: 10.1007/BF00983683.
- Nevo, E.; Golenberg, E.; Beiles, A.; Brown, A. H.; Zohary, D. (1982): Genetic diversity and environmental associations of wild wheat, *Triticum dicoccoides*, in Israel. In *TAG. Theoretical and applied genetics. Theoretische und angewandte Genetik* 62 (3), pp. 241–254. DOI: 10.1007/BF00276247.
- Nevo, E.; Pagnotta, M. A.; Beiles, A.; Porceddu, E. (1995): Wheat storage proteins: glutenin DNA diversity in wild emmer wheat, *Triticum dicoccoides*, in Israel and Turkey. 3. Environmental correlates and allozymic associations. In *TAG. Theoretical and applied genetics. Theoretische und angewandte Genetik* 91 (3), pp. 415–420. DOI: 10.1007/BF00222968.
- Ouyang, Shu & Liu, Jia & Jones, Kristine & Gansberger, Kristen & Moffat, Kelly & Hill, Jessica & Bera, Jayati & Fadrosch, Douglas & Jin, Shaohua & Johri, Shivani & Overton, Larry & Reardon, Matthew & Tsitrin, Tamara & Vuong, Hue & Weaver, Bruce & Cieccko, Anne & Tallon, Luke & Jackson, Jacqueline & Burr, Benjamin.

- (2005). The map-based sequence of rice genome. *Nature*. 436. 10.1038/nature03895.
- Pant, Sameer D.; Karlskov-Mortensen, Peter; Jacobsen, Mette J.; Cirera, Susanna; Kogelman, Lisette J. A.; Bruun, Camilla S. et al. (2015): Comparative Analyses of QTLs Influencing Obesity and Metabolic Phenotypes in Pigs and Humans. In *PLoS one* 10 (9), e0137356. DOI: 10.1371/journal.pone.0137356.
- Pearson, Karl (1900): X. On the criterion that a given system of deviations from the probable in the case of a correlated system of variables is such that it can be reasonably supposed to have arisen from random sampling. In *The London, Edinburgh, and Dublin Philosophical Magazine and Journal of Science* 50 (302), pp. 157–175. DOI: 10.1080/14786440009463897.
- Peiter, Edgar (2011): The plant vacuole: emitter and receiver of calcium signals. In *Cell calcium* 50 (2), pp. 120–128. DOI: 10.1016/j.ceca.2011.02.002.
- PELEG, Z.; Fahima, T.; ABBO, S.; Krugman, T.; Nevo, E.; YAKIR, D.; SARANGA, Y. (2005): Genetic diversity for drought resistance in wild emmer wheat and its ecogeographical associations. In *Plant Cell Environ* 28 (2), pp. 176–191. DOI: 10.1111/j.1365-3040.2005.01259.x.
- Peleg, Zvi; Fahima, Tzion; Krugman, Tamar; Abbo, Shahal; Yakir, Dan; Korol, Abraham B.; Saranga, Yehoshua (2009): Genomic dissection of drought resistance in durum wheat x wild emmer wheat recombinant inbred line population. In *Plant, cell & environment* 32 (7), pp. 758–779. DOI: 10.1111/j.1365-3040.2009.01956.x.
- Peleg, Zvi; Saranga, Yehoshua; Suprunova, Tatiana; Ronin, Yefim; Röder, Marion S.; Kilian, Andrzej et al. (2008): High-density genetic map of durum wheat x wild emmer wheat based on SSR and DArT markers. In *TAG. Theoretical and applied genetics. Theoretische und angewandte Genetik* 117 (1), pp. 103–115. DOI: 10.1007/s00122-008-0756-9.
- Peña, R. J.; Trethowan, R.; Pfeiffer, W. H.; van Ginkel, M. (2002): Quality (End-Use) Improvement in Wheat. In *Journal of Crop Production* 5 (1-2), pp. 1–37. DOI: 10.1300/J144v05n01\_02.
- Peng, J.; Sun, D.; Nevo, E. (2011): Wild emmer wheat, *Triticum dicoccoides*, occupies a pivotal position in wheat domestication process. In *Australian journal of crop science*. Available online at: <http://www.cropsciencejournal.org/>
- Petolino, Joseph F. (2015): Genome editing in plants via designed zinc finger nucleases. In *In vitro cellular & developmental biology. Plant : journal of the Tissue Culture Association* 51 (1), pp. 1–8. DOI: 10.1007/s11627-015-9663-3.
- Pinthus, M. J.; Levy, A. A. (1983): The relationship between the Rht 1 and Rht 2 dwarfing genes and grain weight in *Triticum aestivum* L. spring wheat. In *TAG. Theoretical and applied genetics. Theoretische und angewandte Genetik* 66 (2), pp. 153–157. DOI: 10.1007/BF00265191.
- Piepho, H.-P., and Möhring, J. (2007). Computing heritability and selection response from unbalanced plant breeding trials. *Genetics* 177, 1881–1888. doi: 10.1534/genetics.107.074229

- Pratap, Aditya; Kumar, Jitendra (2014): Alien Gene Transfer in Crop Plants: An Introduction. In Aditya Pratap, Jitendra Kumar (Eds.): Alien Gene Transfer in Crop Plants, Volume 1. New York, NY: Springer New York, pp. 1–23.
- Rahman, Shanjida; Islam, Shahidul; Yu, Zitong; She, Maoyun; Nevo, Eviatar; Ma, Wujun (2020): Current Progress in Understanding and Recovering the Wheat Genes Lost in Evolution and Domestication. In: *International journal of molecular sciences* 21 (16). DOI: 10.3390/ijms21165836.
- Ramirez-Gonzalez, Ricardo H.; Segovia, Vanesa; Bird, Nicholas; Fenwick, Paul; Holdgate, Sarah; Berry, Simon et al. (2015): RNA-Seq bulked segregant analysis enables the identification of high-resolution genetic markers for breeding in hexaploid wheat. In *Plant biotechnology journal* 13 (5), pp. 613–624. DOI: 10.1111/pbi.12281.
- Rasheed, Awais; Hao, Yuanfeng; Xia, Xianchun; Khan, Awais; Xu, Yunbi; Varshney, Rajeev K.; He, Zhonghu (2017): Crop Breeding Chips and Genotyping Platforms: Progress, Challenges, and Perspectives. In *Molecular plant* 10 (8), pp. 1047–1064. DOI: 10.1016/j.molp.2017.06.008.
- Rezvoy, Clément; Charif, Delphine; Guéguen, Laurent; Marais, Gabriel A. B. (2007): MareyMap: an R-based tool with graphical interface for estimating recombination rates. In *Bioinformatics (Oxford, England)* 23 (16), pp. 2188–2189. DOI: 10.1093/bioinformatics/btm315.
- Rhoads, Anthony; Au, Kin Fai (2015): PacBio Sequencing and Its Applications. In *Genomics, proteomics & bioinformatics* 13 (5), pp. 278–289. DOI: 10.1016/j.gpb.2015.08.002.
- Ribaut, Jean-Marcel; Hoisington, David (1998): Marker-assisted selection: new tools and strategies. In *Trends in plant science* 3 (6), pp. 236–239. DOI: 10.1016/S1360-1385(98)01240-0.
- Ronin, Yefim I.; Mester, David I.; Minkov, Dina G.; Akhunov, Eduard; Korol, Abraham B. (2017): Building Ultra-High-Density Linkage Maps Based on Efficient Filtering of Trustable Markers. In *Genetics* 206 (3), pp. 1285–1295. DOI: 10.1534/genetics.116.197491.
- ROYO, C.; DREISIGACKER, S.; ALFARO, C.; AMMAR, K.; VILLEGAS, D. (2016): Effect of Ppd-1 genes on durum wheat flowering time and grain filling duration in a wide range of latitudes. In *J. Agric. Sci.* 154 (4), pp. 612–631. DOI: 10.1017/S0021859615000507.
- Sax, K. (1923): The Association of Size Differences with Seed-Coat Pattern and Pigmentation in PHASEOLUS VULGARIS. In *Genetics* 8 (6), pp. 552–560. DOI: 10.1093/genetics/8.6.552.
- Schmidt, P., Hartung, J., Rath, J., and Piepho, H.-P. (2019). Estimating Broad-Sense Heritability with Unbalanced Data from Agricultural Cultivar Trials. *Crop Science* 59, 525–536. doi: 10.2135/cropsci2018.06.0376
- Schmutzer, Thomas; Samans, Birgit; Dyrszka, Emmanuelle; Ulpinnis, Chris; Weise, Stephan; Stengel, Doreen et al. (2015): Species-wide genome sequence and nucleotide polymorphisms from the model allopolyploid plant Brassica napus. In *Scientific data* 2, p. 150072. DOI: 10.1038/sdata.2015.72.

- Schroedinger, E. (1944) *What Is Life? The Physical Aspect of the Living Cell*. Dublin Institute for Advanced Studies, Dublin.
- Shaaf, Salar; Sharma, Rajiv; Baloch, Faheem Shehzad; Badaeva, Ekaterina D.; Knüpfner, Helmut; Kilian, Benjamin; Özkan, Hakan (2016): The grain Hardness locus characterized in a diverse wheat panel (*Triticum aestivum* L.) adapted to the central part of the Fertile Crescent: genetic diversity, haplotype structure, and phylogeny. In *Molecular genetics and genomics : MGG* 291 (3), pp. 1259–1275. DOI: 10.1007/s00438-016-1180-5.
- Shapiro, S. S.; Wilk, M. B. (1965): An Analysis of Variance Test for Normality (Complete Samples). In *Biometrika* 52 (3/4), p. 591. DOI: 10.2307/2333709.
- Shi, Weiping; Hao, Chenyang; Zhang, Yong; Cheng, Jingye; Zhang, Zheng; Liu, Jian et al. (2017): A Combined Association Mapping and Linkage Analysis of Kernel Number Per Spike in Common Wheat (*Triticum aestivum* L.). In *Frontiers in plant science* 8, p. 1412. DOI: 10.3389/fpls.2017.01412.
- Shimada, Asako; Ueguchi-Tanaka, Miyako; Nakatsu, Toru; Nakajima, Masatoshi; Naoe, Youichi; Ohmiya, Hiroko et al. (2008): Structural basis for gibberellin recognition by its receptor GID1. In *Nature* 456 (7221), pp. 520–523. DOI: 10.1038/nature07546.
- Simons, Kristin J.; Fellers, John P.; Trick, Harold N.; Zhang, Zengcui; Tai, Yin-Shan; Gill, Bikram S.; Faris, Justin D. (2006): Molecular characterization of the major wheat domestication gene Q. In *Genetics* 172 (1), pp. 547–555. DOI: 10.1534/genetics.105.044727.
- Soleimani, Behnaz; Lehnert, Heike; Keilwagen, Jens; Plieske, Joerg; Ordon, Frank; Naseri Rad, Sara et al. (2020): Comparison Between Core Set Selection Methods Using Different Illumina Marker Platforms: A Case Study of Assessment of Diversity in Wheat. In *Frontiers in plant science* 11, p. 1040. DOI: 10.3389/fpls.2020.01040.
- Somyong, Suthasinee; Munkvold, Jesse D.; Tanaka, James; Benscher, David; Sorrells, Mark E. (2011): Comparative genetic analysis of a wheat seed dormancy QTL with rice and *Brachypodium* identifies candidate genes for ABA perception and calcium signaling. In *Functional & integrative genomics* 11 (3), pp. 479–490. DOI: 10.1007/s10142-011-0219-2.
- Stein, Nils; Perovic, Dragan; Kumlehn, Jochen; Pellio, Bettina; Stracke, Silke; Streng, Stefan et al. (2005): The eukaryotic translation initiation factor 4E confers multiallelic recessive Bymovirus resistance in *Hordeum vulgare* (L.). In *The Plant journal : for cell and molecular biology* 42 (6), pp. 912–922. DOI: 10.1111/j.1365-313X.2005.02424.x.
- Steinhorst, Leonie; Kudla, Jörg (2013): Calcium and reactive oxygen species rule the waves of signaling. In: *Plant physiology* 163 (2), S. 471–485. DOI: 10.1104/pp.113.222950.
- Sternberg, Samuel H.; Redding, Sy; Jinek, Martin; Greene, Eric C.; Doudna, Jennifer A. (2014): DNA interrogation by the CRISPR RNA-guided endonuclease Cas9. In *Nature* 507 (7490), pp. 62–67. DOI: 10.1038/nature13011.
- STUDENT (1908): THE PROBABLE ERROR OF A MEAN). In *Biometrika*, Volume 6, Issue 1, pp. 1–25, DOI:10.1093/biomet/6.1.1

- Sturtevant, A. H. (1913): The linear arrangement of six sex-linked factors in *Drosophila*, as shown by their mode of association. In *J. Exp. Zool.* 14 (1), pp. 43–59. DOI: 10.1002/jez.1400140104.
- Sun, Tao; Wang, Yan; Wang, Meng; Li, Tingting; Zhou, Yi; Wang, Xiatian et al. (2015): Identification and comprehensive analyses of the CBL and CIPK gene families in wheat (*Triticum aestivum* L.). In *BMC plant biology* 15, p. 269. DOI: 10.1186/s12870-015-0657-4.
- SUTTON, WALTER S. (1903): THE CHROMOSOMES IN HEREDITY. In *The Biological Bulletin* 4 (5), pp. 231–250. DOI: 10.2307/1535741.
- Tanksley, S. D.; McCouch, S. R. (1997): Seed banks and molecular maps: unlocking genetic potential from the wild. In *Science (New York, N. Y.)* 277 (5329), pp. 1063–1066. DOI: 10.1126/science.277.5329.1063.
- Thomson, Michael J. (2014): High-Throughput SNP Genotyping to Accelerate Crop Improvement. In *Plant Breed. Biotech.* 2 (3), pp. 195–212. DOI: 10.9787/PBB.2014.2.3.195.
- Thorvaldsdóttir, Helga; Robinson, James T.; Mesirov, Jill P. (2013): Integrative Genomics Viewer (IGV): high-performance genomics data visualization and exploration. In *Briefings in bioinformatics* 14 (2), pp. 178–192. DOI: 10.1093/bib/bbs017.
- Ueguchi-Tanaka, Miyako; Ashikari, Motoyuki; Nakajima, Masatoshi; Itoh, Hironori; Katoh, Etsuko; Kobayashi, Masatomo et al. (2005): GIBBERELLIN INSENSITIVE DWARF1 encodes a soluble receptor for gibberellin. In *Nature* 437 (7059), pp. 693–698. DOI: 10.1038/nature04028.
- van Berloo, Ralph (2008): GGT 2.0: versatile software for visualization and analysis of genetic data. In *The Journal of heredity* 99 (2), pp. 232–236. DOI: 10.1093/jhered/esm109.
- Varshney, Rajeev K.; Bohra, Abhishek; Yu, Jianming; Graner, Andreas; Zhang, Qifa; Sorrells, Mark E. (2021): Designing Future Crops: Genomics-Assisted Breeding Comes of Age. In *Trends in plant science* 26 (6), pp. 631–649. DOI: 10.1016/j.tplants.2021.03.010.
- Varshney, Rajeev K.; Nayak, Spurthi N.; May, Gregory D.; Jackson, Scott A. (2009): Next-generation sequencing technologies and their implications for crop genetics and breeding. In *Trends in biotechnology* 27 (9), pp. 522–530. DOI: 10.1016/j.tibtech.2009.05.006.
- Vikhe, Parimal; Venkatesan, Suhasini; Chavan, Ajit; Tamhankar, Shubhada; Patil, Ravindra (2019): Mapping of dwarfing gene Rht14 in durum wheat and its effect on seedling vigor, internode length and plant height. In *The Crop Journal* 7 (2), pp. 187–197. DOI: 10.1016/j.cj.2018.11.004.
- Vos, P.; Hogers, R.; Bleeker, M.; Reijans, M.; van de Lee, T.; Hornes, M. et al. (1995): AFLP: a new technique for DNA fingerprinting. In *Nucleic acids research* 23 (21), pp. 4407–4414. DOI: 10.1093/nar/23.21.4407.
- Walkowiak, Sean; Gao, Liangliang; Monat, Cecile; Haberer, Georg; Kassa, Muluaalem T.; Brinton, Jemima et al. (2020): Multiple wheat genomes reveal global variation in modern breeding. In *Nature* 588 (7837), pp. 277–283. DOI: 10.1038/s41586-020-2961-x.

- Wang, Yanpeng; Cheng, Xi; Shan, Qiwei; Zhang, Yi; Liu, Jinxing; Gao, Caixia; Qiu, Jin-Long (2014): Simultaneous editing of three homoeoalleles in hexaploid bread wheat confers heritable resistance to powdery mildew. In *Nature biotechnology* 32 (9), pp. 947–951. DOI: 10.1038/nbt.2969.
- Wang, Sheng-Shan; Chung, Chia-Lin; Chen, Kai-Yi; Chen, Rong-Kuen (2020): A Novel Variation in the FRIZZLE PANICLE (FZP) Gene Promoter Improves Grain Number and Yield in Rice. In *Genetics* 215 (1), pp. 243–252. DOI: 10.1534/genetics.119.302862.
- Wang, Yaping; Habekuß, Antje; Jayakodi, Murukarthick; Mascher, Martin; Snowdon, Rod J.; Stahl, Andreas et al. (2022): High-Resolution Mapping of Barley mild mosaic virus Resistance Gene rym15. In *Frontiers in plant science* 13, p. 908170. DOI: 10.3389/fpls.2022.908170.
- Wang, Yan; Sun, Tao; Li, Tingting; Wang, Meng; Yang, Guangxiao; He, Guangyuan (2016): A CBL-Interacting Protein Kinase TaCIPK2 Confers Drought Tolerance in Transgenic Tobacco Plants through Regulating the Stomatal Movement. In *PLoS one* 11 (12), e0167962. DOI: 10.1371/journal.pone.0167962.
- Wang, Yunhao; Zhao, Yue; Bollas, Audrey; Wang, Yuru; Au, Kin Fai (2021): Nanopore sequencing technology, bioinformatics and applications. In *Nature biotechnology* 39 (11), pp. 1348–1365. DOI: 10.1038/s41587-021-01108-x.
- Watanabe, Nobuyoshi; Fujii, Youko; Kato, Noriko; Ban, Tomohiro; Martinek, Petr (2006): Microsatellite mapping of the genes for brittle rachis on homoeologous group 3 chromosomes in tetraploid and hexaploid wheats. In *Journal of applied genetics* 47 (2), pp. 93–98. DOI: 10.1007/BF03194606.
- WATSON, J. D.; CRICK, F. H. (1953): Molecular structure of nucleic acids; a structure for deoxyribose nucleic acid. In *Nature* 171 (4356), pp. 737–738. DOI: 10.1038/171737a0.
- Weber, J. L.; May, P. E. (1989): Abundant class of human DNA polymorphisms which can be typed using the polymerase chain reaction. In *American journal of human genetics* 44 (3), pp. 388–396.
- Wickham, Hadley (2009): ggplot2. Elegant graphics for data analysis. New York: Springer (Use R). Available online at <https://ebookcentral.proquest.com/lib/kxp/detail.action?docID=511468>.
- Wiedenheft, B., Sternberg, S. H., and Doudna, J. A. (2012). RNA-guided genetic silencing systems in bacteria and archaea. *Nature* 482, 331–338. doi: 10.1038/nature10886
- Wu, Qihong; Chen, Yongxing; Xie, Jingzhong; Dong, Lingli; Wang, Zhenzhong; Lu, Ping et al. (2021): A 36 Mb terminal deletion of chromosome 2BL is responsible for a wheat semi-dwarf mutation. In *The Crop Journal* 9 (4), pp. 873–881. DOI: 10.1016/j.cj.2020.06.015.
- Xie, Weilong; Nevo, Eviatar (2008): Wild emmer: genetic resources, gene mapping and potential for wheat improvement. In *Euphytica* 164 (3), pp. 603–614. DOI: 10.1007/s10681-008-9703-8.
- Xu, Xun; Pan, Shengkai; Cheng, Shifeng; Zhang, Bo; Mu, Desheng; Ni, Peixiang et al. (2011): Genome sequence and analysis of the tuber crop potato. In *Nature* 475 (7355), pp. 189–195. DOI: 10.1038/nature10158.



- Xue, Huidan; Gao, Xiang; He, Peng; Xiao, Guanghui (2022): Origin, evolution, and molecular function of DELLA proteins in plants. In *The Crop Journal* 10 (2), pp. 287–299. DOI: 10.1016/j.cj.2021.06.005.
- Yan, L.; Fu, D.; Li, C.; Blechl, A.; Tranquilli, G.; Bonafede, M. et al. (2006): The wheat and barley vernalization gene VRN3 is an orthologue of FT. In *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America* 103 (51), pp. 19581–19586. DOI: 10.1073/pnas.0607142103.
- Yan, L.; Helguera, M.; Kato, K.; Fukuyama, S.; Sherman, J.; Dubcovsky, J. (2004): Allelic variation at the VRN-1 promoter region in polyploid wheat. In: *TAG. Theoretical and applied genetics. Theoretische und angewandte Genetik* 109 (8), S. 1677–1686. DOI: 10.1007/s00122-004-1796-4.
- Yan, L.; Loukoianov, A.; Tranquilli, G.; Helguera, M.; Fahima, T.; Dubcovsky, J. (2003): Positional cloning of the wheat vernalization gene VRN1. In *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America* 100 (10), pp. 6263–6268. DOI: 10.1073/pnas.0937399100.
- Yan, Liuling; Loukoianov, Artem; Blechl, Ann; Tranquilli, Gabriela; Ramakrishna, Wusirika; SanMiguel, Phillip et al. (2004): The wheat VRN2 gene is a flowering repressor down-regulated by vernalization. In *Science (New York, N.Y.)* 303 (5664), pp. 1640–1644. DOI: 10.1126/science.1094305.
- Ye, Heng; Beighley, Donn H.; Feng, Jiuhuan; Gu, Xing-You (2013): Genetic and physiological characterization of two clusters of quantitative trait Loci associated with seed dormancy and plant height in rice. In *G3 (Bethesda, Md.)* 3 (2), pp. 323–331. DOI: 10.1534/g3.112.005041.
- Yi, Xin; Jiang, Zhengning; Hu, Wenjing; Zhao, Yun; Bie, Tongde; Gao, Derong et al. (2017): Development of a kompetitive allele-specific PCR marker for selection of the mutated Wx-D1d allele in wheat breeding. In: *Plant Breeding* 136 (4), S. 460–466. DOI: 10.1111/pbr.12504.
- Zanke, Christine D.; Ling, Jie; Plieske, Jörg; Kollers, Sonja; Ebmeyer, Erhard; Korzun, Viktor et al. (2014): Whole genome association mapping of plant height in winter wheat (*Triticum aestivum* L.). In *PloS one* 9 (11), e113287. DOI: 10.1371/journal.pone.0113287.
- Zhang, Jiazi; Xiong, Hongchun; Guo, Huijun; Li, Yuting; Xie, Xiaomei; Xie, Yongdun et al. (2021): Identification of the Q Gene Playing a Role in Spike Morphology Variation in Wheat Mutants and Its Regulatory Network. In *Frontiers in plant science* 12, p. 807731. DOI: 10.3389/fpls.2021.807731.
- Zhang, Xuteng; Karim, Hassan; Feng, Xiuqin; Lan, Jingyu; Tang, Huaping; Guzmán, Carlos et al. (2022): A single base change at exon of Wx-A1 caused gene inactivation and starch properties modified in a wheat EMS mutant line. In *Journal of the science of food and agriculture* 102 (5), pp. 2012–2022. DOI: 10.1002/jsfa.11540.
- Zhou, Wei; Wu, Shasha; Ding, Mingquan; Li, Jingjuan; Shi, Zhaobin; Wei, Wei et al. (2016): Mapping of Ppd-B1, a Major Candidate Gene for Late Heading on Wild Emmer Chromosome Arm 2BS and Assessment of Its Interactions with Early Heading QTLs on 3AL. In *PloS one* 11 (2), e0147377. DOI: 10.1371/journal.pone.0147377.

- Zhou, Xiaogen; Zheng, Wei; Li, Yang; Pearce, Robin; Zhang, Chengxin; Bell, Eric W. et al. (2022): I-TASSER-MTD: a deep-learning-based platform for multi-domain protein structure and function prediction. In *Nature protocols* 17 (10), pp. 2326–2353. DOI: 10.1038/s41596-022-00728-0.
- Zhu, Jian-Kang (2016): Abiotic Stress Signaling and Responses in Plants. In *Cell* 167 (2), pp. 313–324. DOI: 10.1016/j.cell.2016.08.029.
- Zhu, Shan; Zhou, Xiaoping; Wu, Xiaomei; Jiang, Zhonghao (2013): Structure and function of the CBL–CIPK Ca<sup>2+</sup>-decoding system in plant calcium signaling. In *Plant Mol Biol Rep* 31 (6), pp. 1193–1202. DOI: 10.1007/s11105-013-0631-y.

## 7 Abbildungsverzeichnis

**Abbildung 1: Ursprungszentrum und Allopolyploidisierungsereignisse, die für die Evolution des Brot- und Hartweizens erforderlich waren.**

**Abbildung 2: Osmotischer Stress und beteiligte pflanzliche Stoffwechselprozesse.**

**Abbildung 3: Zitierte Nutzung von Wildsorten für Züchtungszwecke (Demewolf et al., 2017).**

**Abbildung 4: Pedigree der NIL-U-2B-1 und NIL-7A-2.**

**Abbildung 5: Der genetische Kartierungsprozess.**

**Abbildung 6: Etablierung der BC4F4 Sub-NILs.**

**Abbildung 7: Split-Block-Design, das auf der experimentellen Farm der Hebräischen Universität Jerusalem in Rehovot, Israel, genutzt wurde (modifiziert nach Deblieck et al., 2022).**

**Abbildung 8: LemnaTec-Anlage am Leibniz-Institut Pflanzengenetik und Kulturpflanzenforschung in Gatersleben (modifiziert nach Deblieck et al., 2022).**

**Abbildung 9: Auswertung der phänotypischen Daten.**

**Abbildung 10: Kreuzungsschemata, die mittels GTM untersucht werden können (modifiziert nach Deblieck et al., 2020).**

**Abbildung 11: Grafische Nutzeroberfläche bzw. Prozessdiagramm, das die Nutzung der Software GenoTypeMapper beschreibt.**

**Abbildung 12: Das Menü *Graphical Genotyping* der Software GenoTypeMapper.**

**Abbildung 13: Grafische Benutzeroberfläche von GenoTypeMapper (modifiziert nach Deblieck et al., 2020).**

**Abbildung 14: Geschwindigkeit der Software GenoTypeMapper in Abhängigkeit von der Anzahl untersuchter Genotypen und Markern.**

**Abbildung 15: Markerpolymorphismen zwischen der Wildemmerakzession G18-16, dem Durum-Kreuzungselter Langdon und den Eliteeltern Uzan (Hartweizen) und BarNir (Brotweizen).**

**Abbildung 16: Grafische Darstellung der Genotypisierung der NIL-U-2B-1 (modifiziert nach Deblieck et al., 2020).**

**Abbildung 17: Grafische Darstellung der Genotypisierung der NIL-B-7A-2 (modifiziert nach Deblieck et al., 2020).**

**Abbildung 18: Tage bis zur Blüte, Kornertrag, Tausendkorngewicht und berechnete Kornzahl der 29 selektierten Sub-NILs im Jahr 2017 (modifiziert nach Deblieck et al., 2022).**

**Abbildung 19: Dichteplots der Population UzxNIL-U-2B-1 (modifiziert nach Deblieck et al., 2022).**

**Abbildung 20: Dichteplots der Population BNxNIL-B-7A-2 (modifiziert nach Deblieck et al., 2022).**

**Abbildung 21: Kornertrag und berechnete Kornzahl von Sub-NILs der Population UzxNIL-U-2B-1 mit den Wild- bzw. Eliteelterallelen der Marker Tdurum\_contig27976\_414 und Gene\_1741\_103 (modifiziert nach Deblieck et al., 2022).**

**Abbildung 22: Vernalisation und Fotoperiodizität bei der Gerste (modifiziert nach Kitchen & Allaby, 2013).**

**Abbildung 23: G18-16-Introgression auf Chromosom 2B in der NIL-U-2B-1 sowie NIL-U-2B-3.**

**Abbildung 24: Syntenische Genomregionen der QTL-Region 2B im Reis.**

## 8 Tabellenverzeichnis

**Tabelle 1: Bestimmung der Allelherkunft in den NILs mittels der Genotypdaten der Kreuzungseltern** (modifiziert nach Deblieck et al., 2020).

**Tabelle 2: Phänotypische Merkmale, die im Rahmen dieser Arbeit erfasst wurden** (modifiziert nach Deblieck et al., 2022).

**Tabelle 3: Das Standardeingabeformat von GenoTypeMapper** (Deblieck et al., 2020).

**Tabelle 4: Introgressionen aus G18-16 und Langdon in der NIL-U-2B-1 und NIL-B-7A-2.**

**Tabelle 5: Für die Pflanzenzüchtung relevante Gene, zugehörige Primer und zugeordnete Positionen im Wildemmergenom der Akzession Zavitan.**

**Tabelle 6: Auf Chromosom 1A bis 7B kartierte iSelect-Marker.**

**Tabelle 7: Auf Chromosom 2B und 7A detektierte QTL für die Merkmale Ernteeindex, Kornertrag und Trockenmasse der Ähre.**

**Tabelle 8: Genotypdaten homozygoter Sub-NILs der Kreuzung UzxBNIL-U-2B-1** (modifiziert nach Deblieck et al., 2022).

**Tabelle 9: Genotypdaten homozygoter Sub-NILs der Kreuzung BNxBNIL-U-7A-2.**

**Tabelle 10: Gepaarte t-Tests bonitierter Merkmale unter Kontroll- und Trockenstressbedingungen der Population UzxBNIL-U-2B-1** (modifiziert nach Deblieck et al., 2022).

**Tabelle 11: Gepaarte t-Tests bonitierter Merkmale unter Kontroll- und Trockenstressbedingungen der Population BNxBNIL-B-7A-2.**

**Tabelle 12: Pearson-Korrelationskoeffizienten der Merkmale der Population UzxBNIL-U-2B-1** (vgl. Deblieck et al., 2022).

**Tabelle 13: Pearson-Korrelationskoeffizienten der Merkmale der Population BNxBNIL-B-7A-2.**

**Tabelle 14: Signifikante QTL im Zielintervall auf Chromosom 2B in den Jahren 2017, 2018 und 2019** (modifiziert nach Deblieck et al., 2022).

**Tabelle 15. QTL-LOD-Werte entlang des Zielintervalls auf Chromosom 2B**

(modifiziert nach Deblieck et al., 2022).

**Tabelle 16: Mittelwerte von Sub-NILs der Population UzxNIL-U-2B-1 mit den Wild- bzw. Eliteelterallelen der Marker mit den Wild- bzw. Eliteelterallelen der Marker Tdurum\_contig27976\_414 und Gene\_1741\_103** (modifiziert nach Deblieck et al., 2022).

**Tabelle 17: Mittelwerte der Halmlänge der Sub-NIL-Population BNxNIL-B-7A-2 in den Jahren 2017, 2018 und 2019.**

**Tabelle 18: Halmlänge von BarNir, der NIL-B-7A-2, G18-16 und Langdon in den Versuchsjahren 2014 und 2015** (modifiziert nach Merchuk-Ovnat et al., 2016).

**Tabelle 19: Marker in der NIL-7A-B-2, deren Allelherkunft nicht bestimmt werden konnte.**

## 9 Abkürzungsverzeichnis

|       |   |
|-------|---|
| ABA   | Abscisic acid   |
| AFLPs | Amplified fragment length polymorphism                  |
| ANOVA | Analysis of variance                                    |
| BLAST | Basic local alignment search tool                       |
| CAPS  | Cleaved amplified fragment polymorphism                 |
| cm    | Zentimeter  |
| cM    | CentiMorgan   |
| CWR   | Crop wild relatives                                     |
| DAS   | Days after sowing                                       |
| DArT  | Diversity-Array-Technologie                             |
| DNA   | Desoxyribonucleic acid                                  |
| EULA  | End User License Agreement                              |
| FAO   | Food and Agriculture Organization of the United Nations |
| g     | Gramm   |
| GBS   | Genotyping by sequencing                                |
| GTM   | GenoTypeMapper  |
| GUI   | Graphical User Interface                                |
| GWAS  | Genome wide association mapping                         |
| HTP   | High-throughput phenotyping                             |
| HUJI  | Hebrew University of Jerusalem                          |
| JAR   | Java Archive  |
| JRE   | Java runtime environment                                |
| JVM   | Java virtual machine                                    |
| KASP  | Kompetitive allelspezifische PCR                        |
| LOD   | Logarithm of odds                                       |
| MAS   | Marker assisted selection                               |
| Mbp   | Millionen Basenpaare                                    |
| Mio.  | Millionen   |
| NIL   | Near isogenic line                                      |
| PCA   | Principal component analysis                            |
| PCR   | Polymerase chain reaction                               |
| PEV   | Percentage of explained variance                        |

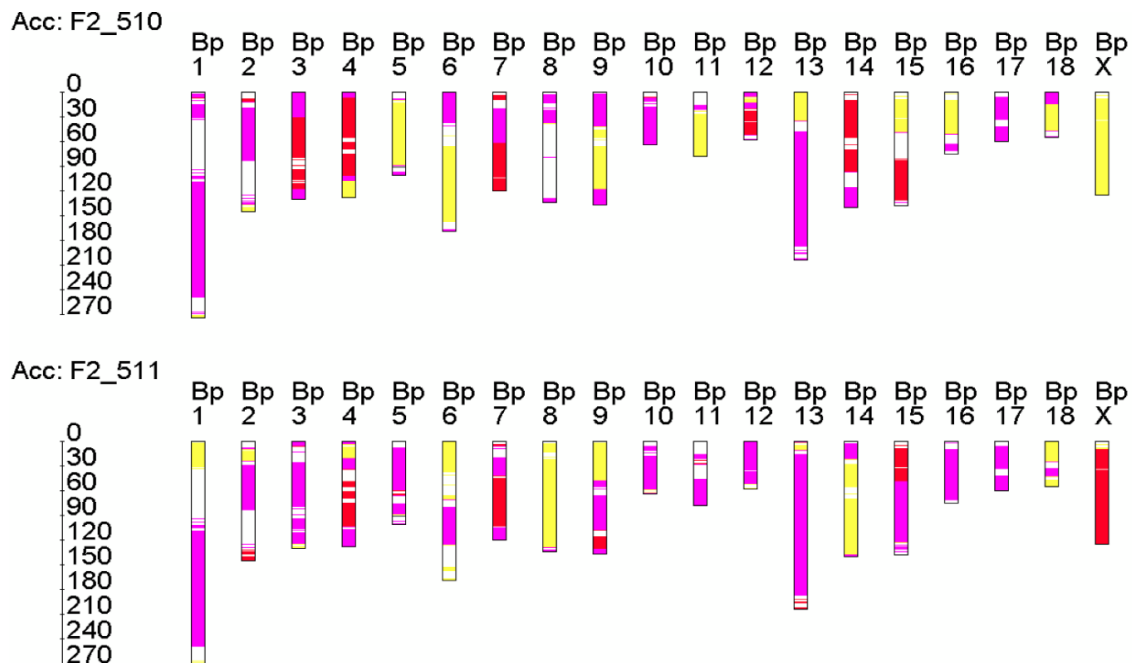
## Abkürzungsverzeichnis

---

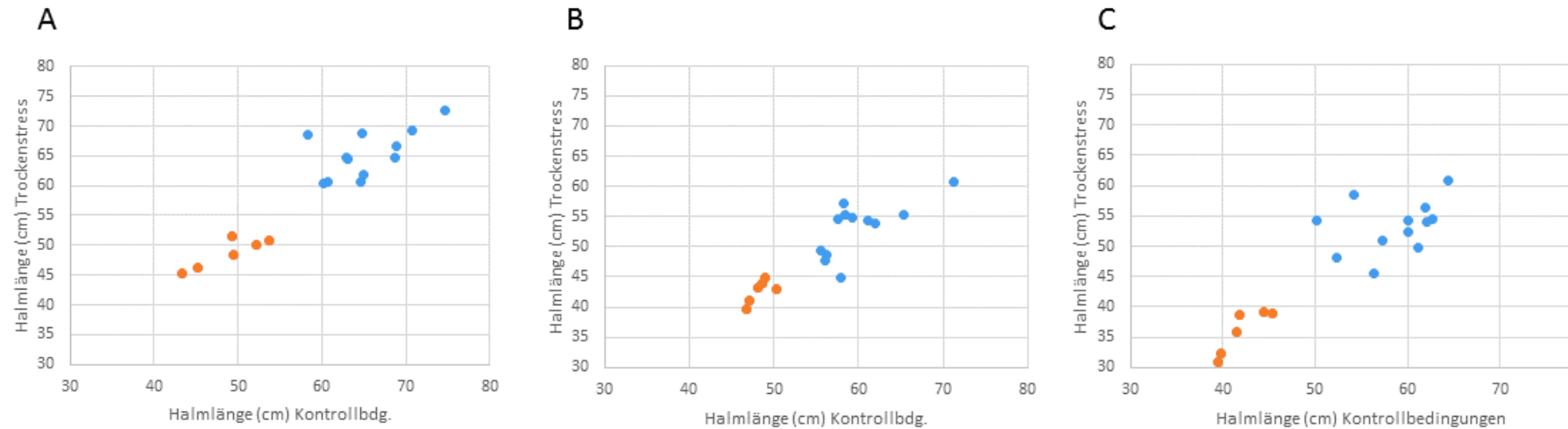
|          |   |
|----------|---|
| PGR      | Pflanzengenetische Ressourcen                                 |
| QTL      | Quantitative trait loci                                       |
| QQ-plots | Quantil-Quantil-Diagramme                                     |
| RAM      | Random access memory  |
| RFLP     | Restriktionsfragmentlängenpolymorphismen                      |
| RIL      | Rekombinante Inzuchtlinie                                     |
| SNP      | Single nucleotide polymorphism                                |
| SSR      | Simple sequence repeats                                       |
| Sub-NIL  | NIL, die nur ein Bruchstück der Introgression einer NIL trägt |
| TKG      | Tausendkorngewicht  |
| TILLING  | Target induced local lesions                                  |
| t        | Tonnen  |



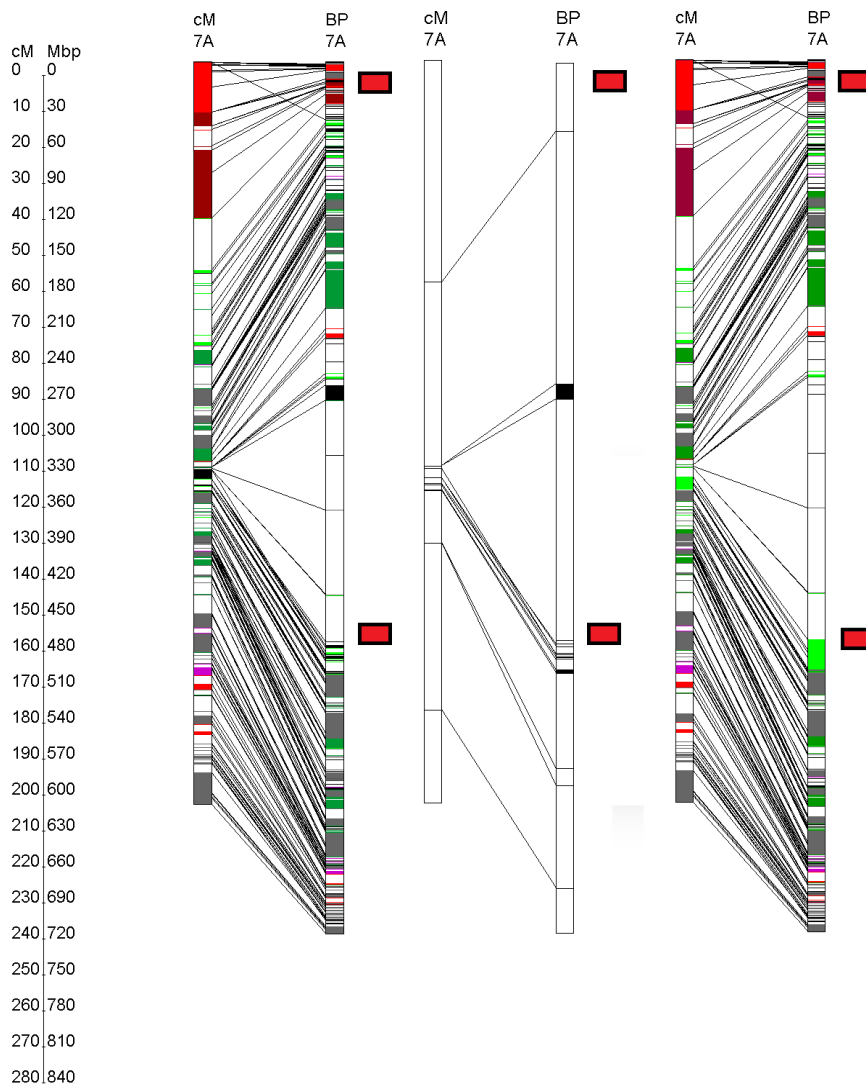
## 10 Anhang



**Abbildung S1: Genotypisierung von zwei F2-Schweinen.** Die F2-Eber entstanden aus einer Kreuzung eines Minipig (MP) (Eber) und eines Yorkshire (YS) (Sau). In der Elterngeneration wurden sieben reinrassige Yorkshire (YY)-Sauen mit 14 Göttinger Minipig (MM)-Ebern verpaart. Unter den YM-F1-Tieren wurden 26 Jungsaunen und 13 Eber gedeckt, um 279 F2-Tiere zu produzieren. Genotypische Daten (60 000 iSelect-Daten) für die Tiere wurden zuvor veröffentlicht und in dieser Analyse wiederverwendet (Pant et al., 2015). Marker mit fehlenden Genotypinformationen wurden entfernt. Anschließend wurden Konsensus-Markerinformationen von den elterlichen YS-Ebern und MP-Jungsaunen extrahiert. Auf der Y-Achse sind die Basenpaarposition (Mbp) dargestellt. Das Y-Chromosom wurde nicht dargestellt, da es vom MP abstammen muss. Auf der Y-Achse sind die Positionen in Millionen Basenpaaren Mbp angegeben. Rot = Allele der Sau, Gelb = Allele des Ebers und Lila = Heterozygote Regionen.



**Abbildung S2: Halmlänge der 18 Genotypen der BNxNIL-B-7A-2 Population.** Es wurden pro Datenpunkt jeweils fünf Replikate unter Trockenstress- und Kontrollbedingungen getestet. Dargestellt sind auf der X und Y- Achse jeweils die Mittelwerte der 18 Genotypen der BNxNIL-B-7A-2 Population. A, B und C illustrieren die Werte aus den Jahren 2017, 2018 und 2019. Die Genotypen 086-C, 091-F, 094-H, 106-D, 122-G, 176-B, 186-C, 227-A, 256-B, 448-A, 494-E (blau) weisen in allen Jahren ein höheres Halmlängenwachstum auf, als die Genotypen 065-C, 296-C, 304-B, 517-D, 554-A (orange).



**Abbildung S3: G18-16-Introgressionen auf Chromosom 7A in der NIL-B-7A-2** (modifiziert nach Deblieck et al., 2020). Hellgrün, hellrot und grau markierte Regionen wurden jeweils aus dem Wildelter (G18-16), Langdon oder Uzan in die NIL-U-2B-1 übertragen. Dunkelgrüne bzw. dunkelrote Regionen könnten sowohl von Uzan als auch aus G18-16 (dunkelgrün) oder Langdon (dunkelrot) übertragen worden sein. Pink markierte Regionen weisen auf heterozyote Allele der NIL hin. Rote Rechtecke neben den Chromosomen markieren die Position der flankierenden Marker gwm60 und Xwmc596 (Peleg et al., 2009). Diese wurden zuvor genutzt, um den QTL vom Wildelter in die NIL-U-2B-1 zu übertragen. In der Abbildung links wurden alle verfügbaren Marker untersucht. Die Allelherkunft von sechzehn Marker konnten keinem Elter zugeordnet werden. Diese Marker wurden in der mittleren Abbildung dargestellt. Die rechte Abbildung stellt das Ergebnis einer wiederholten Analyse mittels GTM, exklusiv der 16 Marker, dar .

## Anhang

**Tabelle S1: Primersequenzen molekularer Marker der QTL-Regionen 2BS und 7AS.**

| QTL    | iSelect-Marker *        | cM    |      | BP         |           | Vortwärtsprimer        |                          |                       | Enz.   | Typ  |
|--------|-------------------------|-------|------|------------|-----------|------------------------|--------------------------|-----------------------|--------|------|
|        |                         | Pos.  | Dis. | Pos.       | Dist.     | Vorwärtsprimer 1*      | Vorwärtsprimer 2*        | Reverser Primer       |        |      |
| QTL 7A | Kukri rep c70864_329    | 39    |      | 50.891.248 |           | CCTTGGTTGCTTGCTCCA     | CCTTGGTTGCTTGCTCCG       | ATCCGCCGTTTCCTCAGG    |        | KASP |
|        | BS00007429_51           | 41,21 | 2.21 | 56.333.297 | 5.442049  | TCAGTGGTAGCTCATCAGGAA  | TCAGTGGTAGCTCATCAGGAG    | GCACCACAACCGATTGCC    |        | KASP |
|        | Kukri_c38390_218        | 44,15 | 2.94 | 57.436.526 | 1.103229  | CGTGACTTCTCAGCGAAA-    | -                        | GCCTCTCGATTTGCTTCCAG  | MWOI   | CAPS |
|        | Ku_c5938_4221           | 47,35 | 3.2  | 70.497.153 | 13.060627 | CGCCACTCTTCAAAGCACT    | CGCCACTCTTCAAAGCACC      | ACCGCCTAGCTAGGTATGCT  |        | KASP |
|        | Excalibur_c34807_431    | 47,74 | 0.39 | 71.202.166 | 0.705013  | GCTAAGGTCGCGTTCACTA    | GCTAAGGTCGCGTTCACTC      | CGCTATAGGTAATCAAT-    |        | KASP |
|        | Kukri_c57674_324        | 52,09 | 2.13 | 75.915.520 | 3.152993  | AGGATTGCATTGTTT-       | -                        | GCTTATGCCAACT-        |        | SSR  |
|        | BS00040929_51           | 53,68 | 1.59 | 78.811.091 | 2.895571  | CCCCCTGACCAGCAAAGA     | CCCCCTGACCAGCAAAGG       | TCTTTCTGAAGGTCTAATT-  |        | KASP |
| QTL 2B | Tdurum_contiq27976_414  | 32,88 |      | NA         |           | CCTTGGTTGCTTGCTCCA     | CCTTGGTTGCTTGCTCCG       | ATCCGCCGTTTCCTCAGG    |        | KASP |
|        | Kukri rep c69803_82     | 35,44 | 2.56 | 77156243   | NA        | AGGTTTCAGCTGAGAGATGTGA | AGGTTTCAGCTGAGAGATGTGG   | TCTGAATCTCTCTCCAATAG- |        | KASP |
|        | BS00010055_51           | 36,48 | 1.04 | 80465477   | 3.309234  | TCAGAGATAGTTCTTTAGCTT- | TCAGAGATAGTTCTTTAGCTTCTC | GAGGAGTTGAATGATCCTGCT |        | KASP |
|        | Kukri c6227780          | 39,36 | 2.88 | 96011570   | 15.546093 | GCGGCCTGTTCAAGTATTA-   | -                        | ATTACAAGTTCAC-        | BSTAPI | CAPS |
|        | Gene-1741_103           | 40,75 | 1.39 | 97707169   | 1.695599  | GCAGCTTCCACGGTTCATA    | GCAGCTTCCACGGTTCATG      | AGACGCATACCATGAGCAAA  |        | KASP |
|        | Tdurum_contiq30989_79   | 42,15 | 1.4  | 104149860  | 6.442691  | CGCCCTACACCCTTATGTACT  | CGCCCTACACCCTTATGTACC    | GCCATGGTACCAATCTAGAG- |        | KASP |
|        | Tdurum_contiq_68806_677 | 43,95 | 1.8  | 111425302  | 7.275442  | TGCAACTTTAGTTCAGCTCTT- | TGCAACTTTAGTTCAGCTCTTTTC | TCTGTGTTTGCTGTATATA-  |        | KASP |
|        | Rac875_c2138_474        | 46,81 | 2.86 | 122506008  | 11.080706 | GTGATTGCAGGAGATTGTAA   | -                        | TCCCTTCCCTGCAAAC-     | Tsp451 | CAPS |
|        | Kukri_c46621_14         | 47,86 | 1.05 | 128064567  | 5.558559  | CAGGGTGGACGACGGCAT     | CAGGGTGGACGACGGCAC       | AAGCACACCAATCCTTTT-   |        | KASP |
|        | wspn_Ex_c6537_1133876   | 48,55 | 0.69 | 138099492  | 10.034925 | ACTATCCAGCACCGGAGAAT   | ACTATCCAGCACCGGAGAAC     | GTGCACCAATTCAGCGTT    |        | KASP |

\* cm= centiMorgan; BP = Basenpaare; Dist = Distanz des Primers zum vorherigen Primer in BP, Enz = Enzym, das verwendet wurde; KASP = Kompetitive Allelspezifische PCR; CAPS = mittels Restriktionsenzymen verdaute amplifizierte Längenpolymorphismen (*cleaved amplified fragment polymorphism*) [CAPS]. Flankierende molekulare Marker wurden grau angefarbt und alternative Allele am 3' Ende der kompetitiven KASP Vorwärtsprimer unterstrichen, QTL = Quantitative trait loci. Bei KASP Primern wurde am 5' Ende der Vorwärtsprimer die Sequenzen \*GAAGGTGACCAAGTTCATGC (Vorwärtsprimer 1) \*\* GAAGGTCGAGTCAACGGAT (Vorwärtsprimer 2) hinzugefügt (vgl. auch Ramirez-Gonzalez et al., 2015; Yi et al., 2017).

**Tabelle S2: PCR-Programme für die KASP-Marker der QTL-Region 2BS und 7AS.**

| QTL | Marker                 | Start     |           | 15 Zyklen * |            | 40 Zyklen |           | Ende     |
|-----|------------------------|-----------|-----------|-------------|------------|-----------|-----------|----------|
|     |                        | Schritt 1 | Schritt 2 | Schritt 1   | Schritt 2* | Schritt 1 | Schritt 2 | Schritt1 |
|     | Zeit                   | 1 Min     | 10 Min    | 20 s        | 1 Min      | 20 S      | 1 min     | 1 min    |
| 7AS | Kukri_rep_c70864_329   | 30 °C     | 94 °C     | 94 °C       | 61 °C      | 94 °C     | 57,0 °C   | 30 °C    |
|     | BS00007429_51          | 30 °C     | 94 °C     | 94 °C       | 61 °C      | 94 °C     | 57,2 °C   | 30 °C    |
|     | Ku_c5938_4221          | 30 °C     | 94 °C     | 94 °C       | 61 °C      | 94 °C     | 57,2 °C   | 30 °C    |
|     | Excalibur_c34807_431   | 30 °C     | 94 °C     | 94 °C       | 61 °C      | 94 °C     | 57,2 °C   | 30 °C    |
|     | BS00040929_51          | 30 °C     | 94 °C     | 94 °C       | 61 °C      | 94 °C     | 58,0°C    | 30 °C    |
| 2BS | Tdurum_contig27976_414 | 30 °C     | 94 °C     | 94 °C       | 61,0 °C    | 94 °C     | 57,2 °C   | 30 °C    |
|     | Kukri_c46621_143       | 30 °C     | 94 °C     | 94 °C       | 61,0 °C    | 94 °C     | 57,2 °C   | 30 °C    |
|     | BS00010055_51          | 30 °C     | 94 °C     | 94 °C       | 61,0 °C    | 94 °C     | 57,0 °C   | 30 °C    |
|     | RAC875_c3302_1411      | 30 °C     | 94 °C     | 94 °C       | 61,0 °C    | 94 °C     | 57,2 °C   | 30 °C    |
|     | Tdurum_contig30989_79  | 30 °C     | 94 °C     | 94 °C       | 61,0 °C    | 94 °C     | 57,0 °C   | 30 °C    |
|     | Kukri_c46621_143       | 30 °C     | 94 °C     | 94 °C       | 61,0 °C    | 94 °C     | 57,0 °C   | 30 °C    |

\*) Die Annealingtemperatur wurde nach jedem Schritt 2 um 4°C gesenkt.

**Tabelle S3: PCR-Programme der CAPS- und SSR-Marker der QTL-Region 2BS und 7AS.**

| PCR-Schritt   | Temperatur °C | Dauer |
|---------------|---------------|-------|
| Denaturierung | 94 °C         | 1 min |
| Annealing     | 58 °C         | 45 s  |
| Extension     | 72 °C         | 45s   |

\* Das PCR-Produkt des CAPS-Marker nahe des iSelect-Markers Kukri\_c38390\_218 ist 536 Bp groß. Ein Verdau mit MWOI (NEB Bioloabs, <https://www.neb-online.de/>) führt zu zwei Produkten mit einer Größe von 331 und 205 BP. Der SSR-Marker nahe des iSelect-Markers Kukri\_c57674\_324 besitzt eine Produktgröße von 733 BP und eine Insertion von etwa 70 BP (vgl. Tabelle S2).

**Tabelle S4: Genetische und physikalische Positionen der flankierenden Mikrosatelliten- und DArT-Marker der QTL-Regionen 2BS und 7AS (modifiziert nach Deblieck et al., 2020).**

| QTL                         | Marker*            | cM** | Primer | Genetische Position **                           | Basenpaarpos. * |             |
|-----------------------------|--------------------|------|--------|--|-----------------|-------------|
| 2BS                         | <u>Xgwm1128(N)</u> | 24,8 | NA     | NA   | NA              | NA          |
|                             | <u>Xwmc35 (M)</u>  | 64,6 | AV     | NA   | 119.525.354     | 119.525.241 |
|                             | <u>Xgwm1177(S)</u> | 78,9 | NA     | RAC875_c9122_395 (Up)<br>Kukri_c110148_53 (down) | 431.218.016     | 431.216.139 |
| <b>Size of the interval</b> |                    | 54,1 |        |  | >431.216.139    |             |
| 7AS                         | <u>gwm60(N)</u>    | 0    | AV     | NA   | 47.659.947      | 47.659.929  |
|                             |                    |      |        | NA   | 47.659.732      | 47.659.750  |
|                             | <u>Xwmc596(S)</u>  | 48   | AV     | NA   | 473.621.980     | 473.621.961 |
|                             |                    |      |        | NA   | 473.621.591     | 473.621.611 |
| <b>Size of the interval</b> |                    | 48,0 |        |  | 425.961.664     |             |

\*) Marker am nördlichen (N), südlichen (S) und in der Mitte (M) des QTL-Intervalls wurden für die Introgression der entsprechenden QTL-Fragmente in die nahen isogenen Linien verwendet (Merchuk-Ovnat et al., 2016). (NA = nicht verfügbar, AV = verfügbar). \*\*) Genetische Positionen stammen aus der Hartweizen-Konsensuskarte von Maccaferri et al., (2014). \*\*\*) Physikalische Positionen in der Wildemmerakzession Zavitan (Avni et al., 2017).

## Anhang

**Tabelle S5: Anzahl der Tage bis zur Blüte der Population Uz\*NIL-U-2B-1 im Versuchsjahr 2017.**

| Genotyp | Wdh. | Trockenstr. | Kontrollbdg. | Genotyp | Wdh. | Trockenstr. | Kontrollbdg. |
|---------|------|-------------|--------------|---------|------|-------------|--------------|
| 1004-B  | 1    | 70          | 71           | 1005-C  | 1    | 91          | 98           |
|         | 2    | 69          | 71           |         | 2    | 88          | 93           |
|         | 3    | 66          | 69           |         | 3    | 90          | 91           |
|         | 4    | 71          | 66           |         | 4    | 91          | 92           |
|         | NA   | NA          | NA           |         | 5    | 94          | 94           |
| 1121-B  | 1    | 80          | 80           | 1029-B  | 1    | 92          | 99           |
|         | 2    | 74          | 81           |         | 2    | 89          | 93           |
|         | 3    | NA          | 77           |         | 3    | 89          | 92           |
|         | 4    | 77          | 75           |         | 4    | 94          | 91           |
|         | 5    | 78          | 78           |         | 5    | 93          | 99           |
| 1145-C  | 1    | 72          | 75           | 1115-A  | 1    | 90          | 98           |
|         | 2    | 69          | 71           |         | 2    | 88          | 94           |
|         | 3    | 69          | 70           |         | 3    | 88          | 92           |
|         | 4    | 70          | 69           |         | 4    | 89          | 91           |
|         | 5    | 72          | 70           |         | 5    | 90          | 99           |
| 1174-B  | 1    | 77          | 80           | 1324-H  | 1    | 91          | 93           |
|         | 2    | 72          | 77           |         | 2    | 86          | 90           |
|         | 3    | 71          | 76           |         | 3    | 87          | 90           |
|         | 4    | 75          | 68           |         | 4    | 89          | 90           |
|         | 5    | 77          | 76           |         | 5    | 92          | 95           |
| 1336-E  | 1    | 70          | 72           | 1329-A  | 1    | 90          | 93           |
|         | 2    | 70          | 70           |         | 2    | 87          | 89           |
|         | 3    | 67          | 74           |         | 3    | 89          | 89           |
|         | 4    | 70          | 69           |         | 4    | 87          | 90           |
|         | 5    | 70          | 70           |         | 5    | 91          | 91           |
| 1353-C  | 1    | 79          | 81           | 1518-D  | 1    | 90          | 93           |
|         | 2    | 75          | 79           |         | 2    | 91          | 93           |
|         | 3    | 77          | 78           |         | 3    | 87          | 91           |
|         | 4    | 70          | 77           |         | 4    | 92          | 92           |
|         | 5    | 78          | 70           |         | 5    | 91          | 92           |
| 1403-D  | 1    | 77          | 78           | 1790-C  | 1    | 91          | 94           |
|         | 2    | 79          | 78           |         | 2    | 89          | 92           |
|         | 3    | 70          | 81           |         | 3    | 86          | 92           |
|         | 4    | 78          | 69           |         | 4    | 88          | 92           |
|         | 5    | 78          | 80           |         | 5    | NA          | 93           |
| 1431-G  | 1    | 70          | 81           | 1792-D  | 1    | 91          | 92           |
|         | 2    | 74          | 80           |         | 2    | 91          | 92           |
|         | 3    | 67          | 70           |         | 3    | 95          | 89           |
|         | 4    | 77          | 75           |         | 4    | 88          | 87           |
|         | 5    | 78          | 78           |         | 5    | 91          | 95           |
| 1488-A  | 1    | 73          | 73           | 1794-D  | 1    | 88          | 95           |
|         | 2    | 68          | 73           |         | 2    | 90          | 92           |
|         | 3    | 68          | 70           |         | 3    | 88          | 92           |
|         | 4    | 69          | 68           |         | 4    | 89          | 90           |
|         | 5    | 69          | 69           |         | 5    | 93          | 95           |
| 1539-A  | 1    | 68          | 72           | 1929-C  | 1    | 90          | 94           |
|         | 2    | 67          | 71           |         | 2    | 88          | 91           |
|         | 3    | 65          | 69           |         | 3    | 89          | 91           |
|         | 4    | 68          | 68           |         | 4    | 90          | 91           |
|         | 5    | 69          | 70           |         | 5    | 92          | 92           |
| 1557-G  | 1    | 79          | 84           |         |      |             |              |
|         | 2    | 77          | 82           |         |      |             |              |
|         | 3    | 74          | NA           |         |      |             |              |
|         | 4    | 80          | NA           |         |      |             |              |
|         | 5    | 82          | 82           |         |      |             |              |
| 1663-G  | 1    | 70          | 76           |         |      |             |              |
|         | 2    | 63          | 70           |         |      |             |              |
|         | 3    | 66          | 67           |         |      |             |              |
|         | 4    | 68          | 68           |         |      |             |              |
|         | NA   | NA          | NA           |         |      |             |              |
| 1688-C  | 1    | 69          | 71           |         |      |             |              |
|         | 2    | 66          | 70           |         |      |             |              |
|         | 3    | 65          | 68           |         |      |             |              |
|         | 4    | 69          | 68           |         |      |             |              |
|         | NA   | NA          | NA           |         |      |             |              |
| 1695-C  | 1    | 79          | 82           |         |      |             |              |
|         | 2    | 75          | 78           |         |      |             |              |
|         | 3    | 73          | 77           |         |      |             |              |
|         | 4    | 78          | 74           |         |      |             |              |
|         | 5    | 77          | 76           |         |      |             |              |

## Anhang

---

|        |    |    |    |
|--------|----|----|----|
| 1704-C | 1  | 69 | 77 |
|        | 2  | 71 | 76 |
|        | 3  | 65 | 72 |
|        | 4  | 73 | 71 |
|        | 5  | 68 | 68 |
| 1735-E | 1  | 71 | 72 |
|        | 2  | 69 | 71 |
|        | 3  | 68 | 70 |
|        | 4  | 75 | 70 |
|        | NA | NA | NA |
| 1761-D | 1  | 70 | 73 |
|        | 2  | 69 | 71 |
|        | 3  | 67 | 71 |
|        | 4  | 70 | 69 |
|        | NA | NA | NA |
| 1766-G | 1  | 69 | 73 |
|        | 2  | 68 | 72 |
|        | 3  | 68 | 69 |
|        | 4  | NA | 69 |
|        | 5  | 70 | NA |
| 1767-E | 1  | NA | 77 |
|        | 2  | 78 | 80 |
|        | 3  | 73 | 79 |
|        | 4  | 75 | 72 |
|        | NA | NA | NA |



**Tabelle S6: GBS Marker auf Chromosom 2A, die mit einem veränderten Blühzeitpunkt in Verbindung stehen.**

| Chromosom | Marker         | BP         | G18-16 | Langdon | Uzan | NIL-U-2B-1 | Gruppe 1 |       |       |       |       |       |       |       | Gruppe 2 |       |       |       |       |
|-----------|----------------|------------|--------|---------|------|------------|----------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|----------|-------|-------|-------|-------|
|           |                |            |        |         |      |            | 1766G    | 1761D | 1735F | 1663G | 1539A | 1336E | 1145C | 1121B | 1004B    | 1115A | 1029B | 1329A | 1929C |
| chr2A     | GBS_39.980.886 | 39.980.886 | T      | C       | C    | T          | C        | C     | C     | C     | C     | T     | C     | C     | C        | T     | T     | T     | T     |
| chr2A     | GBS_40.605.957 | 40.605.957 | G      | A       | A    | G          | A        | A     | A     | A     | A     | A     | A     | A     | A        | G     | G     | G     | G     |
| chr2A     | GBS_40.606.000 | 40.606.000 | G      | T       | T    | G          | T        | T     | T     | T     | T     | T     | T     | T     | T        | G     | G     | G     | G     |
| chr2A     | GBS_40.649.712 | 40.649.712 | T      | C       | C    | T          | C        | C     | C     | C     | C     | C     | C     | C     | C        | T     | T     | T     | T     |
| chr2A     | GBS_40.649.713 | 40.649.713 | C      | T       | T    | C          | T        | T     | T     | T     | T     | T     | T     | T     | T        | C     | C     | C     | C     |

BP = Basenpaarposition relativ zum sequenzierten Genom der Wildemmerakzession Zavitan (Avni et al., 2017). Es wurden zwei Gruppen ermittelt, die gemittelt 66.79 (Gruppe I) bzw. 91.22 (Gruppe II) Tage bis zur Blüte benötigen.

# Anhang

**Tabelle S7: Phänotypdaten der Population BNxNIL-7A-2.**

| Bedingung         | Versuchsjahr | Genotyp | Wiederholung | Halmhöhe (cm) | Hauptährenlänge (mm) | Anzahl Ährchen der Hauptähre | Kornzahl pro Ährchen der Hauptähre | TKG der Hauptähre (g) | GesamtBiomasse (g) | Kornertrag (g) | Ernteindex | Ähren pro Pflanze | Kornertrag pro Ähre (g) | Tausendkorngewicht (TKG) | Berechnete Kornzahl |
|-------------------|--------------|---------|--------------|---------------|----------------------|------------------------------|------------------------------------|-----------------------|--------------------|----------------|------------|-------------------|-------------------------|--------------------------|---------------------|
| Kontrollbedingung | 2017         | 065-C   | 1,00         | 46,30         | 88,50                | 12,30                        | 2,86                               | 56,70                 | 20,51              | 11,98          | 58,43      | 5,80              | 2,07                    | 53,36                    | 224,51              |
| Kontrollbedingung | 2017         | 065-C   | 2,00         | 63,00         | 107,10               | 16,70                        | 2,86                               | 56,99                 | 27,49              | 16,09          | 58,52      | 7,60              | 2,12                    | 54,13                    | 297,25              |
| Kontrollbedingung | 2017         | 065-C   | 3,00         | 52,30         | 106,10               | 16,00                        | 2,98                               | 53,85                 | 26,97              | 15,58          | 57,76      | 7,20              | 2,16                    | 50,42                    | 309,00              |
| Kontrollbedingung | 2017         | 065-C   | 4,00         | 48,00         | 91,50                | 13,70                        | 2,88                               | 57,54                 | 21,23              | 12,40          | 58,39      | 6,20              | 2,00                    | 54,37                    | 228,07              |
| Kontrollbedingung | 2017         | 065-C   | 5,00         | 51,00         | 86,10                | 12,30                        | 3,24                               | 56,58                 | 26,71              | 15,78          | 59,08      | 8,60              | 1,84                    | 53,21                    | 296,56              |
| Kontrollbedingung | 2017         | 086-C   | 1,00         | 59,30         | 102,50               | 14,00                        | 2,98                               | 49,76                 | 28,80              | 15,90          | 55,20      | 7,00              | 2,27                    | 53,09                    | 299,49              |
| Kontrollbedingung | 2017         | 086-C   | 2,00         | 67,70         | 114,10               | 16,30                        | 3,55                               | 56,15                 | 34,23              | 18,89          | 55,19      | 7,00              | 2,70                    | 51,27                    | 368,44              |
| Kontrollbedingung | 2017         | 086-C   | 3,00         | 60,30         | 105,30               | 15,30                        | 3,17                               | 54,45                 | 28,45              | 16,42          | 57,72      | 4,80              | NA                      | 52,73                    | 311,40              |
| Kontrollbedingung | 2017         | 086-C   | 4,00         | 59,00         | 104,70               | 15,70                        | 3,21                               | 51,46                 | 24,28              | 13,44          | 55,35      | 7,00              | 1,92                    | 51,83                    | 259,31              |
| Kontrollbedingung | 2017         | 086-C   | 5,00         | 68,30         | 98,40                | 15,00                        | 3,09                               | 59,14                 | 29,50              | 16,08          | 54,49      | 7,80              | 2,06                    | 53,42                    | 301,01              |
| Kontrollbedingung | 2017         | 091-F   | 1,00         | 61,70         | 80,50                | 12,00                        | 2,53                               | 58,24                 | 19,35              | 9,37           | 48,40      | 7,20              | 1,30                    | 47,64                    | 196,68              |
| Kontrollbedingung | 2017         | 091-F   | 2,00         | 59,00         | 99,80                | 16,00                        | 2,52                               | 52,73                 | 19,93              | 9,44           | 47,38      | 6,60              | 1,43                    | 48,91                    | 193,01              |
| Kontrollbedingung | 2017         | 091-F   | 3,00         | 72,50         | 113,10               | 17,30                        | 2,83                               | 57,69                 | 31,91              | 16,90          | 52,96      | 7,80              | 2,17                    | 51,45                    | 328,47              |
| Kontrollbedingung | 2017         | 091-F   | 4,00         | 63,30         | 83,50                | 12,00                        | 2,31                               | 55,42                 | 20,20              | 9,74           | 48,23      | 6,80              | 1,43                    | 48,06                    | 202,66              |
| Kontrollbedingung | 2017         | 091-F   | 5,00         | 58,70         | 70,50                | 10,70                        | 2,56                               | 54,88                 | 26,79              | 12,23          | 45,64      | 8,40              | 1,46                    | 50,33                    | 243,00              |
| Kontrollbedingung | 2017         | 094-H   | 1,00         | 67,50         | 89,40                | 11,70                        | 3,49                               | 58,69                 | 15,46              | 8,45           | 54,67      | 4,20              | 2,01                    | 51,60                    | 163,76              |
| Kontrollbedingung | 2017         | 094-H   | 2,00         | 74,70         | 97,50                | 14,00                        | 3,26                               | 57,81                 | 28,32              | 15,67          | 55,32      | 7,60              | 2,06                    | 53,73                    | 291,64              |
| Kontrollbedingung | 2017         | 094-H   | 3,00         | 68,00         | 104,80               | 15,70                        | 3,17                               | 57,99                 | 28,89              | 16,57          | 57,35      | 6,80              | 2,44                    | 55,26                    | 299,86              |
| Kontrollbedingung | 2017         | 094-H   | 4,00         | 55,30         | 92,80                | 13,00                        | 3,18                               | 55,89                 | 23,16              | 13,34          | 57,60      | 7,00              | 1,91                    | 52,49                    | 254,14              |
| Kontrollbedingung | 2017         | 094-H   | 5,00         | 59,00         | 62,80                | 9,30                         | 2,89                               | 59,01                 | 16,29              | 9,30           | 57,08      | 5,20              | 1,79                    | 52,89                    | 175,84              |
| Kontrollbedingung | 2017         | 106-D   | 1,00         | 75,30         | 88,70                | 14,00                        | 3,36                               | 58,01                 | 31,65              | 17,78          | 56,17      | 7,60              | 2,34                    | 53,06                    | 335,09              |
| Kontrollbedingung | 2017         | 106-D   | 2,00         | 74,70         | 98,10                | 14,30                        | 3,14                               | 56,00                 | 28,07              | 15,17          | 54,04      | 7,00              | 2,17                    | 53,70                    | 282,50              |
| Kontrollbedingung | 2017         | 106-D   | 3,00         | 77,70         | 101,20               | 15,30                        | 3,39                               | 56,60                 | 35,26              | 19,72          | 55,92      | 7,40              | 2,66                    | 55,72                    | 353,91              |
| Kontrollbedingung | 2017         | 106-D   | 4,00         | 72,30         | 106,40               | 15,00                        | 3,20                               | 55,42                 | 27,14              | 14,98          | 55,18      | 7,20              | 2,08                    | 52,91                    | 283,12              |
| Kontrollbedingung | 2017         | 106-D   | 5,00         | 73,30         | 75,70                | 10,70                        | 3,78                               | 56,36                 | 27,83              | 15,30          | 54,99      | 7,00              | 2,19                    | 55,28                    | 276,77              |
| Kontrollbedingung | 2017         | 115-C   | 1,00         | 60,20         | 101,50               | 12,30                        | 3,43                               | 58,74                 | 30,35              | 17,52          | 57,72      | 8,00              | 2,19                    | 53,21                    | 329,26              |
| Kontrollbedingung | 2017         | 115-C   | 2,00         | 66,00         | 106,20               | 14,30                        | 3,33                               | 62,45                 | 32,33              | 18,27          | 56,51      | 8,20              | 2,23                    | 56,49                    | 323,42              |
| Kontrollbedingung | 2017         | 115-C   | 3,00         | 50,00         | 95,30                | 13,70                        | 2,98                               | 53,11                 | 20,31              | 11,76          | 57,92      | 5,80              | 2,03                    | 56,00                    | 210,00              |
| Kontrollbedingung | 2017         | 115-C   | 4,00         | 54,70         | 104,30               | 14,30                        | 3,26                               | 52,50                 | 29,53              | 17,29          | 58,54      | 8,20              | 2,11                    | 51,21                    | 337,63              |
| Kontrollbedingung | 2017         | 115-C   | 5,00         | 60,30         | 81,00                | 11,70                        | 3,11                               | 59,82                 | 27,32              | 15,60          | 57,10      | 6,80              | 2,29                    | 54,39                    | 286,82              |
| Kontrollbedingung | 2017         | 122-G   | 1,00         | 71,70         | 91,50                | 13,30                        | 3,30                               | 58,33                 | 28,93              | 16,30          | 56,35      | 6,80              | 2,40                    | 55,26                    | 294,97              |
| Kontrollbedingung | 2017         | 122-G   | 2,00         | 74,30         | 99,20                | 14,30                        | 2,91                               | 58,32                 | 26,85              | 14,78          | 55,03      | 6,40              | 2,31                    | 53,00                    | 278,87              |
| Kontrollbedingung | 2017         | 122-G   | 3,00         | 73,00         | 97,40                | 14,70                        | 2,77                               | 59,92                 | 21,71              | 11,97          | 55,14      | 5,00              | 2,39                    | 57,10                    | 209,63              |
| Kontrollbedingung | 2017         | 122-G   | 4,00         | 63,70         | 81,00                | 11,30                        | 3,29                               | 52,14                 | 23,00              | 12,88          | 56,01      | 6,60              | 1,95                    | 54,58                    | 235,98              |
| Kontrollbedingung | 2017         | 122-G   | 5,00         | 71,00         | 87,80                | 13,30                        | 3,15                               | 50,48                 | 30,97              | 16,50          | 53,26      | 7,20              | 2,29                    | 55,53                    | 297,14              |
| Kontrollbedingung | 2017         | 133-D   | 1,00         | 52,00         | 96,80                | 13,30                        | 2,68                               | 54,58                 | 13,05              | 7,08           | 54,27      | 5,00              | 1,42                    | 46,99                    | 150,67              |
| Kontrollbedingung | 2017         | 133-D   | 2,00         | 52,00         | 107,70               | 14,70                        | 2,77                               | 50,08                 | 20,63              | 11,19          | 54,25      | 5,20              | 2,15                    | 47,70                    | 234,59              |
| Kontrollbedingung | 2017         | 133-D   | 3,00         | 49,00         | 116,50               | 16,00                        | 2,38                               | 48,33                 | 22,11              | 12,40          | 56,09      | 6,80              | 1,82                    | 48,62                    | 255,04              |
| Kontrollbedingung | 2017         | 133-D   | 4,00         | 48,00         | 98,90                | 13,30                        | 2,65                               | 48,30                 | 17,90              | 9,69           | 54,10      | 6,20              | 1,56                    | 45,55                    | 212,73              |
| Kontrollbedingung | 2017         | 133-D   | 5,00         | 46,70         | 88,60                | 12,00                        | 2,92                               | 55,33                 | 22,32              | 12,53          | 56,14      | 7,60              | 1,65                    | 50,22                    | 249,50              |
| Kontrollbedingung | 2017         | 176-B   | 1,00         | 69,70         | 90,10                | 12,70                        | 2,66                               | 61,78                 | 23,65              | 13,07          | 55,25      | 5,80              | 2,25                    | 56,10                    | 232,98              |
| Kontrollbedingung | 2017         | 176-B   | 2,00         | 75,30         | 107,70               | 17,00                        | 2,75                               | 58,86                 | 22,21              | 11,85          | 53,37      | 4,60              | 2,58                    | 56,05                    | 211,42              |
| Kontrollbedingung | 2017         | 176-B   | 3,00         | 68,30         | 91,10                | 12,00                        | 2,92                               | 64,00                 | 20,40              | 11,42          | 55,98      | 5,60              | 2,04                    | 56,05                    | 203,75              |
| Kontrollbedingung | 2017         | 176-B   | 4,00         | 64,00         | 85,80                | 11,70                        | 3,06                               | 58,88                 | 23,93              | 13,22          | 55,27      | 6,60              | 2,00                    | 55,56                    | 237,94              |
| Kontrollbedingung | 2017         | 176-B   | 5,00         | 66,70         | 80,80                | 12,00                        | 3,08                               | 57,21                 | 27,83              | 15,51          | 55,72      | 6,80              | 2,28                    | 56,22                    | 275,88              |
| Kontrollbedingung | 2017         | 186-C   | 1,00         | 69,70         | 103,90               | 13,30                        | 2,55                               | 55,69                 | 19,58              | 9,54           | 48,71      | 7,80              | 1,22                    | 47,66                    | 200,17              |
| Kontrollbedingung | 2017         | 186-C   | 2,00         | 64,70         | 110,30               | 13,30                        | 2,28                               | 51,32                 | 12,79              | 5,91           | 46,19      | 5,80              | 1,02                    | 47,95                    | 123,25              |
| Kontrollbedingung | 2017         | 186-C   | 3,00         | 65,00         | 124,90               | 15,70                        | 2,34                               | 47,91                 | 15,71              | 6,79           | 43,23      | 6,40              | 1,06                    | 42,04                    | 161,51              |
| Kontrollbedingung | 2017         | 186-C   | 4,00         | 62,70         | 105,50               | 12,70                        | 2,84                               | 50,09                 | 15,21              | 6,97           | 45,79      | 6,40              | 1,09                    | 48,95                    | 142,39              |
| Kontrollbedingung | 2017         | 186-C   | 5,00         | 61,30         | 108,50               | 14,30                        | 2,74                               | 49,49                 | 10,17              | 4,85           | 47,70      | 3,00              | 1,62                    | 50,77                    | 95,53               |
| Kontrollbedingung | 2017         | 227-A   | 1,00         | 55,00         | 85,50                | 10,70                        | 3,13                               | 55,70                 | 20,02              | 10,99          | 54,88      | 5,60              | 1,96                    | 52,50                    | 209,33              |
| Kontrollbedingung | 2017         | 227-A   | 2,00         | 60,30         | 106,50               | 15,30                        | 2,91                               | 52,01                 | 26,73              | 14,27          | 53,40      | 7,40              | 1,93                    | 46,62                    | 306,09              |
| Kontrollbedingung | 2017         | 227-A   | 3,00         | 61,30         | 120,90               | 17,00                        | 3,33                               | 53,71                 | 34,75              | 18,73          | 53,91      | 8,80              | 2,13                    | 48,32                    | 387,62              |
| Kontrollbedingung | 2017         | 227-A   | 4,00         | 61,70         | 104,30               | 14,70                        | 3,16                               | 52,88                 | 21,46              | 11,37          | 52,99      | 6,40              | 1,78                    | 51,70                    | 219,92              |
| Kontrollbedingung | 2017         | 227-A   | 5,00         | 62,30         | 94,90                | 15,00                        | 3,44                               | 50,52                 | 28,32              | 15,13          | 53,41      | 8,80              | 1,72                    | 46,90                    | 322,60              |
| Kontrollbedingung | 2017         | 256-B   | 1,00         | 69,70         | 83,80                | 10,00                        | 2,57                               | 50,39                 | 11,96              | 5,73           | 47,93      | 4,00              | 1,43                    | 44,97                    | 127,42              |
| Kontrollbedingung | 2017         | 256-B   | 2,00         | 68,30         | 96,90                | 12,70                        | 3,08                               | 49,57                 | 22,65              | 11,22          | 49,55      | 5,60              | 2,00                    | 47,67                    | 235,37              |
| Kontrollbedingung | 2017         | 256-B   | 3,00         | 67,30         | 106,00               | 14,00                        | 2,95                               | 52,74                 | 23,77              | 10,87          | 45,73      | 7,00              | 1,55                    | 46,51                    | 233,71              |
| Kontrollbedingung | 2017         | 256-B   | 4,00         | 68,00         | 106,10               | 14,00                        | 2,83                               | 50,08                 | 18,80              | 8,89           | 47,31      | 5,00              | 1,78                    | 48,34                    | 183,91              |











## Anhang

|               |      |        |       |       |        |       |       |       |      |      |       |      |      |       |        |
|---------------|------|--------|-------|-------|--------|-------|-------|-------|------|------|-------|------|------|-------|--------|
| Trockenstress | 2019 | 517-D  | 2,00  | 39,80 | 112,00 | 20,00 | 43,00 | 34,65 | 5,60 | 4,36 | 77,30 | 4,00 | 1,49 | 32,61 | 131,00 |
| Trockenstress | 2019 | 517-D  | 3,00  | 39,70 | 105,00 | 17,00 | 41,00 | 35,37 | 6,90 | 4,85 | 70,29 | 4,00 | 1,45 | 35,42 | 137,00 |
| Trockenstress | 2019 | 517-D  | 4,00  | 39,30 | 113,00 | 18,00 | 51,00 | 36,08 | 7,10 | 5,67 | 79,52 | 4,00 | 1,84 | 35,46 | 159,00 |
| Trockenstress | 2019 | 517-D  | 5,00  | 37,00 | 103,00 | 19,00 | 38,00 | 35,53 | 7,20 | 5,14 | 71,79 | 4,00 | 1,35 | 33,54 | 151,00 |
| Trockenstress | 2019 | 554-A  | 1,00  | 41,00 | 101,00 | 19,00 | 30,00 | 43,00 | 5,40 | 4,01 | 74,54 | 4,00 | 1,29 | 37,26 | 103,00 |
| Trockenstress | 2019 | 554-A  | 2,00  | 38,00 | 97,00  | 17,00 | 33,00 | 42,42 | 5,90 | 4,33 | 73,64 | 4,00 | 1,40 | 36,17 | 114,00 |
| Trockenstress | 2019 | 554-A  | 3,00  | 39,20 | 101,00 | 19,00 | 32,00 | 43,75 | 6,40 | 4,77 | 74,30 | 4,00 | 1,40 | 36,24 | 125,00 |
| Trockenstress | 2019 | 554-A  | 4,00  | 38,10 | 104,00 | 19,00 | 37,00 | 33,51 | 6,70 | 4,68 | 69,96 | 4,00 | 1,24 | 36,21 | 132,00 |
| Trockenstress | 2019 | 554-A  | 5,00  | 39,70 | 95,00  | 17,00 | 32,00 | 40,31 | 7,10 | 5,15 | 72,54 | 5,00 | 1,29 | 31,64 | 154,00 |
| Trockenstress | 2019 | BarNir | 1,00  | 33,60 | 104,00 | 18,00 | 36,00 | 40,00 | 6,10 | 4,71 | 53,78 | 4,00 | 1,44 | 36,74 | 125,00 |
| Trockenstress | 2019 | BarNir | 2,00  | 33,50 | 101,00 | 19,00 | 38,00 | 35,79 | 5,30 | 3,97 | 49,15 | 3,00 | 1,36 | 37,29 | 108,00 |
| Trockenstress | 2019 | BarNir | 3,00  | 35,40 | 114,00 | 19,00 | 47,00 | 27,66 | 6,40 | 4,56 | 50,86 | 5,00 | 1,30 | 29,64 | 157,00 |
| Trockenstress | 2019 | BarNir | 4,00  | 34,30 | 107,00 | 18,00 | 24,00 | 45,00 | 5,60 | 3,89 | 50,18 | 4,00 | 1,08 | 33,45 | 108,00 |
| Trockenstress | 2019 | BarNir | 5,00  | 33,00 | 106,00 | 19,00 | 39,00 | 33,08 | 5,30 | 3,76 | 46,87 | 3,00 | 1,29 | 29,76 | 122,00 |
| Trockenstress | 2019 | BarNir | 6,00  | 34,90 | 104,00 | 18,00 | 40,00 | 31,50 | 5,80 | 3,97 | 47,05 | 5,00 | 1,26 | 27,65 | 138,00 |
| Trockenstress | 2019 | BarNir | 7,00  | 33,50 | 101,00 | 19,00 | 36,00 | 36,67 | 4,90 | 3,83 | 51,43 | 3,00 | 1,32 | 31,38 | 116,00 |
| Trockenstress | 2019 | BarNir | 8,00  | 34,60 | 106,00 | 19,00 | 39,00 | 35,13 | 4,60 | 3,79 | 53,07 | 3,00 | 1,37 | 36,12 | 106,00 |
| Trockenstress | 2019 | BarNir | 9,00  | 34,70 | 101,00 | 19,00 | 38,00 | 35,53 | 5,20 | 3,98 | 50,38 | 3,00 | 1,35 | 35,07 | 113,00 |
| Trockenstress | 2019 | BarNir | 10,00 | 35,00 | 105,00 | 19,00 | 39,00 | 34,87 | 5,10 | 3,73 | 46,47 | 3,00 | 1,36 | 33,38 | 110,00 |

\* TKG = Tausendkorngewicht, (B)KZ = Berechnete Kornzahl, g = Gramm, cm = Zentimeter, nähere Informationen sind in Tabelle 2 Kapitel 2.4.1 nach zu lesen.



## Anhang

**Tabelle S8: Mittelwerte der Population BNxNIL-7A-2 unter Kontrollbedingungen.**

| Jahr   | Genotyp | Halmhöhe (cm) | Hauptähre: Länge der Ähre(mm) | Hauptähre: Anzahl Ähren | Hauptähre: KZ pro Ähren | Hauptähre: TKG*(g) | Totale Trockenmasse (g) | Korntrag (g) | Ernteindex | Ähren pro Pflanze | Korntrag/Ähre (g) | TKG* (g) | BKZ*   |
|--------|---------|---------------|-------------------------------|-------------------------|-------------------------|--------------------|-------------------------|--------------|------------|-------------------|-------------------|----------|--------|
| 2017   | 065-C   | 52,12         | 95,86                         | 14,20                   | 2,96                    | 56,33              | 24,58                   | 14,37        | 58,44      | 7,08              | 2,04              | 53,10    | 271,08 |
|        | 086-C   | 62,92         | 105,00                        | 15,26                   | 3,20                    | 54,19              | 29,05                   | 16,15        | 55,59      | 6,72              | 2,24              | 52,47    | 307,93 |
|        | 091-F   | 63,04         | 89,48                         | 13,60                   | 2,55                    | 55,79              | 23,64                   | 11,54        | 48,52      | 7,36              | 1,56              | 49,28    | 232,76 |
|        | 094-H   | 64,90         | 89,46                         | 12,74                   | 3,20                    | 57,88              | 22,42                   | 12,67        | 56,40      | 6,16              | 2,04              | 53,19    | 237,05 |
|        | 106-D   | 74,66         | 94,02                         | 13,86                   | 3,37                    | 56,48              | 29,99                   | 16,59        | 55,26      | 7,24              | 2,29              | 54,13    | 306,28 |
|        | 115-C   | 58,24         | 97,66                         | 13,26                   | 3,22                    | 57,32              | 27,97                   | 16,09        | 57,56      | 7,40              | 2,17              | 54,26    | 297,43 |
|        | 122-G   | 70,74         | 91,38                         | 13,38                   | 3,08                    | 55,84              | 26,29                   | 14,49        | 55,16      | 6,40              | 2,27              | 55,09    | 263,32 |
|        | 133-D   | 49,54         | 101,70                        | 13,86                   | 2,68                    | 51,32              | 19,20                   | 10,58        | 54,97      | 6,16              | 1,72              | 47,82    | 220,51 |
|        | 176-B   | 68,80         | 91,10                         | 13,08                   | 2,89                    | 60,15              | 23,60                   | 13,01        | 55,12      | 5,88              | 2,23              | 56,00    | 232,39 |
|        | 186-C   | 64,68         | 110,62                        | 13,86                   | 2,55                    | 50,90              | 14,69                   | 6,81         | 46,32      | 5,88              | 1,20              | 47,47    | 144,57 |
|        | 227-A   | 60,12         | 102,42                        | 14,54                   | 3,19                    | 52,96              | 26,26                   | 14,10        | 53,72      | 7,40              | 1,90              | 49,21    | 289,11 |
|        | 256-B   | 68,66         | 94,98                         | 12,54                   | 2,92                    | 51,42              | 19,38                   | 9,31         | 48,07      | 5,36              | 1,73              | 47,15    | 196,84 |
|        | 296-C   | 49,32         | 85,18                         | 12,88                   | 3,07                    | 51,83              | 20,68                   | 11,75        | 56,65      | 6,88              | 1,68              | 47,84    | 244,89 |
|        | 304-B   | 43,36         | 82,54                         | 12,60                   | 2,95                    | 53,96              | 16,83                   | 10,14        | 60,36      | 5,04              | 1,78              | 52,66    | 192,47 |
|        | 448-A   | 60,72         | 90,68                         | 12,94                   | 2,58                    | 55,99              | 23,21                   | 11,09        | 47,71      | 7,88              | 1,43              | 52,52    | 211,47 |
|        | 494-E   | 64,82         | 79,20                         | 11,26                   | 2,92                    | 56,51              | 17,66                   | 9,73         | 55,00      | 5,32              | 1,83              | 53,55    | 181,14 |
|        | 517-D   | 45,20         | 89,78                         | 12,92                   | 2,96                    | 55,02              | 19,40                   | 11,20        | 57,56      | 6,20              | 1,81              | 52,74    | 212,40 |
| 554-A  | 53,72   | 99,40         | 15,38                         | 3,05                    | 53,64                   | 26,61              | 15,35                   | 57,75        | 7,12       | 2,17              | 54,24             | 283,01   |        |
| BarNir | 49,70   | 102,52        | 15,92                         | 2,91                    | 52,01                   | 26,61              | 15,71                   | 58,88        | 7,60       | 2,04              | 49,91             | 314,51   |        |
| 2018   | 065-C   | 47,07         | 69,67                         | 8,53                    | 2,87                    | 47,97              | 15,67                   | 8,23         | 53,10      | 6,47              | 1,30              | 45,90    | 179,20 |
|        | 086-C   | 65,40         | 84,33                         | 9,97                    | 3,17                    | 50,73              | 21,07                   | 10,90        | 51,77      | 6,83              | 1,60              | 46,33    | 235,10 |
|        | 091-F   | 55,60         | 68,00                         | 8,33                    | 3,23                    | 48,67              | 18,60                   | 8,87         | 48,47      | 6,50              | 1,37              | 44,17    | 199,50 |
|        | 094-H   | 59,33         | 69,67                         | 8,43                    | 3,07                    | 49,13              | 19,50                   | 10,03        | 51,50      | 6,87              | 1,47              | 45,90    | 150,30 |
|        | 106-D   | 71,23         | 78,33                         | 9,57                    | 3,40                    | 51,40              | 22,90                   | 11,77        | 51,37      | 7,33              | 1,57              | 47,77    | 246,29 |
|        | 115-C   | 57,93         | 83,00                         | 10,77                   | 2,87                    | 51,43              | 19,27                   | 9,77         | 51,07      | 6,27              | 1,57              | 47,97    | 203,41 |
|        | 122-G   | 61,10         | 71,50                         | 9,85                    | 2,70                    | 49,25              | 19,40                   | 10,10        | 51,15      | 6,40              | 1,55              | 47,85    | 139,93 |
|        | 133-D   | 48,17         | 82,67                         | 9,63                    | 2,70                    | 41,57              | 13,27                   | 6,17         | 46,63      | 6,17              | 1,00              | 42,80    | 159,98 |
|        | 176-B   | 58,37         | 60,33                         | 7,23                    | 2,80                    | 48,20              | 14,73                   | 7,43         | 50,60      | 5,27              | 1,40              | 48,67    | 152,56 |
|        | 186-C   | 61,90         | 95,33                         | 10,30                   | 2,47                    | 46,23              | 11,07                   | 4,87         | 43,80      | 4,30              | 1,13              | 44,37    | 109,38 |
|        | 227-A   | 56,10         | 74,33                         | 9,77                    | 2,87                    | 46,10              | 15,80                   | 8,07         | 51,30      | 5,60              | 1,47              | 43,20    | 187,36 |
|        | 256-B   | 58,23         | 63,67                         | 7,10                    | 3,10                    | 44,17              | 10,83                   | 4,57         | 45,75      | 3,93              | 1,17              | 43,43    | 105,28 |
|        | 296-C   | 50,40         | 77,33                         | 10,23                   | 3,17                    | 49,10              | 20,73                   | 10,73        | 51,57      | 6,80              | 1,57              | 44,17    | 242,78 |
|        | 304-B   | 46,77         | 61,67                         | 7,43                    | 3,10                    | 47,07              | 13,10                   | 6,80         | 52,27      | 6,07              | 1,13              | 45,47    | 149,28 |
|        | 448-A   | 57,57         | 59,00                         | 7,33                    | 2,70                    | 47,37              | 15,50                   | 7,53         | 50,57      | 6,00              | 1,27              | 45,73    | 164,80 |
|        | 494-E   | 56,23         | 50,67                         | 6,63                    | 2,57                    | 44,73              | 10,70                   | 5,07         | 47,13      | 4,00              | 1,27              | 46,50    | 77,33  |
|        | 517-D   | 49,03         | 66,67                         | 8,33                    | 3,40                    | 49,93              | 14,90                   | 7,63         | 51,27      | 4,87              | 1,53              | 48,33    | 158,68 |
| 554-A  | 48,63   | 76,67         | 10,37                         | 2,83                    | 50,63                   | 21,07              | 11,20                   | 53,37        | 7,80       | 1,40              | 45,47             | 246,19   |        |
| BarNir | 44,00   | 71,83         | 9,25                          | 2,90                    | 49,15                   | 16,93              | 10,44                   | 55,42        | 6,03       | 1,53              | 45,45             | 191,22   |        |
| 2019   | 065-C   | 41,44         | 92,60                         | 17,00                   | 27,40                   | 44,68              | 17,02                   | 10,78        | 63,29      | 9,80              | 1,22              | 45,28    | 238,40 |
|        | 086-C   | 57,30         | 108,80                        | 18,80                   | 32,80                   | 50,97              | 23,18                   | 14,91        | 64,28      | 9,60              | 1,67              | 46,34    | 318,40 |
|        | 091-F   | 62,66         | 97,40                         | 18,80                   | 30,60                   | 47,86              | 22,92                   | 13,10        | 57,18      | 10,60             | 1,30              | 43,69    | 302,00 |
|        | 094-H   | 61,12         | 96,20                         | 17,20                   | 31,20                   | 50,22              | 15,58                   | 9,79         | 62,96      | 6,40              | 1,56              | 46,78    | 206,60 |
|        | 106-D   | 62,06         | 102,00                        | 19,20                   | 31,80                   | 51,39              | 20,46                   | 13,01        | 63,42      | 8,40              | 1,63              | 48,35    | 266,00 |
|        | 115-C   | 56,32         | 103,80                        | 17,80                   | 36,20                   | 44,78              | 16,52                   | 10,03        | 60,83      | 7,20              | 1,61              | 44,57    | 225,60 |
|        | 122-G   | 61,92         | 100,00                        | 17,40                   | 29,80                   | 48,50              | 16,50                   | 9,75         | 58,22      | 9,20              | 1,46              | 46,67    | 205,00 |
|        | 133-D   | 39,80         | 106,20                        | 18,40                   | 25,60                   | 42,00              | 12,74                   | 6,92         | 53,57      | 7,40              | 1,07              | 37,41    | 180,40 |
|        | 176-B   | 64,36         | 100,60                        | 17,20                   | 34,60                   | 45,58              | 18,58                   | 11,28        | 61,10      | 9,40              | 1,57              | 44,86    | 250,00 |
|        | 186-C   | 52,26         | 93,80                         | 16,25                   | 20,33                   | 44,67              | 6,46                    | 1,91         | 46,32      | 7,20              | 0,90              | 36,48    | 53,80  |
|        | 227-A   | 50,22         | 95,60                         | 17,00                   | 25,60                   | 44,41              | 12,38                   | 6,64         | 53,34      | 8,20              | 1,13              | 38,95    | 169,40 |
|        | 256-B   | 60,06         | 100,60                        | 16,60                   | 31,20                   | 41,74              | 9,46                    | 5,20         | 55,36      | 5,20              | 1,30              | 38,26    | 133,80 |
|        | 296-C   | 45,34         | 97,20                         | 18,00                   | 34,80                   | 42,04              | 14,70                   | 8,90         | 60,66      | 7,40              | 1,46              | 37,79    | 232,40 |
|        | 304-B   | 39,44         | 94,40                         | 17,40                   | 23,80                   | 46,85              | 16,16                   | 9,70         | 60,41      | 8,75              | 1,11              | 43,31    | 222,80 |
|        | 448-A   | 54,12         | 100,80                        | 17,80                   | 26,80                   | 47,65              | 16,60                   | 9,20         | 54,30      | 8,00              | 1,25              | 42,54    | 214,80 |
|        | 494-E   | 60,14         | 89,75                         | 17,20                   | 26,20                   | 52,79              | 14,26                   | 8,21         | 57,48      | 7,60              | 1,38              | 44,99    | 178,80 |
|        | 517-D   | 41,90         | 103,40                        | 18,40                   | 35,20                   | 40,14              | 14,30                   | 8,57         | 59,81      | 7,40              | 1,40              | 37,36    | 227,00 |
| 554-A  | 44,48   | 99,60         | 18,40                         | 32,00                   | 46,24                   | 13,10              | 8,43                    | 64,34        | 7,20       | 1,48              | 42,07             | 197,20   |        |
| BarNir | 37,45   | 102,30        | 18,10                         | 32,20                   | 38,16                   | 12,51              | 7,63                    | 51,34        | 6,80       | 1,21              | 37,30             | 204,90   |        |

\* TKG = Tausendkorngewicht, (B)KZ = Berechnete Kornzahl, g = Gramm, cm = Zentimeter, nähere Informationen sind in Tabelle 2 Kapitel 2.4.1 nach zu lesen.

# Anhang

**Tabelle S9: Mittelwerte der Population BNxNIL-7A-2 unter Trockenstressbedingungen.**

| Jahr   | Genotyp | Halmhöhe (cm) | Hauptähre: Länge der Ähre (mm) | Hauptähre: Anzahl Ähren | Hauptähre: KZ pro Ähren | Hauptähre: TKG* (g) | Totale Trockenmasse (d) | Korntrag (g) | Ernteindex | Ähren pro Pflanze | Korntrag/Ähre (g) | TKG* (g) | BKZ*   |
|--------|---------|---------------|--------------------------------|-------------------------|-------------------------|---------------------|-------------------------|--------------|------------|-------------------|-------------------|----------|--------|
| 2017   | 065-C   | 50,08         | 87,20                          | 12,60                   | 3,02                    | 56,56               | 22,74                   | 13,40        | 59,14      | 7,28              | 1,84              | 52,16    | 256,90 |
|        | 086-C   | 64,82         | 100,4                          | 14,14                   | 3,32                    | 55,79               | 27,61                   | 15,20        | 54,98      | 7,82              | 1,94              | 49,09    | 309,64 |
|        | 091-F   | 64,48         | 89,80                          | 13,90                   | 2,89                    | 55,41               | 26,75                   | 13,00        | 48,67      | 9,00              | 1,46              | 48,58    | 267,60 |
|        | 094-H   | 61,78         | 88,16                          | 12,40                   | 3,10                    | 58,68               | 23,40                   | 13,60        | 58,18      | 6,72              | 2,00              | 51,98    | 261,64 |
|        | 106-D   | 72,74         | 95,28                          | 13,60                   | 3,30                    | 59,41               | 27,01                   | 15,04        | 55,63      | 7,28              | 2,05              | 53,19    | 282,76 |
|        | 115-C   | 68,55         | 97,04                          | 13,08                   | 3,21                    | 57,66               | 23,42                   | 13,14        | 54,94      | 6,76              | 1,89              | 52,05    | 252,45 |
|        | 122-G   | 69,20         | 95,50                          | 14,18                   | 3,08                    | 60,21               | 26,43                   | 14,72        | 56,01      | 6,88              | 2,14              | 55,08    | 267,25 |
|        | 133-D   | 48,50         | 104,5                          | 14,38                   | 2,88                    | 56,62               | 22,23                   | 12,62        | 56,66      | 7,24              | 1,75              | 48,71    | 259,08 |
|        | 176-B   | 66,72         | 84,52                          | 12,00                   | 2,88                    | 60,58               | 20,72                   | 11,70        | 56,25      | 6,12              | 1,90              | 53,44    | 218,94 |
|        | 186-C   | 60,70         | 104,9                          | 12,88                   | 2,58                    | 51,95               | 15,13                   | 6,66         | 44,58      | 6,40              | 1,12              | 47,01    | 141,67 |
|        | 227-A   | 60,28         | 95,00                          | 13,20                   | 3,06                    | 56,94               | 21,52                   | 11,78        | 54,74      | 6,24              | 1,89              | 49,64    | 237,31 |
|        | 256-B   | 64,78         | 99,64                          | 13,54                   | 2,80                    | 52,95               | 20,27                   | 10,31        | 50,52      | 6,13              | 1,69              | 48,42    | 212,93 |
|        | 296-C   | 51,46         | 95,10                          | 14,86                   | 3,05                    | 54,01               | 26,87                   | 15,44        | 57,52      | 8,24              | 1,87              | 46,58    | 331,47 |
|        | 304-B   | 45,32         | 81,08                          | 11,94                   | 3,09                    | 52,32               | 18,86                   | 11,15        | 59,40      | 6,52              | 1,71              | 49,85    | 223,67 |
|        | 448-A   | 60,60         | 87,08                          | 13,06                   | 2,20                    | 57,56               | 22,70                   | 10,64        | 46,48      | 7,72              | 1,37              | 49,42    | 215,30 |
|        | 494-E   | 68,72         | 82,60                          | 12,54                   | 2,87                    | 60,70               | 19,42                   | 10,81        | 55,36      | 5,72              | 1,90              | 54,50    | 198,35 |
|        | 517-D   | 46,26         | 94,56                          | 13,66                   | 2,94                    | 55,94               | 20,55                   | 11,89        | 57,47      | 7,16              | 1,66              | 49,58    | 239,81 |
| 554-A  | 50,80   | 94,22         | 14,12                          | 2,87                    | 58,13                   | 22,47               | 13,16                   | 58,48        | 7,32       | 1,80              | 50,63             | 259,92   |        |
| BarNir | 47,18   | 96,46         | 14,63                          | 3,22                    | 52,05                   | 20,97               | 12,41                   | 59,36        | 6,73       | 1,86              | 48,65             | 255,09   |        |
| 2018   | 065-C   | 41,17         | 64,67                          | 7,87                    | 3,03                    | 41,20               | 9,93                    | 5,03         | 51,50      | 5,47              | 0,93              | 37,33    | 134,74 |
|        | 086-C   | 55,20         | 79,67                          | 9,33                    | 3,20                    | 44,93               | 12,73                   | 6,00         | 48,20      | 5,00              | 1,20              | 38,53    | 155,72 |
|        | 091-F   | 49,37         | 69,33                          | 8,57                    | 2,63                    | 40,67               | 12,87                   | 5,90         | 45,90      | 5,47              | 1,10              | 36,53    | 161,51 |
|        | 094-H   | 54,93         | 64,00                          | 7,90                    | 3,17                    | 43,03               | 10,37                   | 4,97         | 48,90      | 4,80              | 0,97              | 40,27    | 123,42 |
|        | 106-D   | 60,83         | 73,00                          | 8,47                    | 3,33                    | 43,33               | 12,33                   | 5,83         | 47,50      | 5,47              | 1,07              | 37,13    | 157,02 |
|        | 115-C   | 44,83         | 65,00                          | 8,23                    | 3,03                    | 44,17               | 9,80                    | 4,90         | 50,40      | 4,47              | 1,07              | 40,60    | 120,69 |
|        | 122-G   | 54,40         | 63,33                          | 7,57                    | 2,73                    | 44,37               | 10,43                   | 5,10         | 48,63      | 4,60              | 1,10              | 42,73    | 119,35 |
|        | 133-D   | 43,17         | 81,00                          | 8,47                    | 2,90                    | 35,83               | 8,03                    | 3,60         | 45,10      | 4,07              | 0,90              | 32,77    | 109,86 |
|        | 176-B   | 55,30         | 62,33                          | 7,33                    | 2,77                    | 44,83               | 9,53                    | 4,63         | 49,43      | 3,87              | 1,20              | 42,83    | 108,10 |
|        | 186-C   | 53,90         | 84,67                          | 8,90                    | 2,37                    | 37,95               | 6,33                    | 2,47         | 42,17      | 3,73              | 0,67              | 34,43    | 71,74  |
|        | 227-A   | 47,80         | 63,00                          | 7,47                    | 1,95                    | 36,33               | 7,90                    | 3,27         | 48,15      | 3,87              | 0,83              | 34,07    | 95,98  |
|        | 256-B   | 57,20         | 65,67                          | 6,77                    | 2,93                    | 43,60               | 8,70                    | 3,87         | 44,30      | 3,80              | 1,03              | 38,00    | 101,84 |
|        | 296-C   | 43,07         | 66,00                          | 7,77                    | 3,00                    | 42,87               | 10,23                   | 4,87         | 47,07      | 4,73              | 1,07              | 38,07    | 127,92 |
|        | 304-B   | 39,67         | 58,00                          | 7,43                    | 2,93                    | 41,27               | 9,00                    | 4,47         | 49,10      | 4,47              | 0,97              | 36,77    | 121,57 |
|        | 448-A   | 54,53         | 59,00                          | 7,10                    | 2,77                    | 43,87               | 9,43                    | 4,67         | 50,20      | 4,60              | 1,03              | 40,23    | 116,08 |
|        | 494-E   | 48,77         | 54,33                          | 6,77                    | 2,55                    | 36,30               | 7,50                    | 3,50         | 48,63      | 4,60              | 0,77              | 37,57    | 93,16  |
|        | 517-D   | 44,93         | 64,67                          | 8,20                    | 2,97                    | 42,90               | 10,67                   | 5,33         | 50,23      | 5,20              | 1,03              | 38,30    | 139,16 |
| 554-A  | 43,87   | 78,67         | 8,15                           | 3,27                    | 43,30                   | 12,90               | 6,53                    | 51,33        | 6,00       | 1,10              | 42,50             | 153,65   |        |
| BarNir | 40,45   | 68,83         | 8,55                           | 2,98                    | 42,55                   | 10,17               | 5,17                    | 50,98        | 4,80       | 1,07              | 38,02             | 135,98   |        |
| 2019   | 065-C   | 35,96         | 99,40                          | 16,80                   | 33,80                   | 39,29               | 7,66                    | 5,43         | 71,02      | 5,00              | 1,32              | 36,56    | 148,52 |
|        | 086-C   | 50,94         | 103,0                          | 18,40                   | 36,75                   | 41,75               | 8,58                    | 5,26         | 61,69      | 5,00              | 1,55              | 38,73    | 135,81 |
|        | 091-F   | 54,54         | 98,20                          | 18,60                   | 35,60                   | 40,78               | 9,46                    | 6,01         | 63,45      | 5,20              | 1,42              | 37,30    | 161,13 |
|        | 094-H   | 49,84         | 98,80                          | 16,80                   | 32,40                   | 41,59               | 7,90                    | 5,16         | 65,43      | 4,60              | 1,32              | 38,92    | 132,58 |
|        | 106-D   | 54,02         | 102,2                          | 18,80                   | 40,40                   | 38,94               | 8,84                    | 5,94         | 67,54      | 5,20              | 1,57              | 37,44    | 158,65 |
|        | 115-C   | 45,48         | 103,8                          | 17,20                   | 34,40                   | 43,80               | 7,44                    | 5,09         | 68,71      | 4,40              | 1,50              | 38,29    | 132,93 |
|        | 122-G   | 56,46         | 97,20                          | 17,20                   | 33,20                   | 47,86               | 7,12                    | 5,16         | 73,31      | 4,40              | 1,58              | 42,32    | 121,93 |
|        | 133-D   | 32,42         | 100,8                          | 17,80                   | 29,50                   | 39,21               | 6,40                    | 3,78         | 66,48      | 5,00              | 1,17              | 36,71    | 102,97 |
|        | 176-B   | 60,74         | 99,80                          | 17,80                   | 34,20                   | 47,28               | 7,66                    | 5,32         | 69,46      | 4,40              | 1,60              | 40,06    | 132,80 |
|        | 186-C   | 48,08         | 98,60                          | 16,25                   | 21,50                   | 37,36               | 3,08                    | 1,77         | 61,79      | 4,20              | 1,05              | 34,70    | 51,01  |
|        | 227-A   | 54,22         | 102,8                          | 17,40                   | 32,00                   | 48,61               | 5,74                    | 4,03         | 71,28      | 4,00              | 1,55              | 39,11    | 103,04 |
|        | 256-B   | 52,46         | 107,6                          | 17,00                   | 34,00                   | 43,34               | 5,18                    | 3,30         | 65,58      | 3,80              | 1,46              | 36,56    | 90,26  |
|        | 296-C   | 38,84         | 96,60                          | 18,20                   | 36,60                   | 37,68               | 5,84                    | 4,04         | 69,90      | 3,60              | 1,37              | 31,66    | 127,61 |
|        | 304-B   | 30,80         | 93,60                          | 17,40                   | 31,80                   | 34,47               | 7,22                    | 4,86         | 67,84      | 4,75              | 1,09              | 32,55    | 149,31 |
|        | 448-A   | 58,42         | 107,4                          | 18,40                   | 37,60                   | 44,71               | 7,58                    | 5,27         | 69,51      | 4,20              | 1,66              | 39,06    | 134,92 |
|        | 494-E   | 54,34         | 90,00                          | 16,80                   | 28,00                   | 48,46               | 6,02                    | 3,96         | 64,51      | 4,20              | 1,36              | 41,86    | 94,60  |
|        | 517-D   | 38,66         | 107,8                          | 18,60                   | 42,20                   | 36,59               | 6,42                    | 4,72         | 73,34      | 3,80              | 1,54              | 34,79    | 135,67 |
| 554-A  | 39,20   | 99,60         | 18,20                          | 32,80                   | 40,60                   | 6,30                | 4,59                    | 73,00        | 4,20       | 1,32              | 35,50             | 129,30   |        |
| BarNir | 34,25   | 104,9         | 18,70                          | 37,60                   | 35,52                   | 5,43                | 4,02                    | 49,92        | 3,60       | 1,31              | 33,05             | 121,63   |        |

\* TKG = Tausendkorngewicht, (B)KZ = Berechnete Kornzahl, g = Gramm, cm = Zentimeter, nähere Informationen sind in Tabelle 2 Kapitel 2.4.1 nach zu lesen.

## Anhang

**Tabelle S10: Mittelwerte der Population UzxNIL-2B-1 unter Kontrollbedingungen.**

| Genotyp | Halmhöhe (cm) | Hauptähre: Länge der Ähre (mm) | Hauptähre: Anzahl Ährchen | Hauptähre: KZ pro Ährchen | Hauptähre: TKG* (g) | Totale Trockenmasse (g) | Korntrag (g) | Ernteindex | Ährchen pro Pflanze | Korntrag/Ähre (g) | TKG* (g) | BKZ*   | Genotype |
|---------|---------------|--------------------------------|---------------------------|---------------------------|---------------------|-------------------------|--------------|------------|---------------------|-------------------|----------|--------|----------|
| 2017    | 1004-B        | 63,85                          | 65,63                     | 14,43                     | 0,29                | 71,11                   | 24,05        | 11,55      | 48,05               | 4,56              | 2,52     | 65,35  | 171,24   |
|         | 1121-B        | 66,50                          | 71,64                     | 17,14                     | 0,29                | 65,55                   | 23,35        | 11,34      | 48,75               | 4,50              | 2,54     | 62,79  | 180,75   |
|         | 1145-C        | 64,94                          | 69,14                     | 15,20                     | 0,27                | 67,40                   | 26,97        | 10,81      | 40,07               | 5,28              | 2,09     | 64,22  | 168,49   |
|         | 1174-B        | 67,08                          | 73,14                     | 17,46                     | 0,26                | 66,97                   | 26,70        | 12,14      | 45,34               | 4,96              | 2,45     | 64,23  | 189,14   |
|         | 1336-E        | 73,00                          | 69,20                     | 15,34                     | 0,28                | 62,96                   | 24,61        | 9,33       | 37,95               | 4,37              | 2,13     | 60,34  | 157,45   |
|         | 1353-C        | 70,42                          | 74,10                     | 17,14                     | 0,25                | 68,83                   | 24,90        | 11,71      | 41,37               | 4,24              | 2,54     | 64,40  | 155,47   |
|         | 1403-D        | 71,14                          | 67,78                     | 16,68                     | 0,25                | 67,69                   | 26,63        | 11,36      | 42,88               | 4,88              | 2,32     | 63,40  | 179,45   |
|         | 1431-G        | 77,80                          | 70,02                     | 17,32                     | 0,27                | 65,34                   | 28,76        | 12,37      | 43,09               | 4,74              | 2,61     | 63,52  | 195,38   |
|         | 1488-A        | 59,80                          | 70,02                     | 15,06                     | 0,29                | 64,97                   | 23,69        | 11,01      | 46,60               | 4,72              | 2,34     | 62,52  | 176,30   |
|         | 1539-A        | 60,86                          | 65,98                     | 14,14                     | 0,31                | 70,24                   | 27,72        | 12,84      | 50,49               | 4,20              | 2,66     | 63,80  | 174,80   |
|         | 1557-G        | 76,20                          | 71,90                     | 16,77                     | 0,25                | 64,90                   | 19,59        | 8,45       | 42,99               | 4,06              | 2,08     | 61,51  | 137,51   |
|         | 1663-G        | 64,43                          | 69,55                     | 13,93                     | 0,31                | 66,40                   | 23,93        | 11,57      | 48,50               | 4,18              | 2,56     | 64,36  | 179,85   |
|         | 1688-C        | 61,00                          | 67,88                     | 13,58                     | 0,30                | 66,58                   | 25,73        | 12,05      | 46,90               | 4,95              | 2,45     | 63,37  | 190,12   |
|         | 1695-C        | 73,14                          | 68,32                     | 16,40                     | 0,28                | 71,22                   | 31,28        | 14,47      | 46,53               | 6,05              | 2,41     | 66,89  | 216,54   |
|         | 1735-E        | 66,58                          | 66,25                     | 14,50                     | 0,30                | 67,61                   | 23,29        | 11,46      | 49,16               | 4,95              | 2,35     | 62,90  | 182,85   |
|         | 1761-D        | 68,58                          | 70,50                     | 14,65                     | 0,30                | 70,31                   | 26,11        | 11,83      | 45,19               | 5,26              | 2,25     | 65,66  | 180,47   |
|         | 1767-E        | 68,33                          | 76,65                     | 17,25                     | 0,28                | 65,39                   | 29,16        | 13,70      | 47,01               | 5,03              | 2,72     | 61,53  | 222,65   |
| Uzan    | 63,67         | 69,24                          | 15,60                     | 0,29                      | 69,45               | 21,31                   | 10,60        | 49,84      | 4,75                | 2,26              | 63,44    | 167,01 |          |
| 2018    | 1004-B        | 56,53                          | 58,67                     | 10,87                     | 0,33                | 62,53                   | 13,93        | 7,00       | 50,23               | 3,27              | 2,13     | 56,80  | 122,79   |
|         | 1121-B        | 60,17                          | 66,00                     | 12,77                     | 0,35                | 58,77                   | 19,67        | 9,03       | 46,43               | 3,83              | 2,37     | 53,67  | 167,59   |
|         | 1145-C        | 65,87                          | 61,67                     | 12,33                     | 0,28                | 63,90                   | 18,37        | 7,27       | 39,03               | 4,13              | 2,15     | 60,77  | 118,97   |
|         | 1174-B        | 58,67                          | 60,67                     | 11,90                     | 0,31                | 62,70                   | 19,43        | 8,77       | 44,87               | 4,07              | 2,13     | 57,60  | 152,68   |
|         | 1336-E        | 67,67                          | 61,67                     | 11,97                     | 0,30                | 60,93                   | 21,10        | 8,80       | 41,20               | 4,20              | 2,10     | 58,43  | 149,42   |
|         | 1353-C        | 61,50                          | 60,67                     | 11,20                     | 0,28                | 66,60                   | 16,10        | 7,00       | 43,53               | 3,33              | 2,07     | 63,47  | 109,87   |
|         | 1403-D        | 65,23                          | 62,67                     | 12,47                     | 0,28                | 64,20                   | 15,55        | 7,20       | 45,37               | 4,03              | 2,37     | 61,27  | 160,83   |
|         | 1431-G        | 63,10                          | 60,00                     | 12,63                     | 0,27                | 63,37                   | 18,33        | 7,83       | 44,10               | 3,30              | 2,40     | 63,53  | 123,13   |
|         | 1539-A        | 57,67                          | 57,00                     | 10,23                     | 0,31                | 62,70                   | 13,13        | 6,13       | 46,73               | 2,87              | 2,07     | 57,63  | 104,92   |
|         | 1557-G        | 58,77                          | 58,00                     | 10,83                     | 0,25                | 63,83                   | 13,15        | 7,93       | 43,73               | 4,10              | 1,87     | 59,10  | 132,26   |
|         | 1663-G        | 61,27                          | 58,33                     | 9,77                      | 0,34                | 63,60                   | 20,60        | 10,10      | 49,07               | 4,27              | 2,37     | 58,20  | 173,59   |
|         | 1695-C        | 61,53                          | 56,00                     | 11,10                     | 0,30                | 64,20                   | 16,77        | 7,80       | 47,37               | 3,20              | 2,37     | 61,47  | 127,32   |
|         | 1735-E        | 58,83                          | 54,67                     | 9,43                      | 0,35                | 65,43                   | 19,33        | 9,30       | 48,30               | 4,20              | 2,23     | 58,07  | 160,34   |
|         | 1761-D        | 61,10                          | 62,33                     | 11,43                     | 0,31                | 63,63                   | 16,70        | 7,90       | 47,77               | 3,53              | 2,20     | 60,50  | 129,74   |
|         | 1767-E        | 62,07                          | 66,33                     | 12,33                     | 0,32                | 60,83                   | 20,37        | 9,57       | 47,07               | 3,87              | 2,47     | 56,27  | 169,99   |
|         | Uzan          | 57,25                          | 62,00                     | 11,60                     | 0,34                | 60,92                   | 16,48        | 7,92       | 47,22               | 3,35              | 2,32     | 56,33  | 139,43   |
|         | 2019          | 1004-B                         | 55,20                     | 54,20                     | 15,80               | 0,17                    | 55,95        | 7,88       | 8,33                | 61,16             | 6,00     | 1,41   | 50,39    |
| 1121-B  |               | 54,58                          | 56,00                     | 16,60                     | 0,13                | 52,58                   | 6,51         | 7,49       | 65,46               | 5,20              | 1,46     | 48,28  | 155,52   |
| 1145-C  |               | 59,88                          | 54,80                     | 14,80                     | 0,15                | 55,40                   | 7,02         | 7,50       | 61,50               | 5,00              | 1,52     | 52,40  | 143,58   |
| 1174-B  |               | 53,83                          | 64,75                     | 17,25                     | 0,17                | 51,72                   | 9,41         | 12,32      | 62,01               | 7,25              | 1,73     | 50,59  | 242,17   |
| 1336-E  |               | 60,96                          | 54,60                     | 14,40                     | 0,16                | 55,50                   | 7,05         | 6,80       | 42,58               | 5,00              | 1,39     | 52,35  | 129,77   |
| 1353-C  |               | 55,64                          | 58,20                     | 15,20                     | 0,18                | 53,69                   | 8,75         | 8,26       | 42,97               | 6,40              | 1,41     | 51,82  | 160,38   |
| 1403-D  |               | 56,36                          | 56,20                     | 14,60                     | 0,18                | 55,20                   | 8,01         | 8,15       | 44,79               | 6,20              | 1,39     | 52,15  | 156,03   |
| 1431-G  |               | 56,24                          | 52,60                     | 14,75                     | 0,18                | 53,52                   | 7,60         | 8,06       | 45,62               | 6,00              | 1,34     | 50,96  | 159,01   |
| 1488-A  |               | 54,08                          | 59,60                     | 15,00                     | 0,19                | 54,25                   | 8,12         | 11,18      | 53,46               | 7,00              | 1,58     | 50,90  | 219,03   |
| 1539-A  |               | 54,96                          | 59,20                     | 16,80                     | 0,16                | 48,55                   | 8,37         | 11,05      | 52,86               | 6,60              | 1,67     | 47,46  | 230,88   |
| 1557-G  |               | 57,56                          | 67,40                     | 16,20                     | 0,21                | 53,38                   | 11,43        | 14,48      | 52,14               | 8,00              | 1,83     | 55,10  | 263,54   |
| 1663-G  |               | 55,22                          | 65,40                     | 17,60                     | 0,17                | 50,25                   | 8,82         | 11,47      | 52,29               | 7,20              | 1,57     | 50,54  | 236,27   |
| 1688-C  |               | 52,36                          | 65,80                     | 16,80                     | 0,14                | 53,22                   | 8,77         | 12,75      | 55,69               | 6,20              | 2,06     | 52,40  | 244,15   |
| 1695-C  |               | 55,20                          | 57,60                     | 16,00                     | 0,20                | 51,02                   | 8,51         | 12,31      | 55,62               | 7,60              | 1,63     | 51,91  | 236,76   |
| 1735-E  |               | 54,56                          | 57,20                     | 15,60                     | 0,19                | 52,38                   | 7,02         | 10,66      | 56,44               | 7,20              | 1,51     | 51,33  | 207,80   |
| 1761-D  |               | 55,74                          | 54,80                     | 15,00                     | 0,23                | 53,71                   | 8,23         | 11,06      | 53,64               | 7,80              | 1,45     | 52,92  | 208,69   |
| 1767-E  |               | 54,64                          | 62,60                     | 16,40                     | 0,16                | 55,84                   | 8,86         | 12,69      | 55,11               | 6,40              | 1,89     | 53,71  | 236,62   |
| Uzan    | 57,28         | 54,60                          | 14,80                     | 0,16                      | 54,70               | 6,86                    | 6,92         | 45,51      | 5,30                | 1,41              | 51,70    | 137,42 |          |

\* TKG = Tausendkorngewicht, (B)KZ = Berechnete Kornzahl, g = Gramm, cm = Zentimeter, nähere Informationen sind in Tabelle 2 Kapitel 2.4.1 nach zu lesen.

## Anhang

**Tabelle S11: Mittelwerte der Population UzxNIL-2B-1 unter Trockenstressbedingungen.**

| Jahr   | Genotyp | Halmhöhe (cm) | Hauptähre: Länge der Ähre (mm) | Hauptähre: Anzahl Ährchen | Hauptähre: KZ pro Ährchen | Hauptähre: TKG* (g) | Totale Trockenmasse (g) | Korntrag (g) | Ernteindex | Ährchen pro Pflanze | Korntrag/Ähre (g) | TKG* (g) | BKZ*   |        |
|--------|---------|---------------|--------------------------------|---------------------------|---------------------------|---------------------|-------------------------|--------------|------------|---------------------|-------------------|----------|--------|--------|
| 2017   | 1004-B  | 65.30         | 65.88                          | 14.08                     | 0.31                      | 69.95               | 22.01                   | 11.00        | 50.16      | 5.19                | 2.12              | 62.77    | 175.35 |        |
|        | 1121-B  | 64.18         | 71.88                          | 16.75                     | 0.30                      | 63.23               | 21.27                   | 9.94         | 47.28      | 5.15                | 1.94              | 54.55    | 185.98 |        |
|        | 1145-C  | 70.08         | 68.68                          | 15.02                     | 0.28                      | 68.19               | 27.04                   | 11.67        | 42.74      | 6.15                | 1.86              | 64.38    | 180.20 |        |
|        | 1174-B  | 66.96         | 71.32                          | 16.48                     | 0.27                      | 66.69               | 25.29                   | 11.81        | 46.56      | 5.39                | 2.17              | 59.56    | 199.19 |        |
|        | 1336-E  | 70.58         | 63.28                          | 13.50                     | 0.31                      | 62.52               | 22.05                   | 8.84         | 39.92      | 4.66                | 1.88              | 60.78    | 145.27 |        |
|        | 1353-C  | 73.22         | 72.44                          | 16.66                     | 0.25                      | 66.49               | 23.12                   | 10.03        | 43.29      | 5.13                | 1.95              | 61.79    | 162.32 |        |
|        | 1403-D  | 73.24         | 67.23                          | 16.25                     | 0.24                      | 68.10               | 23.74                   | 10.04        | 41.92      | 5.08                | 1.95              | 61.59    | 172.45 |        |
|        | 1431-G  | 71.82         | 66.52                          | 15.34                     | 0.28                      | 69.03               | 24.27                   | 11.02        | 45.94      | 5.18                | 2.12              | 62.69    | 176.47 |        |
|        | 1488-A  | 58.92         | 69.00                          | 14.14                     | 0.31                      | 67.16               | 22.24                   | 10.37        | 46.14      | 5.04                | 2.00              | 61.84    | 167.05 |        |
|        | 1539-A  | 61.22         | 65.08                          | 13.28                     | 0.34                      | 68.49               | 26.59                   | 12.17        | 47.00      | 5.45                | 2.11              | 66.65    | 183.97 |        |
|        | 1557-G  | 68.44         | 70.42                          | 16.12                     | 0.24                      | 64.31               | 24.66                   | 9.20         | 40.65      | 5.08                | 1.77              | 59.50    | 154.10 |        |
|        | 1663-G  | 60.20         | 65.58                          | 12.85                     | 0.32                      | 66.10               | 22.15                   | 10.31        | 46.11      | 4.80                | 2.10              | 64.00    | 160.53 |        |
|        | 1688-C  | 63.63         | 66.83                          | 13.40                     | 0.31                      | 66.32               | 22.03                   | 10.32        | 46.66      | 4.98                | 2.07              | 64.98    | 158.63 |        |
|        | 1695-C  | 71.96         | 66.46                          | 15.88                     | 0.27                      | 71.13               | 22.62                   | 10.47        | 46.70      | 4.66                | 2.24              | 61.99    | 167.71 |        |
|        | 1735-E  | 64.75         | 64.28                          | 13.78                     | 0.31                      | 68.85               | 20.49                   | 10.45        | 50.88      | 5.31                | 1.95              | 62.52    | 168.03 |        |
|        | 1761-D  | 66.18         | 66.53                          | 13.68                     | 0.30                      | 67.60               | 20.85                   | 9.47         | 45.38      | 5.28                | 1.82              | 63.83    | 148.46 |        |
|        | 1767-E  | 69.57         | 75.27                          | 17.67                     | 0.25                      | 64.84               | 26.48                   | 12.52        | 47.52      | 5.00                | 1.90              | 58.61    | 213.18 |        |
|        | Uzan    | 63.60         | 69.73                          | 16.00                     | 0.30                      | 65.51               | 16.75                   | 7.35         | 44.41      | 4.63                | 1.59              | 59.96    | 122.46 |        |
|        | 2018    | 1004-B        | 50.43                          | 56.67                     | 9.43                      | 0.33                | 47.17                   | 6.67         | 2.83       | 41.30               | 2.20              | 1.27     | 45.20  | 62.61  |
|        |         | 1121-B        | 51.23                          | 60.00                     | 10.77                     | 0.30                | 49.03                   | 7.70         | 3.33       | 43.60               | 2.20              | 1.53     | 45.50  | 73.50  |
| 1145-C |         | 53.23         | 50.67                          | 8.43                      | 0.28                      | 52.27               | 4.73                    | 2.07         | 43.97      | 1.73                | 1.20              | 47.63    | 43.44  |        |
| 1174-B |         | 49.77         | 56.33                          | 10.67                     | 0.28                      | 51.00               | 7.43                    | 2.87         | 41.13      | 2.17                | 1.30              | 46.60    | 62.08  |        |
| 1336-E |         | 57.37         | 51.33                          | 8.13                      | 0.29                      | 53.63               | 6.27                    | 2.90         | 45.90      | 2.27                | 1.27              | 49.60    | 57.65  |        |
| 1353-C |         | 51.83         | 55.67                          | 10.00                     | 0.27                      | 52.87               | 6.00                    | 2.40         | 41.77      | 1.73                | 1.37              | 50.13    | 47.78  |        |
| 1403-D |         | 55.40         | 53.33                          | 9.43                      | 0.25                      | 50.27               | 5.67                    | 2.50         | 44.57      | 2.03                | 1.23              | 48.90    | 51.02  |        |
| 1431-G |         | 58.73         | 55.00                          | 10.43                     | 0.27                      | 48.80               | 7.83                    | 3.13         | 39.93      | 2.43                | 1.33              | 45.33    | 69.29  |        |
| 1539-A |         | 50.77         | 52.33                          | 8.67                      | 0.33                      | 46.80               | 5.97                    | 2.27         | 39.30      | 2.07                | 1.13              | 42.33    | 53.68  |        |
| 1557-G |         | 50.43         | 48.33                          | 7.30                      | 0.26                      | 53.27               | 4.13                    | 1.87         | 44.87      | 1.80                | 1.03              | 48.70    | 38.15  |        |
| 1663-G |         | 51.27         | 59.33                          | 10.43                     | 0.35                      | 47.80               | 6.37                    | 3.33         | 52.03      | 2.27                | 1.43              | 45.67    | 72.14  |        |
| 1695-C |         | 54.23         | 55.00                          | 10.20                     | 0.29                      | 49.80               | 7.13                    | 3.03         | 42.40      | 2.23                | 1.37              | 47.03    | 64.54  |        |
| 1735-E |         | 49.73         | 51.33                          | 9.00                      | 0.32                      | 50.10               | 6.53                    | 2.90         | 43.77      | 2.27                | 1.27              | 42.23    | 69.08  |        |
| 1761-D |         | 55.00         | 56.67                          | 10.00                     | 0.30                      | 51.53               | 6.87                    | 3.03         | 43.87      | 2.27                | 1.30              | 50.90    | 59.08  |        |
| 1767-E |         | 54.00         | 60.33                          | 10.23                     | 0.30                      | 46.20               | 5.55                    | 2.55         | 43.80      | 2.25                | 1.30              | 41.90    | 60.30  |        |
| Uzan   |         | 51.37         | 57.33                          | 10.05                     | 0.34                      | 47.97               | 6.63                    | 3.03         | 47.02      | 2.17                | 1.35              | 44.37    | 68.48  |        |
| 2019   |         | 1004-B        | 49.38                          | 52.80                     | 14.60                     | 0.10                | 51.04                   | 3.75         | 4.31       | #DIV/0!             | 3.20              | 1.36     | 42.73  | 101.17 |
|        |         | 1121-B        | 48.58                          | 55.20                     | 15.80                     | 0.08                | 42.91                   | 3.52         | 3.95       | #DIV/0!             | 3.00              | 1.32     | 36.84  | 107.40 |
|        |         | 1145-C        | 51.28                          | 52.60                     | 14.60                     | 0.11                | 45.39                   | 3.61         | 3.72       | #DIV/0!             | 3.60              | 1.05     | 41.70  | 89.22  |
|        |         | 1174-B        | 45.58                          | 61.00                     | 16.40                     | 0.09                | 43.16                   | 3.58         | 3.87       | 41.04               | 3.20              | 1.22     | 37.43  | 103.29 |
|        | 1336-E  | 53.62         | 55.20                          | 14.40                     | 0.10                      | 50.87               | 3.98                    | 4.19         | 41.74      | 3.00                | 1.40              | 45.12    | 92.76  |        |
|        | 1353-C  | 51.44         | 56.20                          | 14.40                     | 0.11                      | 51.54               | 4.30                    | 4.44         | 41.10      | 3.40                | 1.33              | 48.60    | 91.56  |        |
|        | 1403-D  | 50.36         | 55.20                          | 15.00                     | 0.12                      | 47.27               | 4.01                    | 4.53         | 45.28      | 3.60                | 1.26              | 43.55    | 104.23 |        |
|        | 1431-G  | 49.70         | 53.00                          | 14.75                     | 0.10                      | 52.59               | 4.05                    | 4.22         | 41.68      | 3.20                | 1.32              | 48.63    | 88.07  |        |
|        | 1488-A  | 44.20         | 61.60                          | 15.40                     | 0.13                      | 42.88               | 4.28                    | 4.66         | 45.63      | 4.00                | 1.17              | 38.12    | 122.61 |        |
|        | 1539-A  | 46.20         | 56.20                          | 16.00                     | 0.11                      | 37.09               | 4.78                    | 4.30         | 39.79      | 4.00                | 1.08              | 34.93    | 123.21 |        |
|        | 1557-G  | 52.54         | 60.20                          | 15.80                     | 0.12                      | 41.11               | 5.17                    | 4.57         | 39.80      | 4.20                | 1.12              | 41.05    | 111.87 |        |
|        | 1663-G  | 45.68         | 62.20                          | 16.00                     | 0.11                      | 40.94               | 4.68                    | 4.63         | 41.57      | 4.20                | 1.12              | 36.99    | 126.26 |        |
|        | 1688-C  | 45.84         | 64.60                          | 16.40                     | 0.12                      | 36.29               | 4.68                    | 4.37         | 40.92      | 4.40                | 1.00              | 32.30    | 135.21 |        |
|        | 1695-C  | 47.58         | 55.20                          | 14.00                     | 0.13                      | 45.94               | 4.25                    | 4.64         | 44.91      | 4.00                | 1.16              | 39.32    | 118.22 |        |
|        | 1735-E  | 47.90         | 58.20                          | 14.80                     | 0.13                      | 44.57               | 4.63                    | 4.70         | 43.32      | 4.00                | 1.21              | 38.20    | 123.80 |        |
|        | 1761-D  | 47.65         | 60.00                          | 15.25                     | 0.13                      | 45.06               | 4.43                    | 4.57         | 42.64      | 4.25                | 1.09              | 39.81    | 114.93 |        |
|        | 1767-E  | 46.46         | 62.00                          | 15.40                     | 0.11                      | 39.12               | 4.40                    | 4.36         | 41.72      | 3.80                | 1.18              | 39.35    | 122.23 |        |
|        | Uzan    | 52.10         | 55.40                          | 14.80                     | 0.10                      | 51.40               | 3.63                    | 3.94         | 41.82      | 2.90                | 1.37              | 46.85    | 84.15  |        |

\* TKG = Tausendkorngewicht, (B)KZ = Berechnete Kornzahl, g = Gramm, cm = Zentimeter, nähere Informationen sind in Tabelle 2 Kapitel 2.4.1 nach zu lesen.

**Tabelle S12: Wahrscheinlichkeitswerte einer einfaktoriellen ANOVA der untersuchten Merkmale über die Versuchsjahre 2017 bis 2019 der Sub-NIL Populationen BN\*NIL-B-7A-2 und Uz\*NIL-U-2B-1.**

| Bedingung     | Merkmal                            | Uz*NIL-U-2B-1.<br>P-value | BN*NIL-B-7A-2<br>P-value |
|---------------|------------------------------------|---------------------------|--------------------------|
| Trockenstress | Halmlänge                          | 0.000                     | 0.000                    |
|               | Hauptährenlänge                    | 0.000                     | <b>0.154</b>             |
|               | Anzahl Ährchen der Hauptähre       | <b>0.865</b>              | 0.001                    |
|               | Kornzahl pro Ährchen der Hauptähre | 0.000                     | 0.000                    |
|               | TKG der Hauptähre                  | 0.000                     | 0.000                    |
|               | GesamtBiomasse                     | 0.000                     | 0.000                    |
|               | Ähren pro Pflanze                  | 0.000                     | 0.000                    |
|               | Kornertrag pro Ähre                | 0.000                     | 0.001                    |
|               | Tausendkorngewicht                 | 0.000                     | 0.000                    |
|               | Berechnete Kornzahl                | 0.000                     | 0.000                    |
| Kontrollbdg.  | Halmlänge                          | <b>0.185</b>              | <b>0.091</b>             |
|               | Hauptährenlänge                    | 0.000                     | <b>0.306</b>             |
|               | Anzahl Ährchen der Hauptähre       | <b>0.942</b>              | 0.000                    |
|               | Kornzahl pro Ährchen der Hauptähre | 0.000                     | 0.000                    |
|               | TKG der Hauptähre                  | 0.000                     | 0.000                    |
|               | GesamtBiomasse                     | 0.000                     | 0.000                    |
|               | Ähren pro Pflanze                  | 0.000                     | 0.001                    |
|               | Kornertrag pro Ähre                | 0.000                     | 0.000                    |
|               | Tausendkorngewicht                 | 0.000                     | 0.000                    |
|               | Berechnete Kornzahl                | <b>0.185</b>              | <b>0.091</b>             |

Getestet wurde mittels dieser ANOVA, ob sich die Gruppenmittelwerte der Merkmale der Einzeljahre unter Trockenstress und Kontrollbedingungen vom Gesamtmittelwert der Daten unterscheiden. Als statistisch signifikant wurden Wahrscheinlichkeitswerte < 0.05 angenommen.

## Danksagung

Herrn Prof. Ordon danke ich zunächst ganz herzlich für die Überlassung des Themas sowie die vertrauensvolle und gute Betreuung während der letzten Jahre. Es war ein anspruchsvolles, komplexes, spannendes und relevantes Thema, dem ich mich gerne gewidmet habe. Herrn Prof. Pillen danke ich für die Übernahme der Erstbetreuung, die Begutachtung dieser Arbeit sowie die Möglichkeit an seinem Lehrstuhl zu promovieren.

Herrn Prof Saranga, Dr. Tamar Krugman, Dr. Andrii Fatihukha, Dr. Gergely Szilagyi, Dr. Kerstin Neumann und M.Sc. Madita Lauterberg, Herrn Prof. Schlegel sowie Dr. Dragan Perovic danke ich für die gute Zusammenarbeit. Einen besonderen Dank auch an das israelische Team der Hebräischen Universität in Jerusalem, insbesondere an Herrn Prof. Saranga sowie Dr. Gergely Szilagyi, für die Etablierung des Pflanzenmaterials und der phänotypischen Daten sowie die gute Kommunikation.

Herrn Prof. Makalowski und Norbert Grundman danke ich für die hilfreichen Ratschläge und wichtigen Hinweise bei der Entwicklung von GenoTypeMapper.

Dr. Jens Keilwagen, Thomas Berner, Kathy Niedung und Marlis Weilepp danke ich für die Unterstützung bei der Analyse der GBS-Daten bzw. die vielen nützlichen Tipps im Labor.

Ein letztes und persönliches Dankeschön geht an meine Eltern und besonders an meine Frau Katharina für Ihre umfassende Unterstützung, die es mir ermöglicht hat dieser Arbeit ein Ende zu schenken.

In den Jahren bin ich im Rahmen dieser Arbeit mit vielen Wissenschaftlern, technischen Assistenten und Praktikanten in Kontakt gekommen. Sollte ich doch jemandem vergessen haben, bitte ich um Verständnis.

# Lebenslauf

## Persönliche Daten

Name: Mathieu Jacques Wilhelm Deblieck  
Nationalität: Deutsch/ Belgisch

## Berufserfahrung

- 2024-aktuell Wissenschaftlicher Mitarbeiter des Swiss Plant Breeding Center (SPBC) in Frick (Schweiz)
- 2022-2024 Wissenschaftlicher Mitarbeiter im Institut für Resistenzgenetik und Stresstoleranz in Quedlinburg. Projektthema: „*BreedFides - Entwicklung eines nachhaltigen Datenökosystems für die Pflanzenzüchtung*“.
- 2019-2022 Wissenschaftlicher Mitarbeiter im Institut für Resistenzgenetik und Stresstoleranz in Quedlinburg. Projektthema: „*Untersuchungen zu den Wechselwirkungen zwischen BaYMV-Stämmen und bekannten Resistenzgenen (BaYMV)*“.
- 2018-2019 Zuckerrübenzüchter bei Strube-Research GmbH &Co.KG
- 2015-2017 Wissenschaftlicher Mitarbeiter im Institut für Resistenzgenetik und Stresstoleranz in Quedlinburg. Projektthema: „*Feinkartierung von mit Trockenstresstoleranz assoziierten QTL-Regionen im Wildemmer*“.
- 2014-2015 Masterarbeit zum Thema: „*Identifikation von Kandidatengenen für die quantitative, prähaustorielle Resistenz von Triticum monococcum gegenüber Puccinia triticina*“ im Institut für Resistenzgenetik und Stresstoleranz in Quedlinburg.

## Ausbildung

- 2017- aktuell Doktorand am Julius-Kühn-Institut (JKI) im Institut für Resistenzgenetik und Stresstoleranz in Quedlinburg
- 2012- 2015 Abgeschlossenes Masterstudium der Nutzpflanzenwissenschaften an der Martin-Luther-Universität Halle (MLU)
- 2011-2012 Masterstudium Bioinformatik an der Universität Hamburg (UH) (Zwei von vier Semestern)
- 2006-2011 Abgeschlossenes vierjähriges Bachelorstudium der Biologie und medizinischen Laborforschung an der Saxion University of applied Science in Enschede (NL)
- 1993-2006 Allgemeine Hochschulreife am Konrad-Duden-Gymnasium in Wesel

## Publikationen mit Peer review Verfahren

- Deblieck, Mathieu**; Ordon, Frank; Serfling, Albrecht (2023): Mapping of prehaustorial resistance against wheat leaf rust in einkorn (*Triticum monococcum*), a progenitor of wheat. In: *Frontiers in plant science* 14, Artikel 1252123. DOI: 10.3389/fpls.2023.1252123.
- Lauterberg, Madita; Saranga, Yehoshua; **Deblieck, Mathieu**; Klukas, Christian; Krugman, Tamar; Perovic, Dragan et al. (2022): Precision phenotyping across the life cycle to validate and decipher drought-adaptive QTLs of wild emmer wheat (*Triticum turgidum* ssp. *dicoccoides*) introduced into elite wheat varieties. In *Frontiers in plant science* 13, p. 965287. DOI: 10.3389/fpls.2022.965287.
- Deblieck, Mathieu**; Szilagyi, Gergely; Andrii, Fatiukha; Saranga, Yehoshua; Lauterberg, Madita; Neumann, Kerstin et al. (2022): Dissection of a grain yield QTL from wild emmer wheat reveals sub-intervals associated with culm length and kernel number. In *Front. Genet.* 13, Article 955295. DOI: 10.3389/fgene.2022.955295.
- Fatiukha, Andrii; **Deblieck, Mathieu**; Klymiuk, Valentyna; Merchuk-Ovnat, Lianne; Peleg, Zvi; Ordon, Frank et al. (2021): Genomic Architecture of Phenotypic Plasticity in Response to Water Stress in Tetraploid Wheat. In *International journal of molecular sciences* 22 (4). DOI: 10.3390/ijms22041723.
- Deblieck, Mathieu** on genetic and sequence-based maps. In *Plant methods* 16, p. 123. DOI: 10. ; Fatiukha, Andrii; Grundman, Norbert; Merchuk-Ovnat, Lianne; Saranga, Yehoshua; Krugman, Tamar et al. (2020): GenoType- Mapper: graphical genotyping 1186/s13007-020-00665-7.
- Jąkalski, Marcin; Takeshita, Kazutaka; **Deblieck, Mathieu**; Koyanagi, Kanako O.; Makałowska, Izabela; Watanabe, Hidemi; Makałowski, Wojciech (2016): Comparative genomic analysis of retrogene repertoire in two green algae *Volvox carteri* and *Chlamydomonas reinhardtii*. In *Biology direct* 11, p. 35. DOI: 10.1186/s13062-016-0138-1.



## Eidesstattliche Erklärung/ Declaration under Oath

Ich erkläre an Eides statt, dass ich die Arbeit selbstständig und ohne fremde Hilfe verfasst, keine anderen als die von mir angegebenen Quellen und Hilfsmittel benutzt und die den benutzten Werken wörtlich oder inhaltlich entnommenen Stellen als solche kenntlich gemacht habe.

*I declare under penalty of perjury that this thesis is my own work entirely and has been written without any help from other people. I used only the sources mentioned and included all the citations correctly both in word or content.*

---

Datum / Date

---

Unterschrift des Antragstellers / Signature of the applicant

Teile dieser Arbeit wurden veröffentlicht in:

**Deblieck, Mathieu;** Fatiukha, Andrii; Grundman, Norbert; Merchuk-Ovnat, Lianne; Saranga, Yehoshua; Krugman, Tamar et al. (2020): GenoTaypeMapper: graphical genotyping on genetic and sequence-based maps. In *Plant methods* 16, p. 123. DOI: 10.1186/s13007-020-00665-7.

**Deblieck, Mathieu;** Szilagyi, Gergely; Andrii, Fatiukha; Saranga, Yehoshua; Lauterberg, Madita; Neumann, Kerstin et al. (2022): Dissection of a grain yield QTL from wild emmer wheat reveals sub-intervals associated with culm length and kernel number. In *Front. Genet.* 13, Article 955295. DOI: 10.3389/fgene.2022.955295.

Fatiukha, Andrii; **Deblieck, Mathieu;** Klymiuk, Valentyna; Merchuk-Ovnat, Lianne; Peleg, Zvi; Ordon, Frank et al. (2021): Genomic Architecture of Phenotypic Plasticity in Response to Water Stress in Tetraploid Wheat. In *International journal of molecular sciences* 22 (4). DOI: 10.3390/ijms2204172