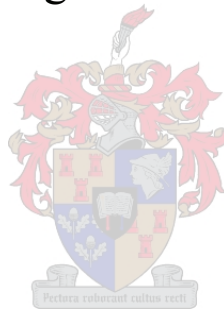


VERKORTING VAN DIE *Ae. peregrina*- VERHAALDE *Lr59*-TRANSLOKASIE VAN KORING.

deur

Luigia Kotze



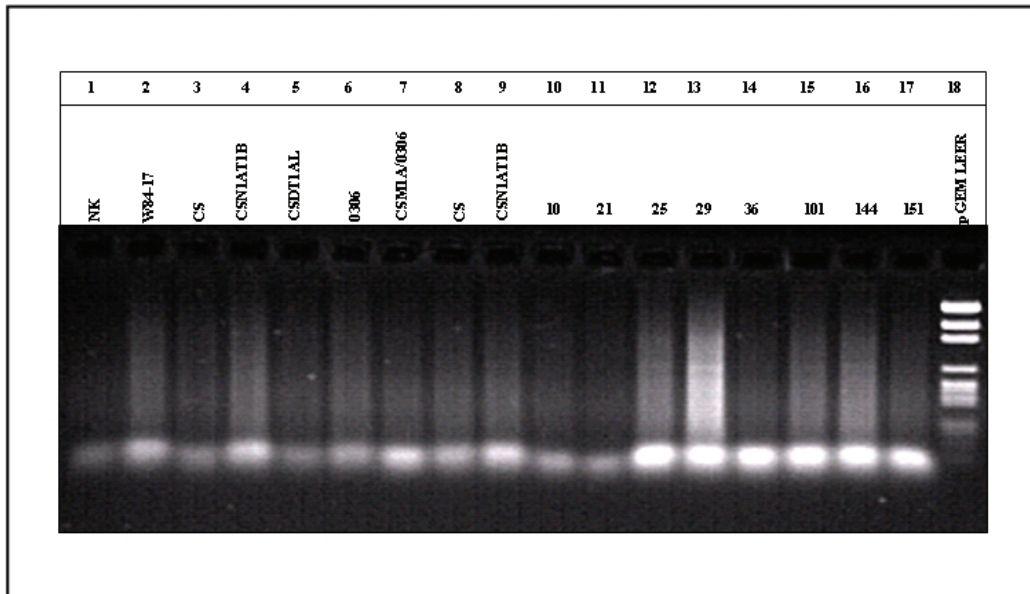
Tesis ingelewer ter gedeeltelike voldoening aan die vereistes vir die graad
Magister in die Natuurwetenskappe aan die Universiteit van Stellenbosch.

Studieleier: Prof. GF Marais

Maart 2009

4.4.2.1 Beperkingsensiem vertering van genomiese DNS en ligering van hegstukke.

Elke DNS-monster is met die beperkingsensieme *MseI* en *EcoRI* verteer. Vertering en die ligasie van hegstukke is in dieselfde reaksie gedoen. 'n Negatiewe kontrole is ingesluit om potensiële kontaminasie te monitor. Die produkte is op 'n 1.5% agarose gel geskei ten einde te bevestig dat die beperkings-ligasie reaksies suksesvol was (Figuur 4.7)



Figuur 4.7 Gelfoto wat die beperkingsensiem vertering en hegstukligasieprodukte van die kontrole plante (W84-17, CS, CSN1AT1B, CSDT1AL, 0306 en CSM1A/0306) en die agt kortste rekombinante aandui (1.5% agarose gel, elektroforese teen 100 V vir 30 minute). Laan 1: negatiewe kontrole. Laan 18: pGEM leer.

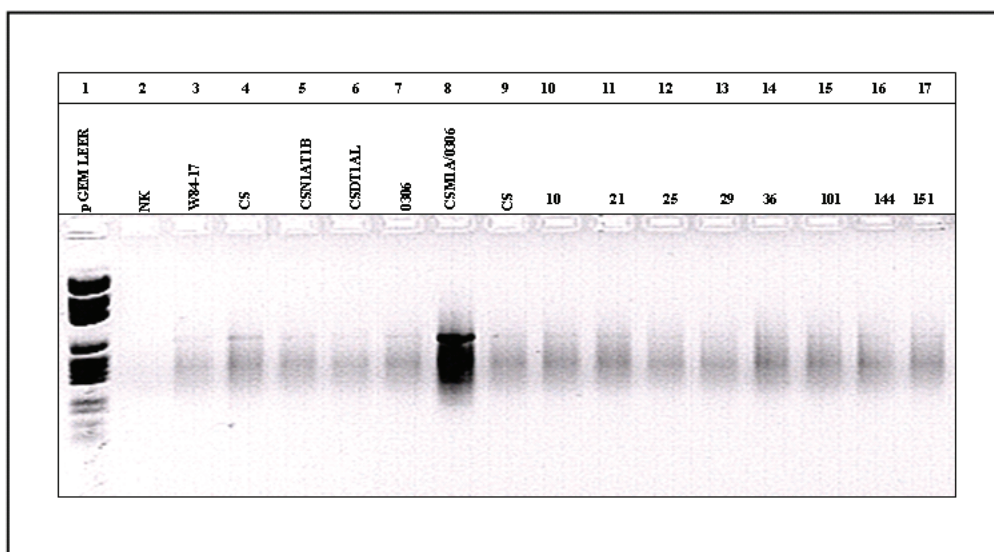
Soos blyk uit Figuur 4.7 kon dowwe smere in elke laan behalwe in laan 1 (wat die negatiewe kontrole bevat het) waargeneem word. Hierdie resultaat word verwag aangesien die hele genoom verteer is met ensieme wat onderskeidelik gereelde en ongereelde snyding teweeggebring het. Gevolglik is groot hoeveelhede fragmente gegenereer wat na elektroforetiese skeiding op agarose slegs as smere sou vertoon. Aangesien die beperkings-ligasie reaksie groot hoeveelhede DNS-fragmente gegenereer het, is slegs 'n kwart van die reaksievolume op die agarose gel gelaai.

4.4.2.2 Pre-selektiewe amplifikasie

Die oorblywende beperkings-ligasie reaksie volume is tien maal verdun en geamplifiseer met pre-selektiewe inleiers wat die hegstukvolgordes aan die ente van fragmente herken het. Om

die hoeveelheid geamplifiseerde fragmente te verminder, word inleiers op so 'n manier ontwerp dat dit 'n addisionele 3'-nukleotied besit wat aan 'n nukleotied van die oorspronklike DNS-volgorde direk langs die hegstuk, bind. Die aantal fragmente moet verminder word om sodoende die kompleksiteit van die fragmentepoel te verminder.

Figuur 4.8 toon die skeiding van die pre-selektiewe amplifikasieprodukte op 'n agarose gel. In elke laan word 'n groot aantal geamplifiseerde fragmente waargeneem. Die negatiewe kontrole in laan 2 toon egter geen bande nie en gevolglik was die reaksie vry van kontaminasie met vreemde DNS.



Figuur 4.8 Gelfoto wat die pre-selektiewe amplifikasieprodukte van die kontrole plante (W84-17, CS, CSN1AT1B, CSDT1AL, 0306 en CSM1A/0306) en die agt kortste rekombinante aandui (1.5% agarose gel, elektroforese teen 100 V vir 30 minute). Laan 1: pGEM leer. Laan 2: negatiewe kontrole.

4.4.2.3 Selektiewe amplifikasie en visualisering van amplifikasieprodukte.

Verdunde pre-selektiewe PKR amplifikasieprodukte is as templaats-DNS gebruik vir die selektiewe amplifikasie-stap. Om die koste van elektroforese te beperk is multipleksreaksies uitgevoer waartydens die drie gemerkte, selektiewe *EcoRI*-inleiers met een van die ongemerkte *MseI*-inleiers (Tabel 3.5) in een reaksie gekombineer is. Die voordeel van multipleksreaksies was dat die maksimum hoeveelheid inligting per monster verkry kon word.

Die AFLP-tegniek het slegs fragmente opgespoor wat op die een ent 'n ongemerkte inleier (*MseI*) en op die ander ent 'n gemerkte inleier (*EcoRI*) besit het, sowel as fragmente wat

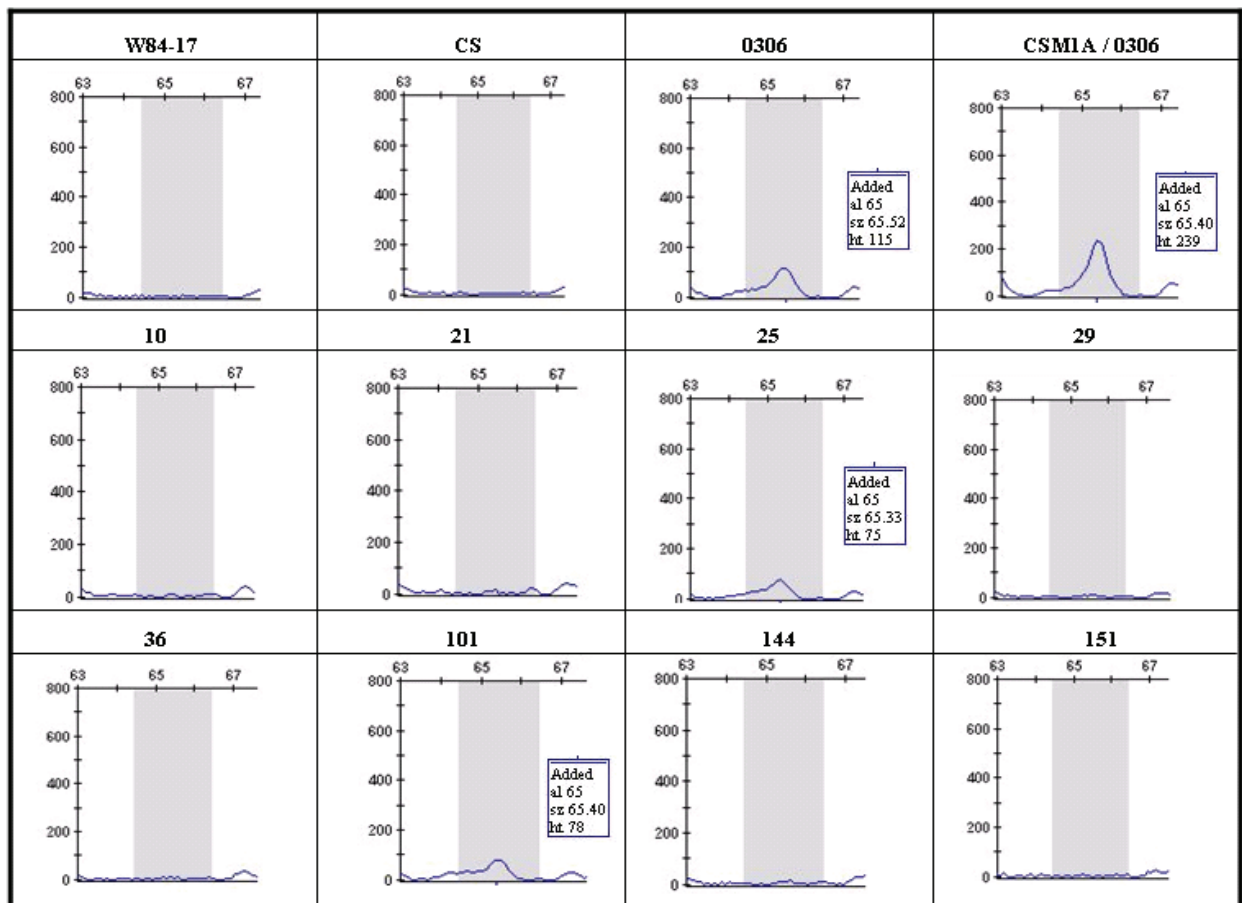
gemerkte inleiers (*EcoRI*) op beide ente besit het. Die frekwensie van laasgenoemde is in die algemeen baie laag aangesien die *EcoRI* beperkingsensiem ongereelde snyding teweegbring. Fragmente wat slegs ongemerkte inleiers (*MseI*) op beide ente besit kan nie opgespoor word nie en aangesien die *MseI* beperkingsensiem gereelde snyding teweegbring sou daar baie sulke fragmente gegeneer gewees het. Analise is dus vergemaklik aangesien die aantal fragmente wat waargeneem word baie minder is as die aantal wat wel geamplifiseer het. Dit verduidelik waarom die *MseI*-inleier ongemerk moes wees.

Die drie *EcoRI* selektiewe inleiers is in kombinasie met elk van die agt *MseI* selektiewe inleiers gebruik (Tabel 3.5). 'n Totaal van 24 verskillende inleierkombinasies is dus getoets en elke kombinasie het 'n verskillende aantal polimorfiese allele opgespoor. Alhoewel al drie *EcoRI*-inleiers in 'n enkele reaksie met 'n *MseI*-inleier gemultipleks word, maak die verskillende gemerkte kleure dit moontlik om die drie reaksies apart te ontleed met die GeneMapper-sagteware.

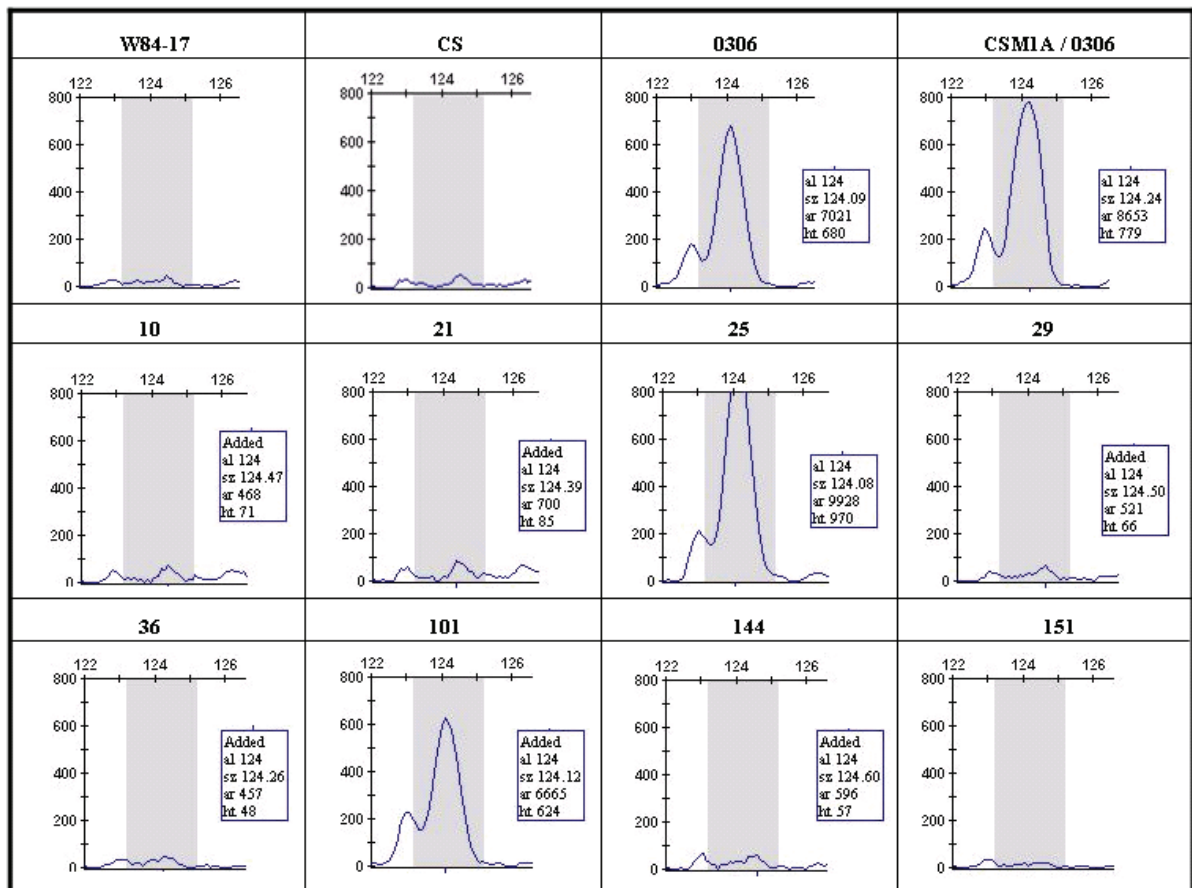
Figure 7.50 tot 7.69 (Addendum A) is grafiese voorstellings van die reeks AFLP-pieke/-allele wat na toetsing van die kontrole plante en verkorte rekombinante met die GeneMapper-sagteware vanaf genetiese analiseerderdata gegeneer is. Individuele pieke verteenwoordig geamplifiseerde DNS-fragmente wat wissel in grootte. In hierdie studie is fragmente wat wissel tussen 100 en 500 bp bestudeer. GeneMapper-resultate is vereenvoudig deur sekere beperkings te stel tydens gebruik van die sagteware-pakket. Hierdie beperkings het ingesluit dat fragmente volgens piek-intensiteite geselekteer word en dat die fokusarea van die allele gespesifiseer word. Kontrole plante (W84-17, CS, 0306 en CSM1A) is met die selektiewe inleiers geamplifiseer om sodoende polimorfiese allele te identifiseer. Polimorfiese allele is aangedui as teenwoordig (+) of afwesig (-). Slegs polimorfismes wat informatief was ten opsigte van die studie is in ag geneem. Om nuttig te wees moes 'n betrokke alleel/piek teenwoordig wees in 0306 of CSM1A/0306 en afwesig wees in W84-17, CS en CSS. Die polimorfisme sou dus spesifiek gewees het vir die *Lr59*-translokasie en sou nuttig gebruik kon word om tussen koring- en spesiechromatien te onderskei. Alternatiewelik kan daar gekyk word na gevalle waar die alleel/piek teenwoordig is in die koringgenoom (W84-17, CS en CSS) en afwesig was in die spesie genoom (CSM1A/0306 en 0306). In so geval sou die merker dus koring-spesifiek wees.

Die grys stroke wat oor die pieke span (Figure 7.50 tot 7.69 (Addendum A)) staan as alleelbundels (“bins”) bekend en dui die geselekteerde, polimorfiese pieke in elke monster aan.

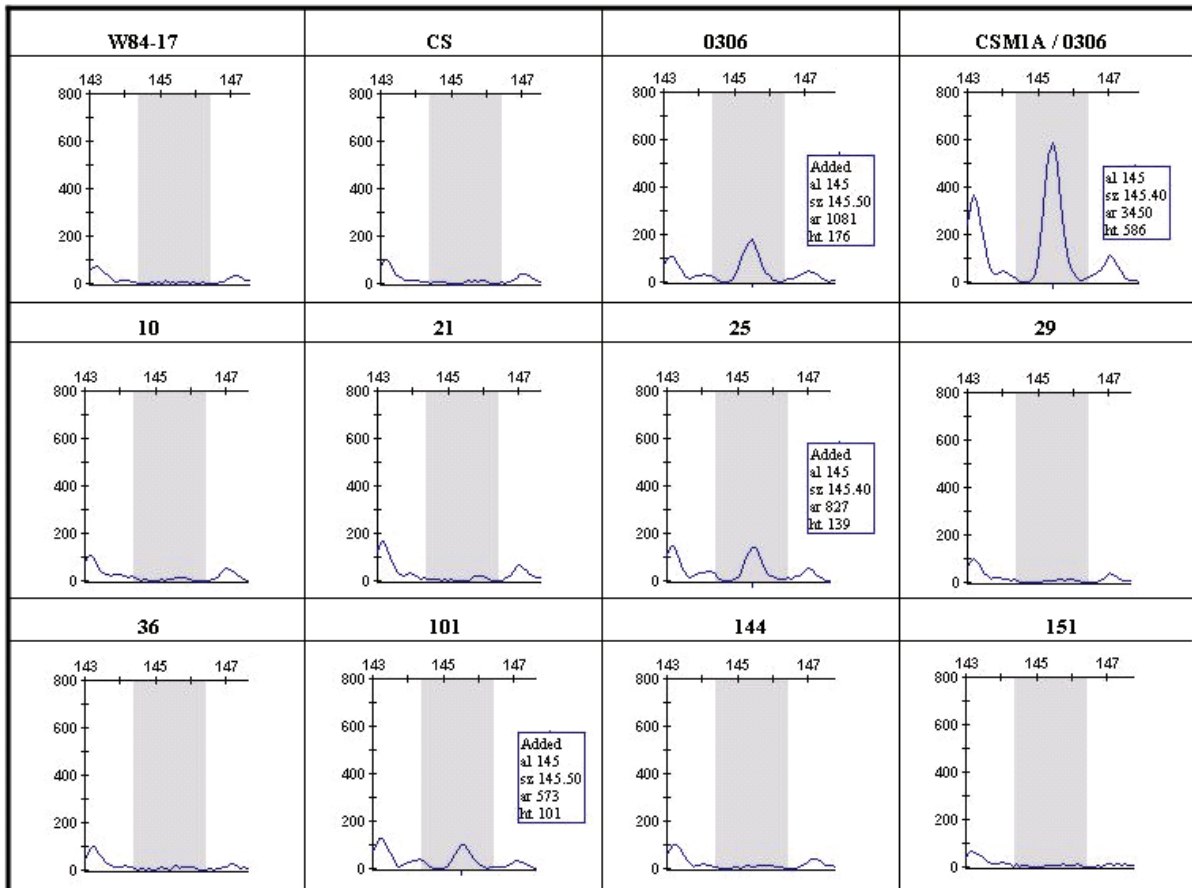
Figure 4.9 tot 4.20 verteenwoordig vereenvoudigde weergawes van die resultate wat vir nuttige, polimorfiese pieke in Figure 7.50 tot 7.69 (Addendum A) verkry is. Elke blok in ’n betrokke figuur dui ’n spesifieke polimorfiese piek aan wat teenwoordig of afwesig is in die betrokke plant en wat gebruik kon word om te onderskei tussen spesie- en koringchromatien. Piekhoogte is ’n aanduiding van die intensiteit van die betrokke geamplifiseerde fragment. Pieke wat ’n intensiteit van meer as 40 gehad het, is bestudeer.



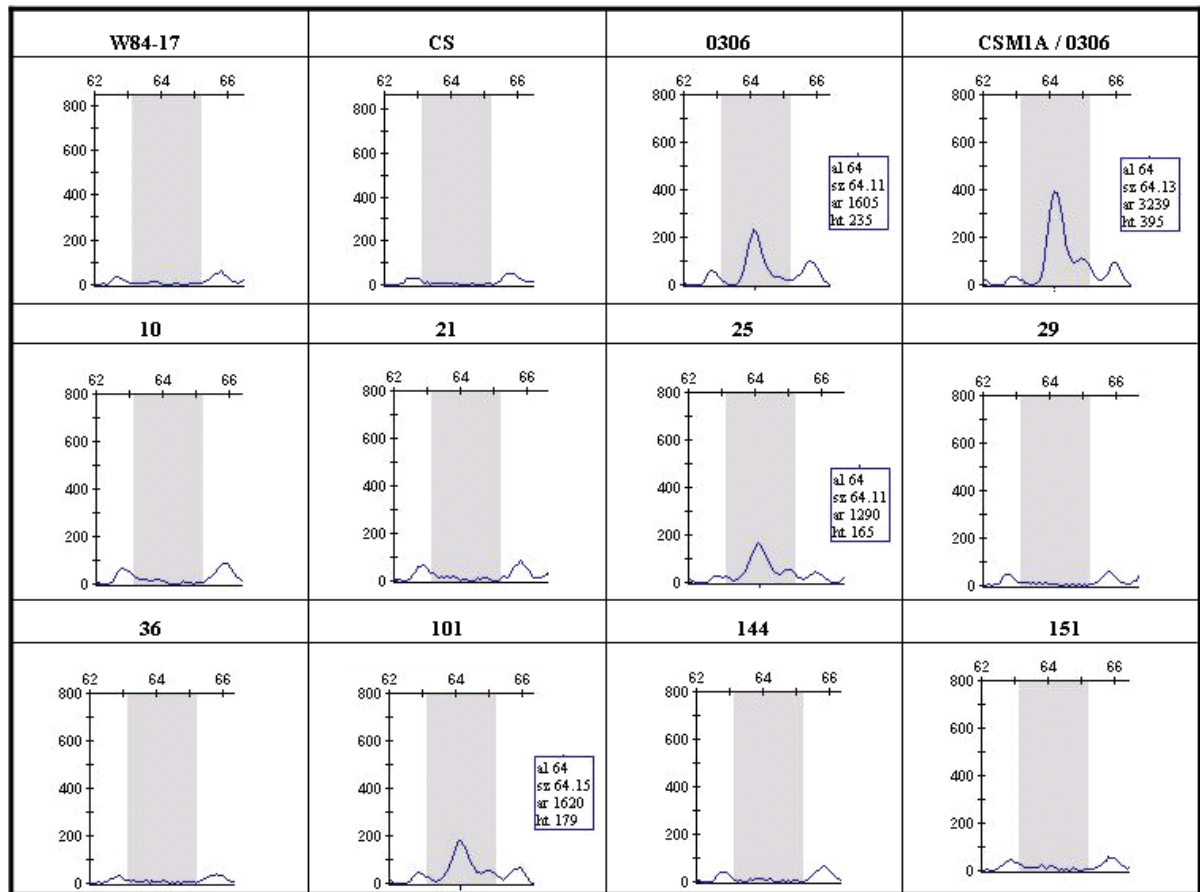
Figuur 4.9: AFLP-pieke gegeneer met GeneMapper-sagteware vanaf genetiese analiseerder data. Nie-selektiewe amplifikasieprodukte van die kontrole plante (W84-17, CS, 0306 en CSM1A/0306) en agt TF₁: 07M5 plante is selektief geamplifiseer met *EcoRI*-ACA [FAM (blou)] en *MseI*-CAA-inleiers. Die inleiers amplifiseer ’n *Ae. peregrina* geassosieerde fragment, *M*-CAA/*E*-ACA-65.



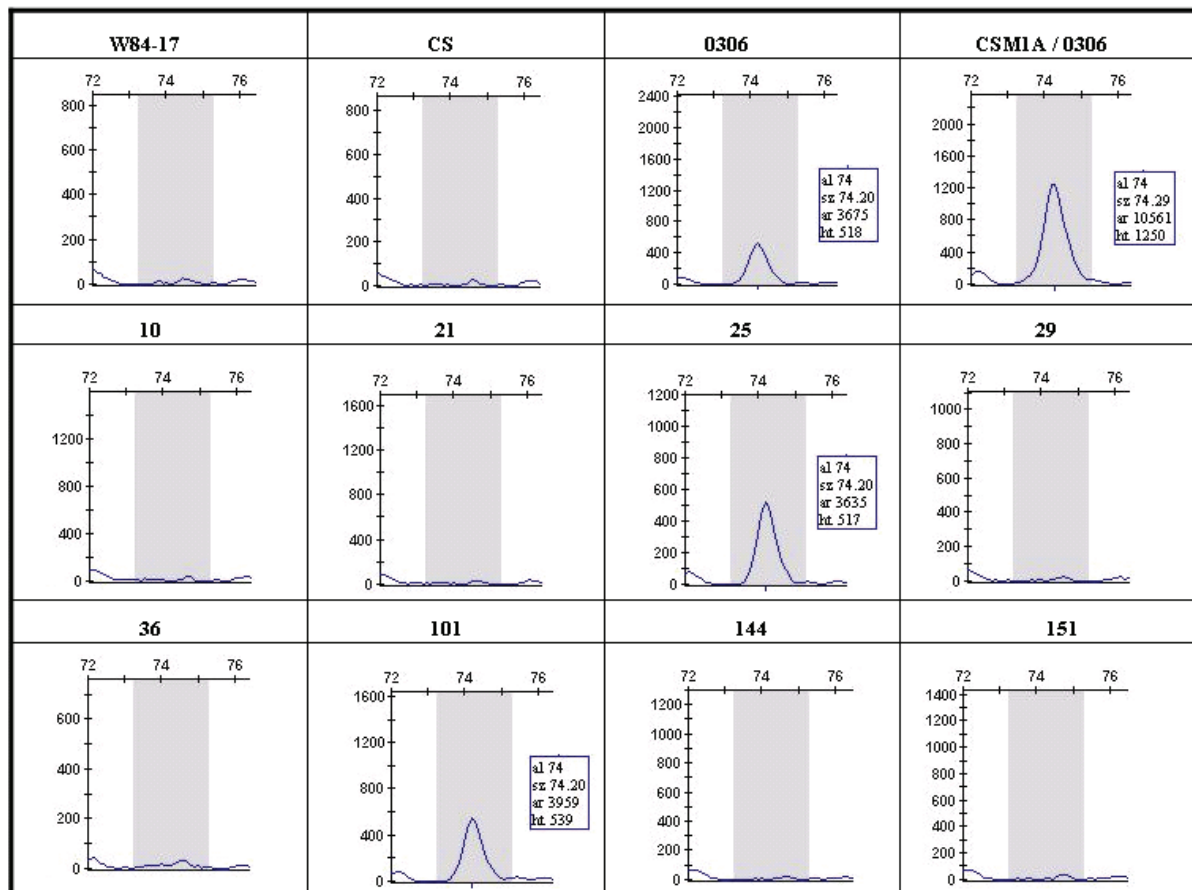
Figuur 4.10: AFLP-pieke gegenereer met GeneMapper-sagteware vanaf genetiese analiseerder data. Nie-selektiewe amplifikasieprodukte van die kontrole plante (W84-17, CS, 0306 en CSM1A/0306) en agt TF₁: 07M5 plante is selektief geamplifiseer met *EcoRI*-ACA [FAM (blou)] en *MseI*-CAA inleiers. Die inleiers amplifiseer 'n *Ae. peregrina* geassosieerde fragment, *M*-CAA/*E*-ACA-124.



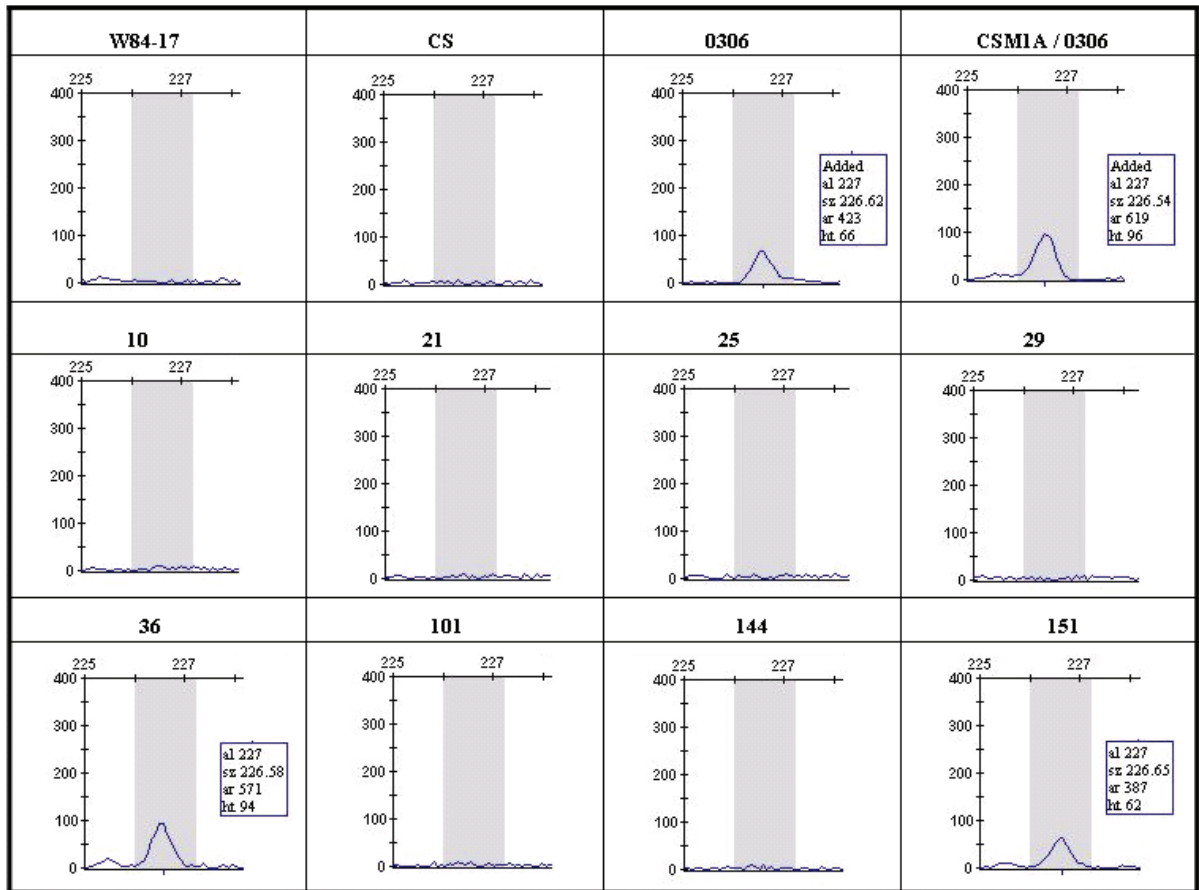
Figuur 4.11: AFLP-pieke gegenereer met GeneMapper-sagteware vanaf genetiese analiseerder data. Nie-selektiewe amplifikasieprodukte van die kontrole plante (W84-17, CS, 0306 en CSM1A/0306) en agt TF₁: 07M5 plante is selektief geamplifiseer met *EcoRI*-ACA [FAM (blou)] en *MseI*-CAA-inleiers. Die inleiers amplifiseer 'n *Ae. peregrina* geassosieerde fragment, *M*-CAA/*E*-ACA-145.



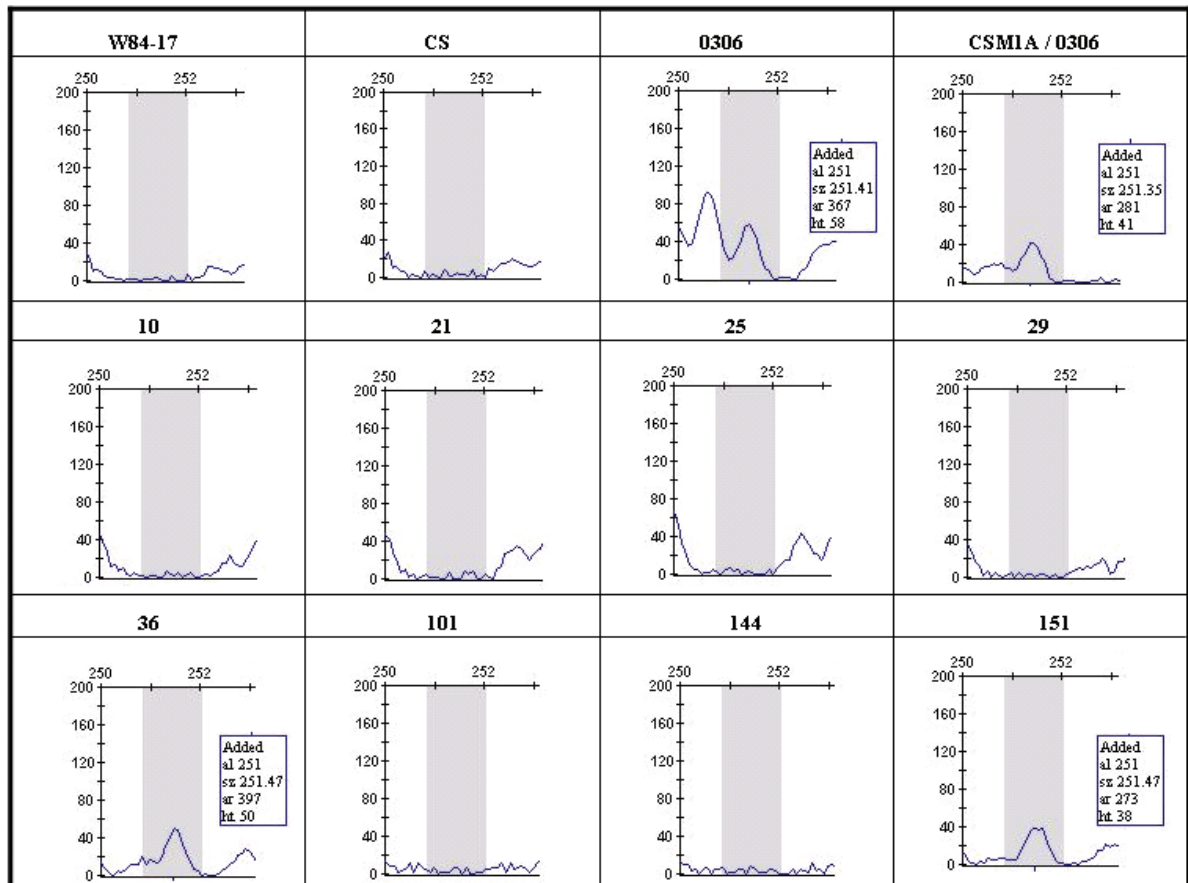
Figuur 4.12: AFLP-pieke gegenereer met GeneMapper-sagteware vanaf genetiese analiseerder data. Nie-selektiewe amplifikasieprodukte van die kontrole plante (W84-17, CS, 0306 en CSM1A/0306) en agt TF₁: 07M5 plante is selektief geamplifiseer met *EcoRI*-ACA [FAM (blou)] en *MseI*-CAT-inleiers. Die inleiers amplifiseer 'n *Ae. peregrina* geassosieerde fragment, *M*-CAT/*E*-ACA-64.



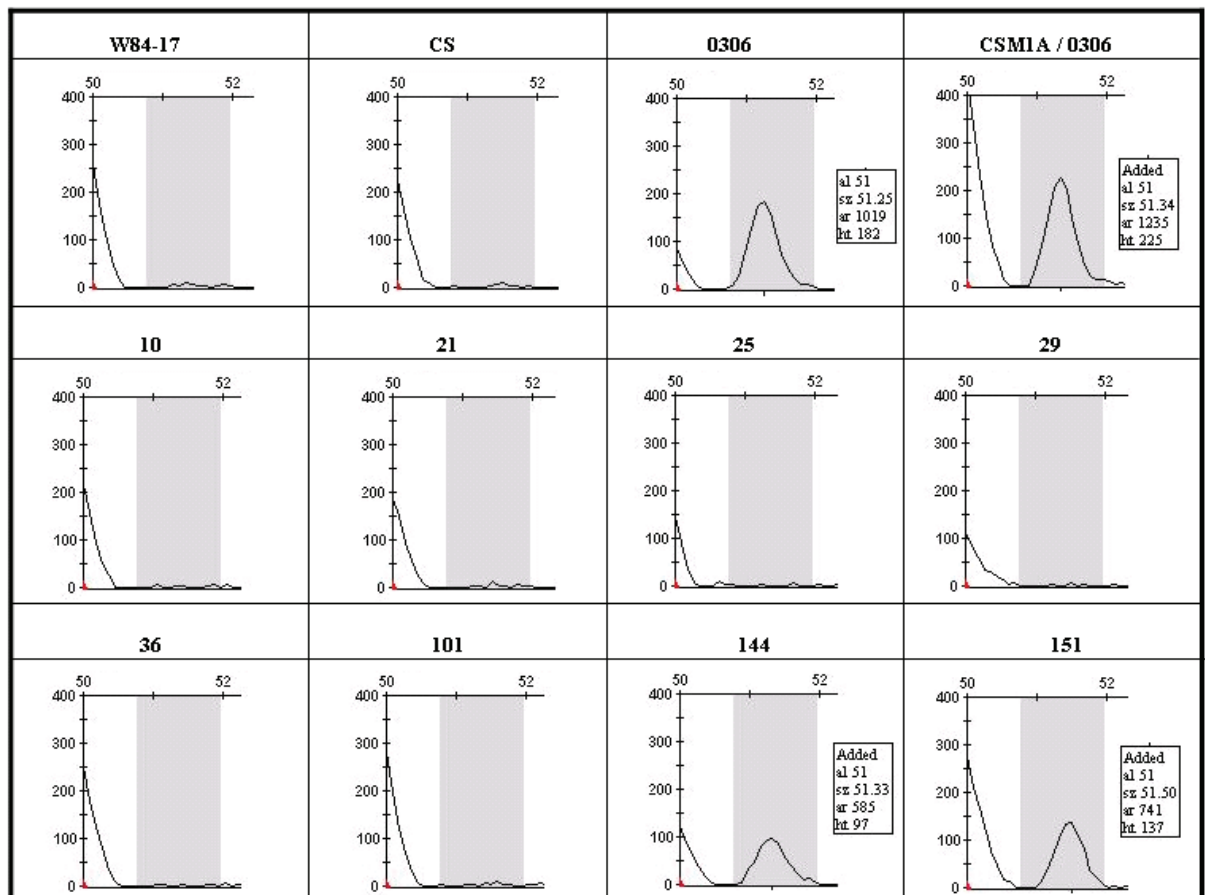
Figuur 4.13: AFLP-pieke gegenereer met GeneMapper-sagteware vanaf genetiese analiseerder data. Nie-selektiewe amplifikasieprodukte van die kontrole plante (W84-17, CS, 0306 en CSM1A/0306) en agt TF₁: 07M5 plante is selektief geamplifiseer met *EcoRI*-ACA [FAM (blou)] en *MseI*-CAT-inleiers. Die inleiers amplifiseer 'n *Ae. peregrina* geassosieerde fragment, *M*-CAT/*E*-ACA-74.



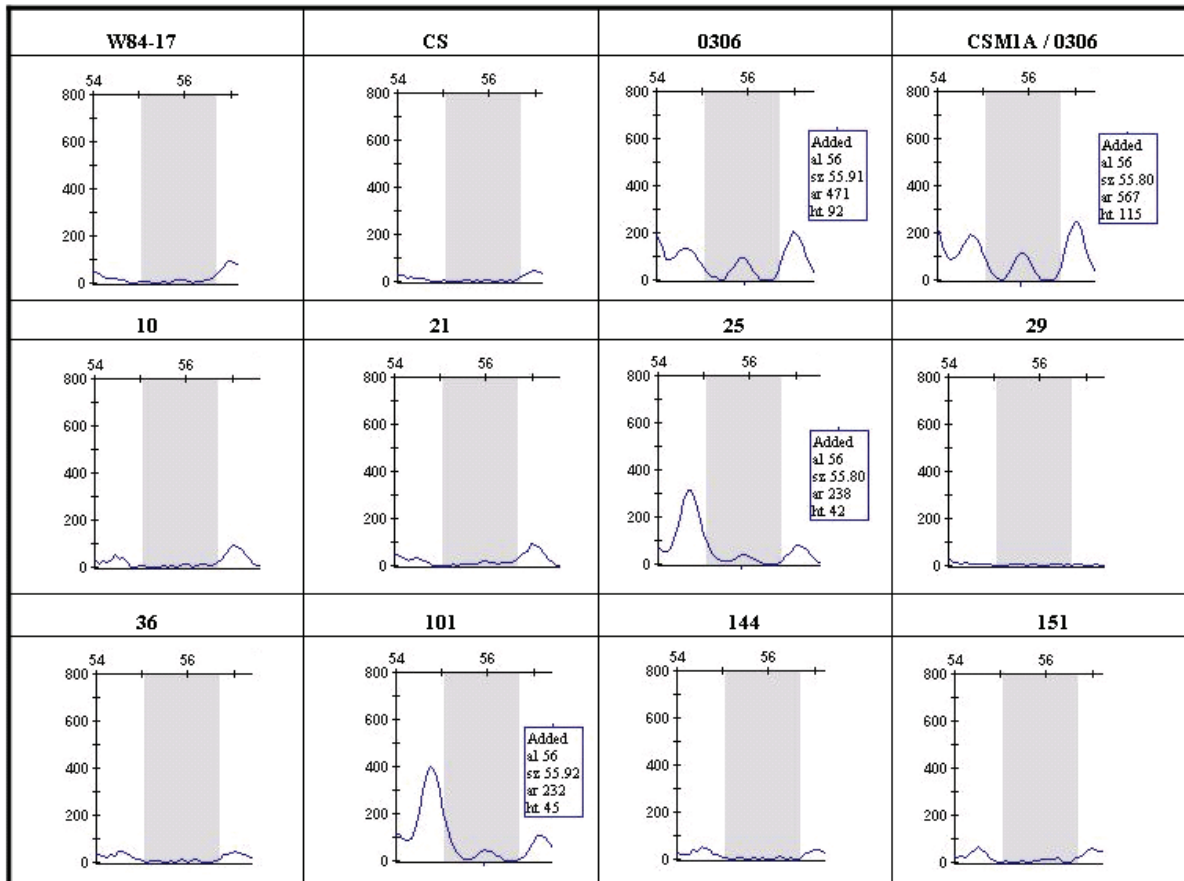
Figuur 4.14: AFLP-pieke genereer met GeneMapper-sagteware vanaf genetiese analiseerder data. Nie-selektiewe amplifikasieprodukte van die kontrole plante (W84-17, CS, 0306 en CSM1A/0306) en agt TF₁: 07M5 plante is selektief geamplifiseer met *Eco*RI-ACA [FAM (blou)] en *Mse*I-CTA inleiers. Die inleiers amplifiseer 'n *Ae. peregrina* geassosieerde fragment, *M*-CTA/*E*-ACA-227.



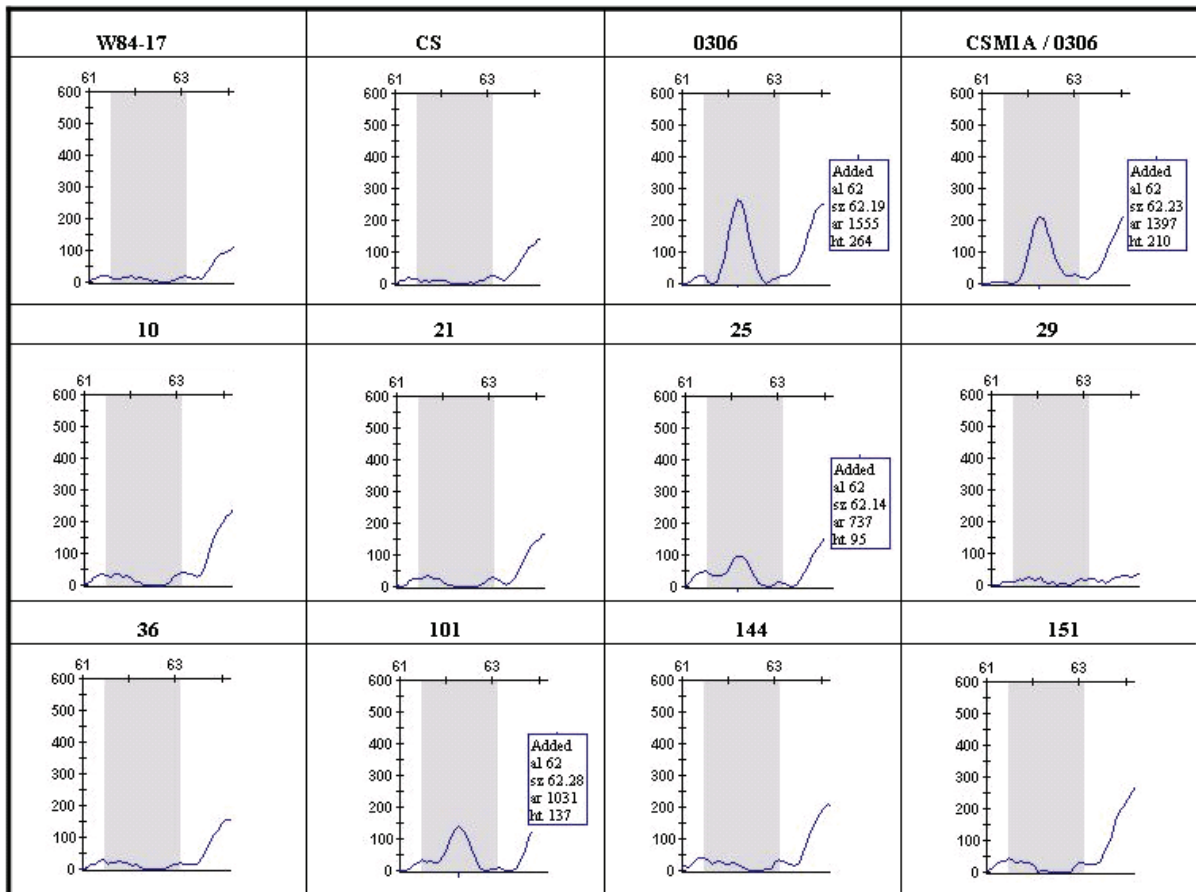
Figuur 4.15: AFLP-pieke gegenereer met GeneMapper-sagteware vanaf genetiese analiseerder data. Nie-selektiewe amplifikasieprodukte van die kontrole plante (W84-17, CS, 0306 en CSM1A/0306) sowel as die agt TF₁: 07M5 plante is selektief geamplifiseer met *EcoRI*-ACA [FAM (blou)] en *MseI*-CTA inleiers. Die inleiers amplifiseer 'n *Ae. peregrina* geassosieerde fragment, *M*-CTA/*E*-ACA-251.



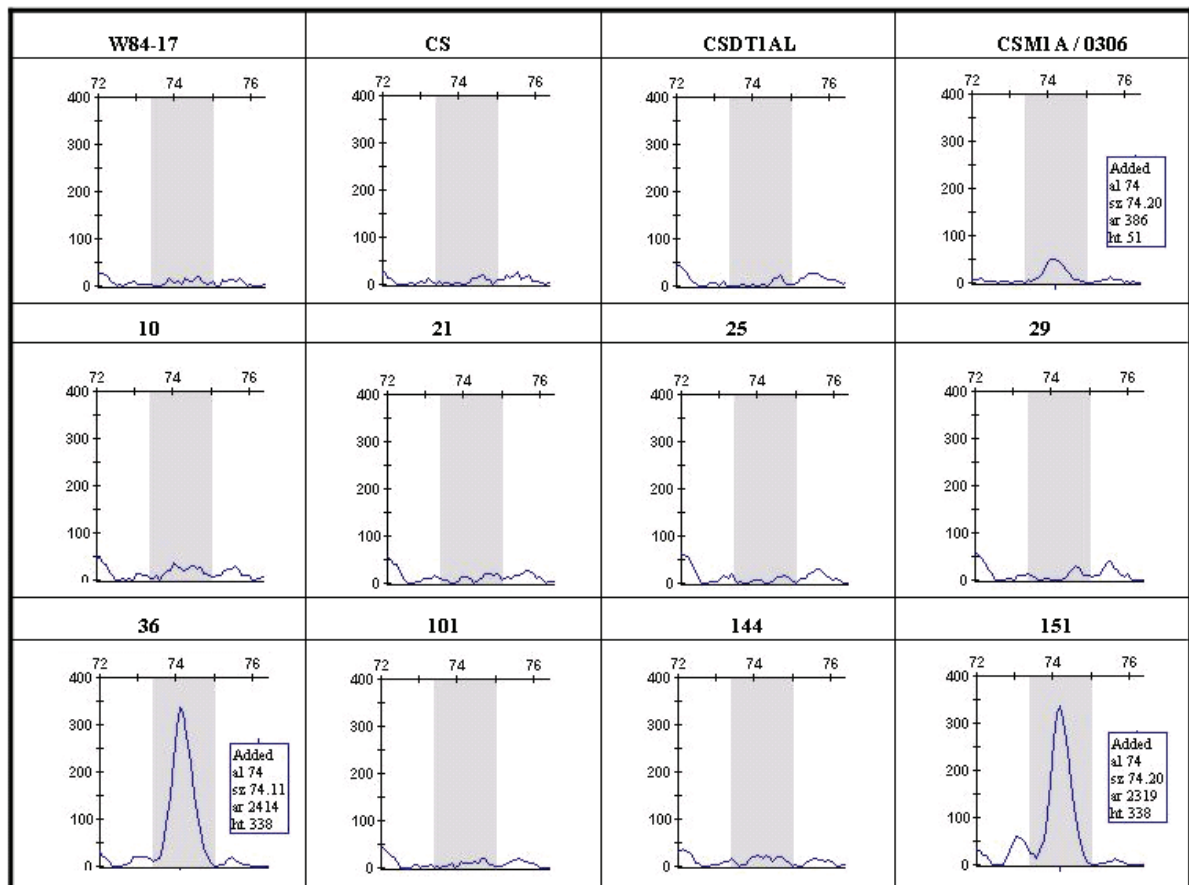
Figuur 4.16: AFLP-pieke gegenereer met GeneMapper-sagteware vanaf genetiese analiseerder data. Nie-selektiewe amplifikasieprodukte van die kontrole plante (W84-17, CS, 0306 en CSM1A/0306) sowel as die agt TF₁: 07M5 plante is selektief geamplifiseer met *Eco*RI-AAC [NED (geel)] en *Mse*I-CAC inleiers. Die inleiers amplifiseer 'n *Ae. peregrina* geassosieerde fragment, *M*-CAC/*E*-AAC-51.



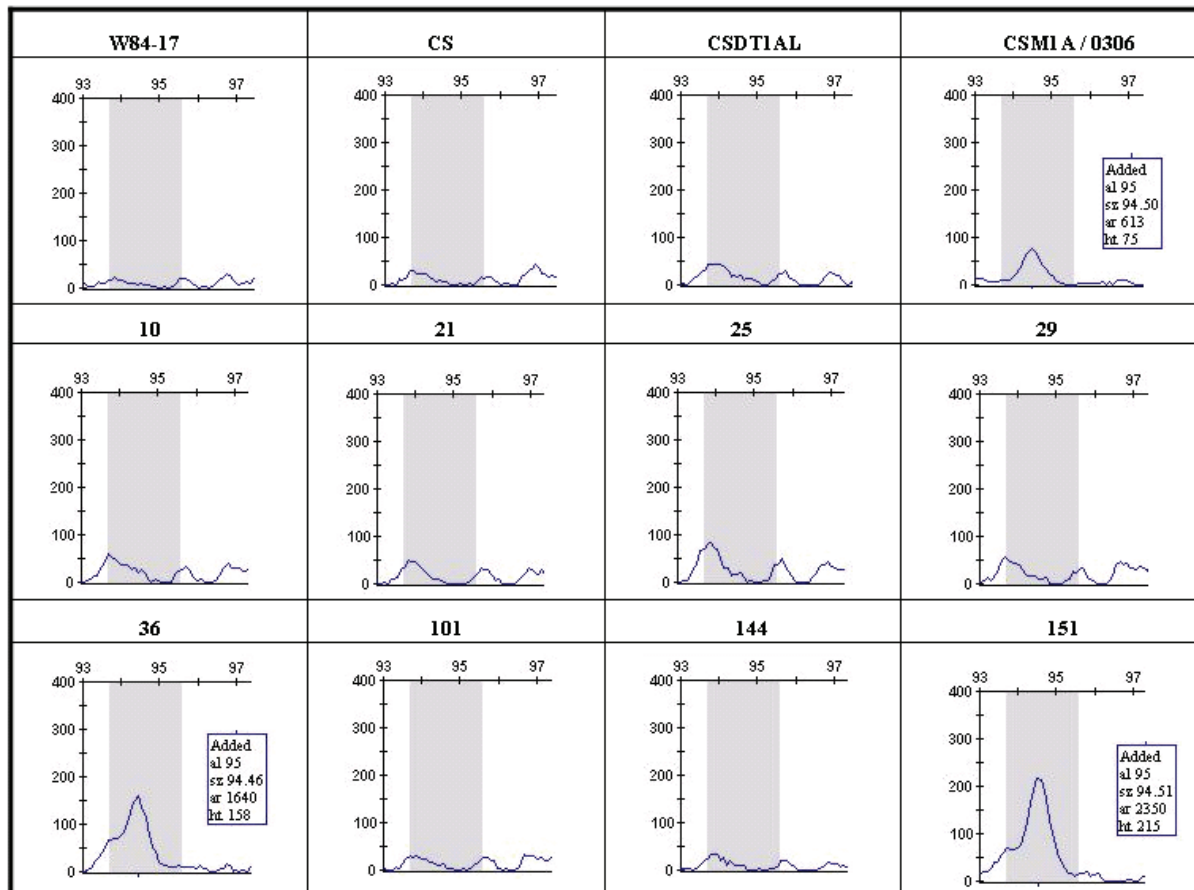
Figuur 4.17: AFLP-pieke gegenereer met GeneMapper-sageware vanaf genetiese analyseerder data. Nie-selektiewe amplifikasieprodukte van die kontrole plante (W84-17, CS, 0306 en CSM1A/0306) en agt TF₁: 07M5 plante is selektief geamplifiseer met *EcoRI*-ACA [FAM (blou)] en *MseI*-CTT inleiers. Die inleiers amplifiseer 'n *Ae. peregrina* geassosieerde fragment, *M*-CTT/*E*-ACA-56.



Figuur 4.18: AFLP-pieke gegenereer met GeneMapper-sagteware vanaf genetiese analiseerder data. Nie-selektiewe amplifikasieprodukte van die kontrole plante (W84-17, CS, 0306 en CSM1A/0306) en agt TF₁: 07M5 plante is selektief geamplifiseer met *EcoRI*-ACA [FAM (blou)] en *MseI*-CTT inleiers. Die inleiers amplifiseer 'n *Ae. peregrina* geassosieerde fragment, *M*-CTT/*E*-ACA-62.



Figuur 4.19: AFLP-pieke gegenereer met GeneMapper-sageware vanaf genetiese analyseerder data. Nie-selektiewe amplifikasieprodukte van die kontrole plante (W84-17, CS, CSDT1AL en CSM1A/0306) en agt TF₁: 07M5 plante is selektief geamplifiseer met *Eco*RI-ACA [FAM (blou)] en *Mse*I-CTC inleiers. Die inleiers amplifiseer 'n *Ae. peregrina* geassosieerde fragment, *M*-CTC/*E*-ACA-74.



Figuur 4.20: AFLP-pieke gegenereer met GeneMapper-sagteware vanaf genetiese analiseerder data. Nie-selektiewe amplifikasieprodukte van die kontrole plante (W84-17, CS, CSDT1AL en CSM1A/0306) en agt TF_1 : 07M5 plante is selektief geamplifiseer met *EcoRI*-ACA [FAM (blou)] en *MseI*-CTC inleiers. Die inleiers amplifiseer 'n *Ae. peregrina* geassosieerde fragment, *M*-CTC/*E*-ACA-95.

Die aantal nuttige polimorfismes wat vir elke kombinasie opgespoor is, word in Tabel 4.7 saamgevat. Soos blyk uit Tabel 4.7 kon twaalf informatiewe merkers geïdentifiseer word en was *EcoRI*-ACA die mees polimorfiese individuele inleier. Die mees polimorfiese inleierkombinasies was *EcoRI*-ACA met *MseI*-CAA (drie polimorfismes).

Die bruikbare AFLP-data wat verkry is na tipering van die agt kortste rekombinante word in Tabel 4.8 saamgevat. Twaalf polimorfiese AFLP-merkers, wat binne die gebied wat begrens word deur SCAR S15-T3 en die 1AL telomeer val, is opgespoor. In Tabel 4.8 dui die “K” op die afwesigheid van die *Ae. peregrina*-spesifieke alleel in 'n betrokke plant en die “S” dui op die teenwoordigheid van die alleel. Die “K” verteenwoordig dus koring-chromatien en die “S” spesiechromatien. Vanweë die wyse waarop hulle opgespoor is, verteenwoordig die twaalf merkers ongekarteerde, anonieme loci wat binne die gebied tussen SCAR-lokus S15-

T3 en die 1AL telomeer val.

Tabel 4.7 Die totale aantal nuttige polimorfismes/allele wat waargeneem is vir elke AFLP selektiewe inleier-kombinasie.

Inleier kombinasie	<i>EcoRI</i> – ACA (FAM) Blou	<i>EcoRI</i> – AAC (NED) Geel	<i>EcoRI</i> – AGG (JOE) Groen	Totaal
<i>MseI</i> - CAA	3	0	0	3
<i>MseI</i> - CAT	2	0	0	2
<i>MseI</i> - CTT	2	0	0	2
<i>MseI</i> - CTC	2	0	0	2
<i>MseI</i> - CAG	0	0	0	0
<i>MseI</i> - CTA	2	0	0	2
<i>MseI</i> - CAC	0	1	0	1
<i>MseI</i> - CTG	0	0	0	0
Totaal	13	1	1	12

Aangesien die merkers nie op die volle toetskruispopulasie getoets is nie, kan daar nie ‘n koppelingsanalise uitgevoer word vir die onderskeie loci nie. Gevolglik is dit nie duidelik wat die afstande tussen aangrensende loci is nie. Dit is egter moontlik om die waarskynlike verspreiding van loci binne die teikengebied te herlei deur gewoon ‘n rekombinasie-patroon te probeer herken vanuit die data. So ‘n afgeleide patroon moet egter die minimum aantal oorkruisings impliseer. Die data in Tabel 4.8 word in sodanige patroon weergegee met ‘n aanduiding van die waarskynlike, relatiewe posisie van *Lr59*. Duidelik verskaf hierdie verspreidingspatroon slegs ‘n waarskynlike, maar onbevestigde beeld van die aard van die agt rekombinante.

Die data, soos weergegee in Tabel 4.8, is egter moeilik om te vertolk. Die AFLP-tegniek soos wat dit hier gebruik is, is betreklik akkuraat en die data wat daarmee gegenereer is, is waarskynlik korrek. Tweedens het sifting met die agt rekombinante die soektog na polimorfismes op ‘n betreklik klein chromosomale gebied gefokus. Dit is nie onmoontlik dat polimorfismes uiteindelik ingesluit is wat ander dele van die genoom verteenwoordig nie,

maar dit is baie onwaarskynlik, veral omdat twee van die patrone deur verskeie onafhanklike loci (vier en sewe, onderskeidelik) geïdentifiseer word. Die saamgevatte inligting impliseer egter dat afhangend van die relatiewe ligging van die telomeer, daar in hoogstens een of twee van die rekombinante 'n enkeloorkruising digby *Lr59* geskied het. In die meeste gevalle moes daar ten minste twee oorkruisings geskied het, en in een geval selfs drie. Sodanige veelvuldige oorkruisings is egter hoogs onwaarskynlik gesien die homoeoloë verwantskap tussen die twee deelnemende chromosome. Die verwagte lae voorkoms van veelvoudige oorkruisings word ook bevestig deur die mikrosatellietdata van Figuur 4.6. In laasgenoemde geval het besonder min dubbeloorkruisings binne die betreklike groot chromosoomgebied tussen *Xcfa2219* en die S15-T₃ SCAR merkerlokus geskied. Die enigste moontlike alternatiewe verklaring vir die waargenome data is daarom dat daar chromosoom-strukturele verskille is tussen die spesiechromatien wat *Lr59* insluit en die ooreenstemmende 1AL chromosoomgebied, en dat oorkruising in die gebied rekombinasieprodukte daarstel wat nie geïnterpreteer kan word onder aanname van volledige sintenie nie. Dus, bloot gegrond op die relatiewe aantal koringloci wat herwin is, kan vermoed word dat rekombinante 10, 21 en 29 waarskynlik die kortste en mees belowende rekombinante is. Dit is egter nie moontlik om te sê watter rekombinant die heel kortste is nie aangesien die groep AFLP-merkers onvoldoende diskriminerende vermoë het en die afstande tussen merkerloci boonop onbekend is. Dit sou egter raadsaam wees om 'n wyer groep van die verkorte vorms verder te evalueer. Indien daar inderdaad chromosoom-strukturele verskille tussen die telomeriese streke van 1AL en die *Lr59*-translokasie is, mag sommige van die rekombinante geassosieerde defekte as gevolg daarvan oorhou. Dit mag dan selfs voordeliger wees om een van die moontlike terminale enkeloorkruisingsprodukte (nommers 25, 101 of 151) verder te ontwikkel. Dus, die volle groep van agt verkorte rekombinante behoort deur terugkruising in 'n aangepaste koringagtergrond ingebou te word en behoorlik ge-evalueer te word vir agronomiese geskiktheid.

Dit is ook nie moontlik om uit die data af te lei of selfs korter rekombinante na onderlinge kruising van die verkreeë rekombinante verhaal sal kan word nie. So sou daardie rekombinant waarvan die proksimale oorkruisingspunt naaste aan *Lr59* is, moontlik gekruis kon word met die rekombinant wat die naaste distale oorkruisingspunt besit. Na gewone meiotiese deling behoort dit dan moontlik te wees om selfs korter dubbelrekombinante uit die nageslag te selekteer. Duidelik sal die volle potensiaal van die rekombinante dus nie ontgin kan word

sonder die opsporing en kartering van verdere nuttige merkers in die omgewing van *Lr59* nie.

Tabel 4.8 Waarskynlike ligging van anonieme AFLP-loci relatief tot *Lr59* in die agt kortste rekombinante. Die volgorde van die loci aan weerskante van *Lr59* kan nie herlei word nie, ook nie die relatiewe posisie van die sentromeer en telomeer nie.

Agt verkorte TF ₁ : 07M5 plante	AFLP- loci												
	M-CAC/E-ACA-51	M-CTC/E-ACA-74	M-CTC/E-ACA-95	M-CTA/E-ACA-227	M-CTA/E-ACA-251	<i>Lr59</i>	M-CAA/E-ACA-65	M-CAA/E-ACA-124	M-CAA/E-ACA-145	M-CAT/E-ACA-64	M-CAT/E-ACA-74	M-CTT/E-ACA-56	M-CTT/E-ACA-62
10	K	K	K	K	K	S	K	K	K	K	K	K	K
21	K	K	K	K	K	S	K	K	K	K	K	K	K
29	K	K	K	K	K	S	K	K	K	K	K	K	K
144	S	K	K	K	K	S	K	K	K	K	K	K	K
25	K	K	K	K	K	S	S	S	S	S	S	S	S
101	K	K	K	K	K	S	S	S	S	S	S	S	S
36	K	S	S	S	S	S	K	K	K	K	K	K	K
151	S	S	S	S	S	S	K	K	K	K	K	K	K

“K” = koring chromatien; “S” = spesiechromatien

4.4.3 DArT-analise

DNS van die agt rekombinante plante en die kontroles W84-17, CS, CSS en CSM1A/0306 is onderwerp aan DArT-ontleding. In die ontleding is ‘n totaal van 756 individuele bi-alleleiese, dominante DArT-merkers op die kontrole plante en plantpaneel getoets. Toetsing is in duplikaat gedoen om die akkuraatheid van die ontleding te verhoog. Al die merkers is klone wat verhaal is vanuit ‘n koring-biblioteek wat durumkoring en ander *Triticum*-spesies insluit. Die data is ontleed en polimorfiese allele is aangedui as teenwoordig (1) of afwesig (0). Slegs polimorfismes wat informatief was ten opsigte van die studie is in ag geneem. Om nuttig te wees moes ‘n betrokke lokus teenwoordig wees in die *Lr59*-hemisigoot (CSM1A/0306) en afwesig wees in die koringgenoom (W84-17, CS en CSS). Die

polimorfisme sou dus spesifiek gewees het vir die *Lr59*-translokasie en sou nuttig gebruik kon word om tussen koring- en spesiechromatien te onderskei. Alternatiewelik kon daar gekyk word na gevalle waar daar hibridisasie is in die koringgenoom (W84-17, CS en CSS) maar nie in die spesie-genoom (CSM1A/0306) nie. In so geval sou die merker dus koring-spesifiek wees.

Die potensieel-nuttige polimorfismes word in Tabel 4.9 opgesom. Drie van die loci (*wPt-7119*, *wPt-6154* en *wPt-3465*) was slegs teenwoordig in die genoom van die *Lr59*-hemisigoot en afwesig in die drie koring-genome en die merkers is dus spesie-spesifiek. Die oorblywende twee merkers (*wPt-2077* en *wPt-5698*) het geblyk om koring-spesifiek te wees. Hoewel die merkers polimorf was tussen die ouerlyne het dit geen verskille tussen die agt rekombinante uitgewys nie. Dit kan egter dien ter bevestiging dat die agt rekombinante wel van die *Lr59*-translokasie afkomstig is.

Table 4.9 Resultate wat verkry is ten opsigte van vyf informatiewe, polimorfiese DArT-merkers na ontleding van die kontrole plante (W84-17, CS, CSS en die *Lr59*-hemisigoot: CSM1A/0306) en die agt TF₁: 07M5 plante. Die “-” simbool dui op ontbrekende data.

Merker naam	Kontrole plante en TF ₁ : 07M5 plante											
	CS	CSS	W84-17	CSM1A/0306	07M5-10	07M5-21	07M5-25	07M5-29	07M5-36	07M5-101	07M5-144	07M5-152
<i>wPt-7119</i>	0	0	0	1	-	0	0	0	0	0	0	0
<i>wPt-6154</i>	0	0	0	1	1	-	1	1	-	1	1	1
<i>wPt-3465</i>	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>wPt-2077</i>	1	1	1	0	1	1	1	1	1	1	1	1
<i>wPt-5698</i>	1	-	1	0	1	1	1	-	1	-	1	-

5. SAMEVATTING

Die doel van hierdie studie was om die verkreë TF₁:07M5 toetskruispopulasie met molekulêre merkers te tipeer ten einde daardie rekombinante te identifiseer wat die kleinste hoeveelheid *Ae. peregrina* chromosom behou het maar steeds die *Lr59*-lokus besit. Vir hierdie doel is die data gebruik om 'n fisiese kaart te ontwikkel wat die relatiewe groottes van die rekombinante reflekteer en wat gebruik kan word om die nuttigste rekombinante met die kleinste hoeveelheid residuele spesiechromosom te identifiseer.

Van die oorspronklike 635 toetskruisnageslag het slegs 168 plante *Lr59*-weerstand getoon na inokulasie met UVPrt8. Hierdie paneel van bestande plante is onderwerp aan mikrosatelliet (*Xcfa2219*, *Xbarc83* en *Xgwm 164*) en SCAR (S15T₃) tipering om sodoende rekombinante plante te identifiseer. Analise van die resultate het getoon dat 'n buitengewoon groot groep (152) plante rekombinant was en dat slegs agt van die oorblywende 16 plante die ongerekombineerde wilde spesie tipe verteenwoordig het. Die oorblywende agt plante het die koring ouer-tipe (vir die vier mikrosatellietloci) besit maar was egter ook rekombinant vir distale AFLP- en DArT-loci.

Die besonder hoë frekwensie rekombinante plante kan waarskynlik gedeeltelik toegeskryf word aan die sterk segregasiedistorsie wat skynbaar gelei het tot die eliminerings van 64% of meer van die *Lr59*-draende gamete. 'n Moontlike bykomende rede vir die hoë frekwensie rekombinante mag gesetel wees in die oorsprong van die *Lr59*-geen. Die donorspesie, *Ae. peregrina*, besit die U- en S-genome, waarvan die S-genoom nader verwant is aan die koringgenome. Indien *Lr59* uit die S-genoom afkomstig is, sou homoeoloë paring waarskynlik meer gereedelik tussen die koringchromosoom 1AL arm en die translokasie geskied het as wat die geval sou wees indien *Lr59* uit die U-genoom kom (Weissmann *et al.* 2005)

'n Fisiese kaart wat gegrond was op mikrosatelliet- en SCAR-loci is saamgestel en kon gebruik kon word om agt rekombinante te identifiseer wat die kleinste hoeveelheid spesiechromosom oorgehou het. Omdat die translokasie breekpunte van hierdie agt belowende

rekombinante buite die gekarteerde gebied geval het, was dit nodig om anonieme loci te probeer opspoor wat verdere ordening van die rekombinante sou toelaat. Die AFLP- en DArT-tegnieke het elkeen verskeie merkers opgelewer wat polimorfismes binne die teikengebied geïdentifiseer het. Die moontlikheid kan nie uitgesluit word dat 'n klein proporsie van die merkers op toevallige assosiasies gebaseer is en eintlik ander genomiese streke teiken nie. Die meerderheid van die merkers het egter dieselfde rekombinasiepatrone herken en dit is dus uiters onwaarskynlik dat hierdie merkers foutief geïdentifiseer kon wees. Die data dui daarop dat daar onvolledige sintenie tussen die koring en translokasie was binne hierdie terminale gebied. Die resultate dui op oënskynlik veelvuldige oorkruisings aan beide kante van *Lr59*. Sodanige veelvuldige oorkruisingsgebeure is hoogs onwaarskynlik en reflekteer waarskynlik rekombinasieprodukte wat voorstspuit uit 'n buitengewone meiotiese paringstruktuur (bv 'n inversielus). Omdat dit onbekend is wat die aard van die strukturele verskil is en waar die loci relatief tot mekaar geleë is, kan slegs beperkte afleidings aangaande die verskillende rekombinante gemaak word. Gegrand op die relatiewe aantal koringloci wat herwin is, het die merkers plante geïdentifiseer wat waarskynlik die kortste en mees belowende rekombinante is. Dit is egter nie moontlik om te sê watter rekombinant die heel kortste is nie aangesien die groep AFLP-merkers onvoldoende diskriminerende vermoë het en die afstande tussen merkerloci onbekend is. Dit is dus nodig om die materiaal verder agronomies te evalueer. Elkeen van die agt rekombinante druk wel een of meer *Ae. peregrina*-verhaalde AFLP-loci uit wat uiteindelik geverifieer sou kon word vir gebruik as 'n potensiële merker vir merker-bemiddelde seleksie.

Die studie het dus daarin geslaag om 'n hele aantal potensiële-nuttige rekombinante uit te wys. Die data dui ook daarop dat sommige van die agt rekombinante kon voortgespruit het uit abnormale meiotiese paring en gevolglik geneties ongebalanseerd mag wees. Dit sou ongewenste (nadelige) agronomiese effekte in die hand kon werk wat dan geassosieer met die translokasie sou oorerf. Dit sou dus wys wees om die volle groep van agt kortste rekombinante agronomies verder te ontwikkel voordat 'n rekombinant gekies word vir kommersiële aanwending.

6. VERWYSINGS

Able, JA & Langridge, P. (2006) Wild sex in the grasses. *Trends in Plant Science* 11(6): 261-263.

Acquaah, G. (2007) Principles of plant genetics and breeding. Blackwell Publishing. Malden, MA: 447-480.

Adams, WT & Allard, RW. (1977) Effects of polyploidy on phosphoglucose isomerase diversity in *Festuca microstachys*. In: *Proceedings of the National Academy of Science of the United States of America* 74: 1652-1656.

Akbari, M; Wenzl, P; Caig, V; Carlig, J; Xia, L; Yang, S; Uszynski, G; Mohler, V; Ehmensiek, A; Howes, N; Sharp, P; Huttner, E & Kilian, A. (2006). Diversity arrays technology (DArT) for highthroughput profiling of the hexaploid wheat genome. *Theoretical and Applied Genetics*.113: 1409-1420.

Al-Kaff, N; Knight, E; Bertin, I; Foote, T; Hart, N; Griffiths, S & Moore, G. (2007) Detailed dissection of the chromosomal region containing the *Ph1* locus in wheat *Triticum aestivum* L.: with deletion mutants and expression profiling. *Annals of Botany*: 1-10.

Anikster, Y; Bushnell, WR; Eilam, T; Manisterski, J & Roelfs, AP. (1997) *Puccinia recondita* causing leaf rust on cultivated wheats, wild wheats, and rye. *Canadian Journal of Botany* 75: 2082-2096.

Antonov, AI. (1995) Transfer of leaf rust resistance genes from wild species to common wheat. M.Sc Thesis. University of Stellenbosch, Department of Genetics, Stellenbosch, South Africa, October 1995.

Antonov, AI & Marais, GF. (1996) Identification of leaf rust resistance genes in *Triticum* species for transfer to common wheat. *South African Journal of Plant and Soil* 13: 55-60.

Arumuganathan, K & Earle, ED. (1991) Nuclear DNA content of some important plant species. *Plant Molecular Biology Reporter* 9: 208-218.

Avise, JC (1994) Molecular markers, natural history and evolution. Chapman & Hall, New York.

Avivi, L & Feldman, M. (1973) Mechanism of non-random chromosome placement in common wheat. In: *Proceedings of the 4th International Wheat Genetics Symposium*,

Columbia, Missouri, United States of America: 627-633.

Beckman, JS & Soller, M. (1983) Restriction fragment length polymorphisms in genetic improvement: methodologies, mapping and costs. *Theoretical and Applied Genetics* 67:35 - 43.

Boshoff, WHP; Pretorius, ZA & van Niekerk, BD. (2002) The impact of leaf rust on spring wheat in the winter rainfall region of South Africa. *South African Journal of Plant and Soil* 19(2): 84-88.

Botstein, D; White, R; Skolnick, M & Davis, RW. (1980) Construction of a genetic linkage map in man using restriction fragment length polymorphisms. *American Journal of Human Genetics* 32:314-331.

Bowcock, AM; Linares, AR; Tonfrohde, J; Minch, E; Kidd, JR & Cavalla-Sforza, LL. (1994) High resolution of human evolutionary trees with polymorphic microsatellites. *Nature* 368: 455-457.

Brettschneider, R. (1996) Non-radioactive AFLP method, based on Digoxigenine. *Molecular Screening News* 9: 13-14.

Brown, TA. (2002) Genomes. Department of biomolecular Sciences, UMIST, Manchester, UK, Scientific Publishers Ltd.

Bushuk, W. (1998) Wheat breeding for end-product use. *Euphytica* 100: 137-145.

Castagna, R; Maga, G; Perenzin, M; Heun, M & Salamini, F. (1994) RFLP-based genetic relationships of Einkorn wheats. *Theoretical and Applied Genetics* 88 : 818 – 823.

Ceoloni, C; Strauss, I & Feldman, M. (1986) Effect of different doses of group 2 chromosomes on homoeologous pairing in intergeneric wheat hybrids. *Canadian Journal of Genetics and Cytology* 28: 240-246.

Chalmers, KJ; Waugh, R; Sprent, JI; Simons, AJ & Powell, W. (1992) Detection of genetic variation between and within populations of *Gliricidia sepium* and *G. maculata* using RAPD markers. *Heredity* 69: 465–472.

Chester, KS. (1946) The nature and prevention of the cereal rusts as exemplified in the leaf rust of wheat. In: *Chronica botanica*. Waltham, Massachusetts, United States of America: 269.

Cho, YG; Ishii, T; Temnykh, S; Chen, X; Lipovich, L; Park, WD; Ayres, N; Cartinhour, S & McCouch, SR (2000) Diversity of microsatellites derived from genomic libraries and GenBank sequences in rice (*Oryza sativa* L.). *Theoretical and Applied Genetics* 100: 713-722.

Cummins, GB & Caldwell, RM. (1956) The validity of binomials in the leaf rust fungus complex of cereals and grasses. *Phytopathology* 46: 81-82.

Davies, PA; Pallotta MA & Driscoll, CJ. (1985) Centric fusion between nonhomologous rye chromosomes in wheat. *Canadian Journal of Genetics and Cytology* 27: 627-632.

De Candolle, A. (1815). *Uredo rouille des cereales*. In: *Flora francaise, famille des champignons*: 83.

Deka, R; Jin, L; Shriver, MD; Yu, LM; Decroo, S; Hundrieser, J; Bunker, CH; Ferrell, RE & Chakraborty, R. (1995) Population genetics of dinucleotide (dC-dA)_n (dG-dT) polymorphisms in world populations. *American Journal of Human Genetics* 56: 461-474.

Del Tufo, JP & Tingey, SV. (1994) RAPD Assay. (edited by: Isaacs, PG.) In: *Methods in Molecular Biology. Volume 28. Protocols for nucleic acid analysis by nonradioactive probes*. Humana Press Inc, Totowa, NJ.

Dietrich, WF; Miller, J; Steen, R; Merchant, MA; Damronboles, D; Husain, Z; Dredge, R; Daly, MJ; Ingalls, KA; O'Connor, TJ; Evans, CA; DeAngelis, MM; Levnson, DM; Kruglyak, L; Goodman, N; Copelan, NG; Jenkins, NA; Hawkins, TL; Stein, L; Page, DC & Lander, ES. (1996) A comprehensive genetic map of the mouse genome. *Nature* 380: 149-152.

D'Oliveira, B & Samborski, DJ. (1966) Aecial stage of *Puccinia recondita* on *Ranunculaceae* and *Boraginaceae* in Portugal. In: *Proceedings of the first European brown rust conference, Cambridge, United Kingdom*: 133-150.

Donini, P; Elias, ML; Bougourd, SM & Koebner, RMD. (1997) AFLP fingerprinting reveals pattern differences between template DNA extracted by different plant organs. *Genome* 40: 521-526.

Doyle, JJ; & Doyle, JL. (1990) Isolation of plant DNA from fresh tissue. *Focus* 12:13-15.

Dubcovsky, J; Luo, M & Dvorak, J. (1995) Differentiation between homoeologous chromosomes 1A of wheat and 1A^M of *Triticum monococcum* and its recognition by the wheat *Phl* locus. In: *Proceedings of the National Academy of Science of the United States of America* 92: 6645-6649.

Dunford, RP; Kurata, N; Laurie, DA; Money, TA; Minobe, Y & Moore, G. (1995) Conservation of fine-scale DNA marker order in the genome of rice and *Triticeae*. *Nucleic Acid Research* 23: 2724-2728.

Dvorak, J & Zhang, HB. (1990) Variation in repeated nucleotide sequence sheds light on the phylogeny of the wheat B and G genomes. In: *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America* 87: 9640-9644.

Eagles, HA; Bariana HS; Ogonnaya, FC; Rebetzke, GJ; Hollambly, GJ; Henry, RJ; Henschke, PH & Carter, M. (2001) Implementation of markers in Australian wheat breeding. *Australian Journal of Agricultural Research* 52: 1349-1356.

Eksteen, A. (2008) Ontwikkeling van molekulêre merkers vir wilde-spesie-verhaalde weerstandsgeenkomplekse van gewone koring. M.Sc Tesis, Universiteit van Stellenbosch, Departement Genetika, Stellenbosch, Suid-Afrika. In vordering.

Ellegrin, H. (2004) Microsatellites: simple sequences with complex evolution. *Nature* 5: 435-445.

Ezzahiri, B; Diouri, S & Roelfs, AP. (1992). The role of the alternate host, *Anchusa italica*, in the epidemiology of *Puccinia recondita* f. sp. *tritici* on durum wheats in Morocco. In: *Proceedings of the 8th European and Mediterranean Cereal Rusts and Mildews Conference, Heft 24 Weihenstephan, Germany*: 69-70.

Feldman, M. (1966i) The mechanism regulating pairing in *Triticum timopheevii*. *Wheat Information Service* 21: 1-2.

Feldman, M. (1966ii) The effect of chromosomes 5B, 5D and 5A on chromosomal pairing in *Triticum aestivum*. In: *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America* 55: 1447-1453.

Feldman, M. (1968) Regulation of somatic association and meiotic pairing in common wheat. In: *Proceedings of the 3rd International Wheat Genetics Symposium, Canberra, Australia*: 169-178.

Feldman, M; Mello-Sympayo, T & Sears, ER. (1966) Somatic association of *Triticum aestivum*. In: *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America* 56: 1192-1199.

Feldman, M & Sears, ER. (1981) The wild gene resources of wheat. *Scientific American* 244: 102-112.

Fernandez-Calvin, B & Orellana, J. (1991) Metaphase-1 bound arms frequency and genome analysis in wheat-*Aegilops* hybrids: 1. *Ae. variabilis*-wheat and *Ae. kotschyi*-wheat hybrids with low and high homoeologous pairing. *Theoretical and Applied Genetics* 83: 264–272.

Feuillet, C; Travella, S; Stein, N; Albar, L; Nublat, A & Keller, B. (2003) Map-based isolation of the leaf rust disease resistance gene *Lr10* from hexaploid wheat (*Triticum aestivum* L.) genome. In: *Proceedings of the National Academy of Sciences* 100(25): 15253-15258.

Fontana, F. (1932) Observations on the rust of grain. (translated by: Pirone, PP.) In: *Classics, No. 2. American Phytopathological Society, Washington, D.C.*

Francki, M & Appels, R. (2002) Wheat functional genomics and engineering crop improvement. *Genome Biology* 3(5): 1013.1-1013.5.

Friebe, B; Jiang, J; Raupp, WJ; McIntosh, RA & Gill, BS. (1996) Characterization of wheat-alien translocations conferring resistance to diseases and pests: current status. *Euphytica* 91: 59-87.

Gill, BS & Chen, PD. (1987) Direct transfer from *Aegilops squarrosa* L. to hexaploid wheat. *Crop Science* 27: 445-450.

Gill, BS & Raup, WJ. (1987) Direct genetic transfer from *Aegilops squarrosa* L. to hexaploid wheat. *Crop Science* 27: 445-450.

Gill, KS & Gill, BS. (1996) A PCR-based screening assay of *Ph1*, the chromosome pairing regulator gene of wheat. *Crop Science* 36: 719-722.

Goldstein, DB & Pollock, DD. (1997) Launching microsatellites: A review of mutation processes and methods of phylogenetic inference. *Journal of heredity* 88: 335-342.

Griffiths, S; Sharp, R; Foote, T; Bertin, I; Wanous, M; Reader, S; Colas, I & Moore, G. (2006) Molecular characterization of *Ph1* as a major chromosome pairing locus in polyploid wheat. *Nature* 439: 749-752.

Gupta, PK; Varshney, RK, Sharma, PC; Ramesh, B. (1999) Molecular markers and their application in wheat breeding. *Plant Breeding* 118: 369-390.

Hale, TK; Contreras, LA; Morrison, A & Herrera, RE. (2006) Phosphorylation of the linker Histone H1 by Cdk regulates its binding to HP1. *Molecular Cell* 22: 693-699.

Hancock, JF. (2004) Plant evolution and the origin of crop species. Second edition. CABI Publishing, Cambridge, Massachusetts. United States of America.

Hadrys, H; Balick, M & Schierwater, B. (1992) Applications of random amplified polymorphic DNA (RAPD) in molecular ecology. *Molecular Ecology* 1(1): 55-63.

Hoisington, D; Bohorova, N; Fennell, S; Khairallah, M; Pellegrineschi, A & Ribaut, JM. (2002) The application of biotechnology to wheat improvement (edited by: Curtis, BC; Rajaram, S & Gomez Macpherson, H.). In: *Bread wheat – Improvement and production*. FAO Plant Production and Protection Series.

Holm, PB. (1986) Chromosome pairing and chiasma formation in allohexaploid wheat, *Triticum aestivum* analyzed by spreading of meiotic nuclei. *Carlsberg Res Commun* 51: 239–294.

Huang, S; Sirikhachornkit, A; Su, X; Faris, J; Gill, B; Haselkorn, R & Gornicki, P. (2002) Genes encoding plastid acetyl-CoA carboxylase and 3-phosphoglycerate kinase of the Triticum/ Aegilops complex and the evolutionary history of polyploid wheat. *Proceedings of the National Academy of Science of the United States of America* 99: 8133-8138.

Huerta-Espino, J & Roelfs, AP. (1989) Physiological specialization on leaf rust on durum wheat. *Phytopathology* 79: 1218.

Hylander, N; Jorstad, I & Nannfeldt, JA. (1953) Enumeratio uredinearum Scandinavicarum. *Opera Botanica* 1: 1-102.

Ichii, M; Hong, DL; Ohara, Y; Zhao CM & Taketa, S. (2003) Characterization of CMS and maintainer lines in indica rice (*Oryza sativa* L.) based on RAPD marker analysis. *Euphytica* 129: 249–252.

Islam, AKMR & Sheperd, KW. (1992) Production of wheat-barley recombinant chromosomes through induced homoeologous pairing. *Theoretical and Applied Genetics* 83: 489-494.

Jaccoud, D; Peng, K; Feinsein, D & Kilian, A. (2001). Diversity arrays: a solid state technology for sequence information independent genotyping. *Nucleic Acids Research*. 29(25).

Jauhar PP. (1992) Chromosome pairing in hybrids between hexaploid bread wheat and tetraploid crested wheatgrass (*Agropyron cristatum*). *Hereditas* 116: 107-109.

Jauhar, PP & Chibbar, RN. (1999) Chromosome-mediated and direct gene transfer in wheat. *Genome* 42: 570-583.

Jauhar, PP. (2006i) Modern biotechnology as an Integral Supplement to Conventional Plant Breeding: The Prospects and Challenges. *Crop Science* 46: 1841-1859.

Jauhar, PP (2006ii) Cytogenetic Architecture of cereal crops and their manipulation to fit human needs: opportunities and challenges. (edited by: Singh, RJ & Jauhar, PP.) In: *Genetic resources, chromosome engineering and crop improvement*. Volume 2. Taylor & Francis group. CRC Press.

Jewell, DC. (1979) Chromosome banding in *Triticum aestivum* cv. Chinese Spring and *Aegilops variabilis*. *Chromosoma* 71:129–134.

Ji, Y & Chetelat, RT. (2003) Homoeoloë paring en rekombinasie in *Solanum lycopersicoides* monosomic addition and substitution lines of tomato. *Theoretical and Applied Genetics* 106: 979-989.

Karp, A & K, Edwards. (1998) DNA markers: a global overview. (edited by: Caetano-Anollés, G & Gresshoff, PM.) In: *DNA Markers: Protocols, Applications and Overviews*, Wiley-VCH, New York: 1-14.

Khush, GS. (1999) Green revolution: Preparing for the 21st century. *Genome* 42: 646-655.

Kihara, H. (1954) Considerations on the evolution and distribution of *Aegilops* species based on the analyser-method. *Cytologia* 19: 336–342.

Kimber, G & Feldman, M. (1987) Wild wheat, an introduction. Special Report 353, College of Agriculture, University of Missouri, Columbia: 1–142.

Klug, WS. & Cummings, MR. (2003) Concepts of genetics. Prentice Hall. Pearson Education, Inc. Upper Saddle River, New Jersey.

Knott, DR. (1989) The wheat rusts-breeding for resistance. In: *Monographs on Theoretical and Applied Genetics*. Volume 12. Springer-Verlag, Berlin, Heidelberg.

Kumar, P; Joshi, PK; Johansen, C & Asokan, M. (1999) Sustainability of rice-wheat based cropping systems in India: socio-economic and policy issues. (edited by: Pingali, PL.) In: *Sustaining rice-wheat production systems: socio-economic and policy issues*. Rice-Wheat Consortium Paper Series 5. New Delhi, India: Rice-Wheat Consortium for the Indo-Gangetic Plains: 61-77.

Langridge, P; Lagudah, ES; Holton, TA; Appels, R; Sharp, PJ & Chalmers, KJ (2001) Trends in genetic and genomic analyses in wheat: a review. *Australian Journal of Agricultural Research* 52: 1043-1077.

Lefebvre, V ; Palloix, A; Caranta, C & Pochard, E. (1995) Construction of an intraspecific integrated linkage map of pepper using molecular markers and doubled-haploid progenies. *Genome* 38(1): 112-121.

Lev-Yadun, S ; Gopher, A & Abbo, S. (2000) The cradle of agriculture. *Science* 288: 1602-1603.

Lezar, S; Myburg, AA; Berger, DK; Wingfield, MJ & Wingfield, BD. (2004) Development and assessment of microarray-based DNA fingerprinting in *Eucalyptus grandis*. *Theoretical and Applied Genetics*. 109: 1329–1336.

Lin, JJ; Kuo, J; Ma, J; Saunders, JA; Beard, HS; Macdonald, MH; Kenworthy, W; Ude, GN & Mathews, BF. (1996). Identification of molecular markers in soybean comparing RFLP, RAPD and AFLP DNA mapping techniques. *Plant Molecular Biology Report* 14: 156-169.

Long, DL & Kolmer, JA. (1989) A North American system of nomenclature for *Puccinia recondita* f. sp. *tritici*. *Phytopathology* 79: 525-529.

Lupton, FGH. (1987) Wheat breeding, its scientific basis. Chapman and Hall, London.

Ma, ZQ; Sorrells, ME & Tanksley, SD. (1994) RFLP markers linked to powdery mildew resistance genes *Pm1*, *Pm2*, *Pm3* and *Pm4* in wheat. *Genome* 37: 871-875.

Marais, GF; Pretorius, ZA; Marais, AS & Wellings, CR. (2003) Transfer of rust resistance

genes from *Triticum* species to common wheat. *South African Journal of Plant and Soil* 20(4): 193-198.

Marais, GF & Botes, WC. (2008i) Recurrent mass selection for routine improvement of common wheat. *Advances in Sustainable Agriculture* (in press).

Marais, GF; McCullum, B & Marais, AS. (2008ii) Wheat leaf rust resistance gene *Lr59* derived from *Aegilops peregrina*. *Plant Breeding* 127: 340-345.

Martin, GB; Williams, JGK & Tanksley, SD. (1991) Rapid identification of markers linked to a *Pseudomonas* resistance gene in tomato by using random primers and near-isogenic lines In: *Proceedings of the National Academy of Science of the United States of America* 88: 2336-2340.

Martinez-Perez, E; Shaw, P; Aragon-Alcaide, L & Moore, G. (2003) Chromosomes form into seven groups in hexaploid and tetraploid wheat as a prelude to meiosis. *The plant journal* 36: 21-29.

Masoudi-Nejiad, A; Nasuda, S; McIntosh, RA & Endo, TR. (2002) Transfer of rye chromosome segments to wheat by a gametocidal gene. *Chromosome research* 10: 349-357.

McDermott, JM; Brandle, U; Dutly, F; Haemmerli, UA; Keller, S; Muller, KE & Wolf, MS. (1994). Genetic variation in powdery mildew of barley: Development of RAPD, SCAR and VNTR markers. *Phytopathology* 84: 1316-1321.

McIntosh, RA; Wellings, CR & Park, RF. (1995) Wheat rusts and the genetic bases of disease resistance. (edited by: Jeans, K & Cloud-Guest, A.) In: *Wheat Rusts: An Atlas of Resistance Genes*. CSIRO Publications, Australia: 1-28.

McIntosh, RA; Hart, GE; Devos, KM; Gale, MD & Rogers, WJ. (1998) Catalogue of gene symbols for wheat. In: *Proceedings of the 9th International Wheat Genetics Symposium, Saskatoon, Saskatchewan, Canada*. Volume 5.

Mohan, M; Sathyanarayanan, V; Kumar, A; Srivastava, MN & Nair, S. (1997) Molecular mapping of a resistance-specific PCR-based marker linked to a gall midge resistance gene (*Gm4t*) in rice. *Theoretical and Applied Genetics* 95: 777-782

Moore, G & Innes, J. (2008) The *Ph1* locus – a story 50 years in the making. (edited by: Apples R; Eastwood R; Lagudah E; Lanridge P & Mackay M) In: *The 11th International Wheat Genetics Symposium proceedings*.

Mueller, UG & Wolfenbarger, LL. (1999) AFLP genotyping and fingerprinting. *Trends in Ecology and Evolution* 14: 389–394.

Nagaoka, T & Ogihara, Y. (1997) Applicability of inter-simple sequence repeat polymorphisms in wheat for use as DNA markers in comparison to RFLP and RAPD markers. *Theoretical and Applied Genetics* 94: 597-602.

Nelson, JC; Singh, RP; Autrique, JE & Sorrells, ME. (1997) Mapping genes conferring and suppressing leaf rust resistance in wheat. *Crop Science* 37: 1928-1935.

Newbury, HJ. (2003) Plant molecular breeding. Blackwell Publishing Ltd, Oxford, UK.

Nishikawa, K. (1983) Species relationship of wheat and its putative ancestors as viewed from isozyme variation. (edited by: Sakamoto, S.) In: *Proceedings of the 6th international wheat genetics symposium, held at Kyoto, Japan:* 59-63.

Okomoto, M. (1957) Asynaptic effect of chromosome V. *Wheat information Service* 5 : 6

Ozkan, H & Feldman, M. (2001) Genotypic variation in tetraploid wheat affecting homoeologous pairing in hybrids with *Aegilops peregrina*. *Genome* 44: 1000–1006

Ozkan, H; Brandolini, A; Schäfer-Pregl, R & Salamini, F. (2002) AFLP analysis of a collection of tetraploid wheats indicates the origin of emmer and hard wheat domestication in southeast Turkey. *Molecular biology and evolution* 19: 1797-1801.

Pal, BP. (1966) Wheat. (edited by: Kurup, R; Kaghroo, P & Lokeshwar, RR.) In: *I.C.A.R. Cereal crop series* no.4. Job Press Private Ltd. India.

Paran, I & Michelmore, RW. (1993). Development of reliable PCR-based markers linked to downy mildew resistance genes in lettuce. *Theoretical and Applied Genetics* 85: 985-993.

Pathak, GN. (1940) Studies of the cytology of cereals. *Journal of Genetics* 39: 437-467.

Peterson, RF. (1965) Wheat: Botany, cultivation and utilization. (edited by: Polunin, N.) In: *World Crops Books*. Interscience publishers inc. New York.

Porceddu, E; Ceoloni, C; Lafiandra, D; Tanzarella, OA & Scrase Mugnozza, GT. (1988)

Genetic resources and plant breeding: problems and prospects. In: *Proceedings of the 7th International Wheat Genetics Symposium, Cambridge*: 7-22.

Powell, W; Morgante, M; Andre, C; Hanafey, M; Vogel, J; Tingey, S & Rafalski, A. (1996). The comparison of RFLP, RAPD, AFLP and SSR (microsatellite) markers for germplasm analysis. *Molecular Breeding* 2: 225-238.

Prins, R & Marais, GF. (1999) A genetic study of the gametocidal effect of the *Lr19* translocation of common wheat. *South African Journal of Plant and Soil* 6 (1): 10-14.

Qi, L; Friebe, B; Zhang, P & Gill, BS. (2007) Homoeologous recombination, chromosome engineering and crop improvement. *Chromosome Research* 15: 3-19.

Rafalski, JA & Tingey, SV. (1993) Genetic diagnostics in plant breeding: RAPDs, microsatellites and machines. *Trends in Genetics* 9(8): 275-279.

Rafalski, JA; Vogel, JM; Morgante, M; Powell, W; Andre, C & Tingey, SV. (1996) Generating and using DNA markers in plants. (edited by: Birren, B & Lai, E.) In: *Nonmammalian Genomic analysis: A practical guide*. Academic Press Inc: 75-80

Reiter, RS; Williams, JGK; Feldman, KA; Rafalski, JA; Tingey, SV & Scolnik PA (1992) Global and local genome mapping in *Arabidopsis thaliana* by using recombinant inbred lines and random amplified polymorphic DNAs. In: *Proceedings of the National Academy of Science of the United States of America* 89: 1477-1481.

Reppelin, A; Båga, M; Jauhar, PP & Chibbar, RN. (2001) Genetic enrichment of cereal crops by alien gene transfers: a new challenge. In: *Annual Review of Plant Biotechnology and Applied Genetics*. Kluwer Academic Publishers, Dordrecht, The Netherlands: 159-183.

Robertson, WRB. (1916) Chromosome studies. I. Taxonomic relationships shown in the chromosomes of Tettigidae and Acrididae. V-shaped chromosomes and their significance in Acrididae, Locustidae and Gryllidae: chromosome and variation. *Journal of Morphology* 27: 179-331.

Röder, MS; Plaschke, J; König, SU; Börner, A; Sorrells, ME; Tanksley, SD & Ganal, MW. (1995) Abundance, variability and chromosomal location of microsatellites in wheat. *Molecular Genetics and Genomics* 246: 327-333.

Röder, MS; Korzun, V; Wendehake, K; Plaschke, J; Tixier, MH; Leroy, P & Ganal, W. (1998) A microsatellite map of wheat. *Genetics* 149: 2007-2023.

- Roelfs, AP. (1988) Resistance to leaf and rust in wheat. (edited by: Simmonds, NW & Rajaram, S.) In: *Breeding strategies for resistance to rust of wheat*. International maize and wheat improvement centre, Mexico, DF: 10-19.
- Roelfs, AP; Singh, RP & Saari, EE. (1992) Rust diseases of wheat: concepts and methods of disease management. CIMMYT, Mexico, D.F.
- Rowell, JB. (1981) Relation of postpenetration events in Idaed 59 wheat seedling to low receptivity to infection by *Puccinia graminis* f. sp. *tritici*. *Phytopathology* 71: 732-736.
- Rowell, JB. (1982) Control of wheat stem rust by low receptivity to infection conditioned by a single dominant gene. *Phytopathology* 72: 297-299.
- Sanger, F; Niclen, S & Coulsen, AR. (1977) DNA sequencing with chain terminating inhibitors. In: *Proceedings of the National Academy of Science of the United States of America* 74: 5463-5467.
- Sarkar, P & Stebbins, GL. (1956) Morphological evidence concerning the origin of the B genome in wheat. *American Journal of Botany* 43: 297-304.
- Savile, DBO. (1984) Taxonomy of the cereal rust fungi. (edited by: Bushnell, WR & Roelfs, AP.) In: *The cereal rusts, Volume 1, Origins, specificity, structures, and physiology*. Orlando, FL, USA, Academic Press: 79-112.
- Sayre, K; Singh, RP; Huerto-Espino, J & Rajaram, S. (1998) Genetic progress in reducing losses to leaf rust in CIMMYT-derived Mexican spring wheat cultivars. *Crop Science* 38: 654-659.
- Schmidt, JW; Seyfarth, R; Feuillet, C; Schachermayr, G; Winzeler, M & Keller, B. (1999) Development of a molecular marker for the adult plant leaf rust resistance gene *Lr35* in wheat. *Theoretical and Applied Genetics* 99: 554-560.
- Schwarz, G; Herz, M; Huang, XG; Michalek, W; Jahoor, A; Wenzel, G & Mohler, V. (2000) Application of fluorescence-based semi-automated AFLP analysis in barley and wheat. *Theoretical and Applied Genetics* 100: 545-551.
- Sears, ER. (1956) The transfer of leaf-rust resistance from *Aegilops umbellulata* to wheat. *Brookhaven Symposium in Biology* 9: 1-21.

Sears, ER. (1966) Nullisomic-tetrasomic combinations in hexaploid wheat. (edited by: Riley, R & Lewis, KR.) In: *Chromosome manipulations and plant genetics*. Oliver and Boyd, Edinburgh and London: 29-45.

Sears, ER. (1972) Chromosome engineering in wheat. In: *Proceedings of the 4th Stadler Genetics Symposium 4*: 23-38.

Sears, ER. (1977) An induced mutant with homoeologous pairing in wheat. *Canadian Journal of Genetics and Cytology* 19: 585-593.

Sears, ER. (1981) A wheat mutation conditioning an intermediate level of homoeologous chromosome pairing. *Canadian Journal of Genetics and Cytology* 24: 715 – 719.

Sears, ER. (1983) Transfer to wheat of interstitial segments of alien chromosomes. In: *Proceedings of the 6th International Wheat Genetics Symposium, Kyoto, Japan*: 5-12.

Sears, ER & Gustafson, JP. (1993) Use of radiation to transfer alien chromosome segments to wheat. *Crop Science* 33: 897-901.

Semagn, K; Bjørnstad, Å; Skinnes, H; Marøy, AG; Tarkegne, T & William, M. (2006). Distribution of DArT, AFLP, and SSR markers in a genetic linkage map of a doubled haploid hexaploid wheat population. *Genome* 49: 545–555.

Singh, RP; Huerta-Espino, J & Roelfs, AP. (2002) The wheat rusts. (edited by Curtis, BC; Rajaram, S; Gomez Macpherson, H.) In: *Bread wheat – Improvement and production*.

Singh, RP; Datta, D; Priyamvada; Singh, S & Tiwari, R. (2004) Marker-assisted selection for leaf rust resistance genes *Lr19* and *Lr24* in wheat (*Triticum aestivum* L.) *Journal of Applied Genetics* 45(4): 339-403.

Schafer, FJ. (1987) Rusts, smuts and powdery mildew. (edited by: Heyne, EG.) In: *Wheat and wheat improvement. A series of monographs – Agronomy 13*. Madison, Wisconsin, USA: 542-584.

- Sharp, PJ; Desai, S; Chao, S & Gale, MD. (1989) The isolation, characterization and application in the *Triticeae* of a set of wheat RFLP probes identifying each homoeologous chromosome arm. *Theoretical and Applied Genetics* 78:342–348
- Skovmand, B; Fox, PN & Villareal, RL. (1984) *Triticale* in commercial agriculture: progress and promise. *Advances in Agronomy* 37: 1-45.
- Somers, DJ; Isaac, P & Edwards, K. (2004) A high-density microsatellite consensus map for bread wheat (*Triticum aestivum* L.) *Theoretical and Applied genetics* 109: 1105-1114.
- Sourdille, P; Singh, S; Caladon, T; Brown-Guedira, GL; Gay, G; Qi, L; Gill, BS; Dufour, P; Murigneux, A & Bernard, M. (2004) Microsatellite-based deletion bin system for the establishment of genetic-physical map relationships in wheat (*Triticum aestivum* L.) *Functional and Integrative Genomics* 4: 12-25.
- Southern, EM. (1975) Detection of specific sequences among DNA fragments separated by gel electrophoresis. *Journal of Molecular Biology* 98: 503–517.
- Spetsov, PD; Mingeot, J; Jacquemin, M; Samardjieva, K & Marinova, E. (1997) Transfer of powdery mildew resistance from *Aegilops variabilis* into bread wheat. *Euphytica* 93: 49–54.
- Staub, JE; Serquen, FC & Gupta, M. (1996). Genetic markers, map construction, and their application in plant breeding. *Horticulture Science* 31: 729–741.
- Tanksley, SD & Rick, CM. (1980) Isozyme linkage map of the tomato: Applications in genetics and breeding. *Theoretical and Applied Genetics* 57:161-170.
- Tanno, K & Willcox, G. (2006) How fast was wild wheat domesticated? *Science* 311: 1886.
- Tozzetti, GT. (1952). *V. Alimurgia*: True nature, causes and sad effects of the rusts, the bunts, the smuts, and other maladies of wheat and oats in the field. (translated by: Tehon, LR.) In: *Phytopathological Classics No. 9*. St Paul, MN, USA, American Phytopathology Society: 139.
- Van Slageren, MW. (1994) Wild wheats: a monograph of *Aegilops* L. and *Amblyopyrum* (Jaub. & Spach) Eig (Poaceae). Wageningen Agricultural University Papers, Wageningen, The Netherlands.
- Vos, P; Hogers, R; Bleeker, M; Reijans, M; Van De Lee, T; Hornes, M; Frijters, A; Pot, J; Peleman, J; Kuiper, M & Zabeau, M (1995). AFLP: a new technique for DNA fingerprinting.

Nucleic Acids Research 23: 4407-4414.

Ward, JO; Reinholdt, LG; Motley, WW; Niswander, LM; Deacon, DC; Griffin, LB; Langlais, KK; Backus, VL; Schimenti, KJ; O'Brien, MJ; Eppig, JJ & Schimenti, JC. (2007) Mutation in mouse *He10*, an *E3* Ubiquitin ligase disrupts meiotic crossing over. *Public Library of Science Genetics* 3(139).

Wang, DG; Fan, JB; Siao, CJ; Berne, A; Young, P; Sapolsky, R; Ghandour, G; Perkins, N; Winchester, E; Spencer, J; Kruglyak, L; Stein, L; Hsie, L; Topaloglou, T; Hubbell, E; Robinson, E; Mittmann, M; Morris, MS; Shen, N; Kilburn, D; Rioux, J; Nusbaum, C; Rozen, S; Hudson, TJ; Lander, ES; Lipshutz, R & Chee, M. (1998). Large-scale identification, mapping, and genotyping of single-nucleotide polymorphisms in the human genome. *Science* 280: 1077–1082.

Wechter, WP & Dean, RA. (1998) Development of a sequence-specific primer that amplify a 1.5 kb DNA marker for race 1 Fusarium wilt resistance in *Cucumis melo* L. *Horticultural Science* 33: 291-292.

Weising, K; Nybom, H; Wolff, K & Meyer, W. (1995) DNA Fingerprinting in plants and fungi. CRC Press, Boca Raton.

Weissmann, S; Feldman, M & Gressel, J. (2005) Sequence evidence for sporadic intergeneric DNA introgression from wheat into wild *Aegilops* species. *Molecular Biology and Evolution* 22(10): 2055- 2062.

Wessels, WG. (1997) Mapping genes for stem rust and Russian wheat aphid resistance in bread wheat (*Triticum aestivum*). M.Sc Tesis. Universiteit van Stellenbosch. Stellenbosch, Suid-Afrika.

Wenzl, P; Carling, J; Kudrna, D; Jaccoud, D; Huttner, E; Kleinhofs, A & Kilian, A. (2004). Diversity Arrays Technology (DArT) for whole-genome profiling of barley. In: *Proceedings of the National Academy of Science in the United States of America* 101: 9915-9920.

Williams, JGK; Kubelik, AR; Livak, KJ; Rafalski, JA & Tingey, SV. (1990) DNA polymorphisms amplified by arbitrary primers are useful as genetic markers. *Nucleic Acid Research* 18(22): 6531-6535.

Wittenberg, AHJ; van der Lee, T; Cayla, C; Kilian, A; Visser, RGF & Schouten, HJ. (2005). Validation of the high-throughput marker technology DArT using the model plant *Arabidopsis thaliana*. *Molecular Genetics and Genomics* 274: 30-39.

Young, ND; Menancio-Hautea, D; Fatokun, CA & Danesh, D. (1992) RFLP technology, crop improvement, and international agriculture. (edited by: Thottappilly, G; Monti, LM; Moham, DR & Moore, AW.) In: *Biotechnology: Enhancing research on tropical crops in Africa*. Technical Center for Agriculture and Rural Cooperation, International Institute of Tropical Agriculture: 221-230.

Yu, MQ; Person-Dedryver, F & Jahier, J. (1990) Resistance to root-knot nematode, *Meloidogyne naasi* (Franklin) transferred from *Aegilops variabilis* Eig to bread wheat. *Agronomie* 10: 451- 456.

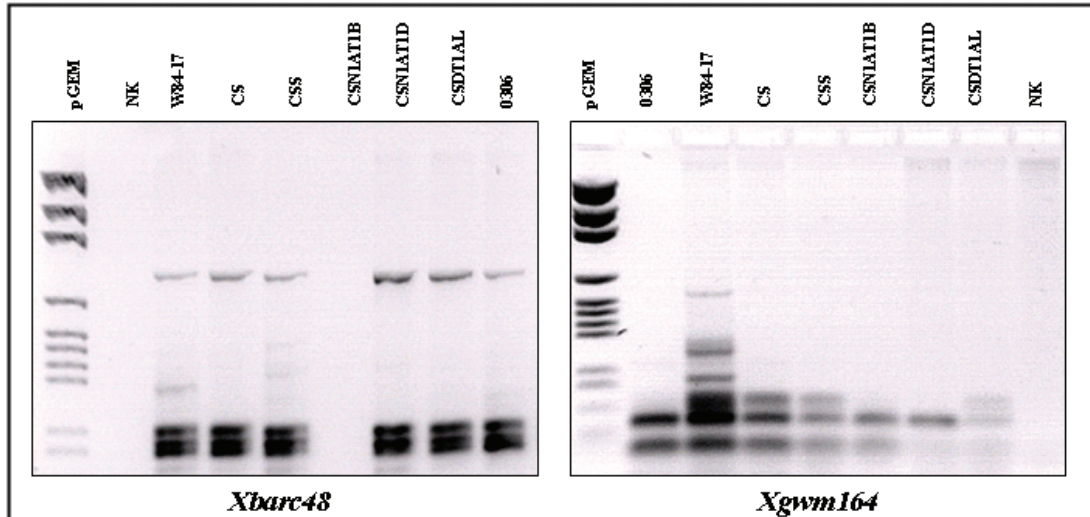
Zane, L; Bargelloni, L & Patarnello, T. (2002) Strategies for microsatellite isolation: a review. *Molecular Ecology* 11: 1–16.

Zhang, XQ; Wang, XP; Jing, JK; Ross, K; Hu, H & Gustafson, JP. (1998) Characterization of wheat-triticale doubled haploid lines by cytological and biochemical markers. *Plant Breeding* 117: 7-12.

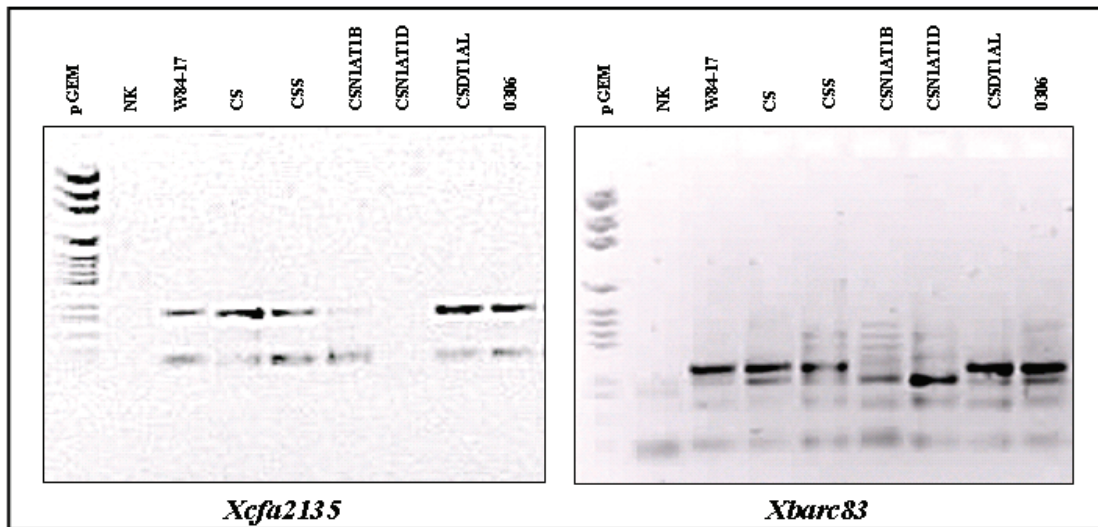
Zhang, XQ; Wang, XP; Ross, K; Hu, H & Gustafson, JP. (2001) Rapid introduction of disease resistance from rye into common wheat by anther culture of a 6x triticale x nulli-tetrasomic wheat. *Plant Breeding* 120: 39-42.

7. ADDENDUM A

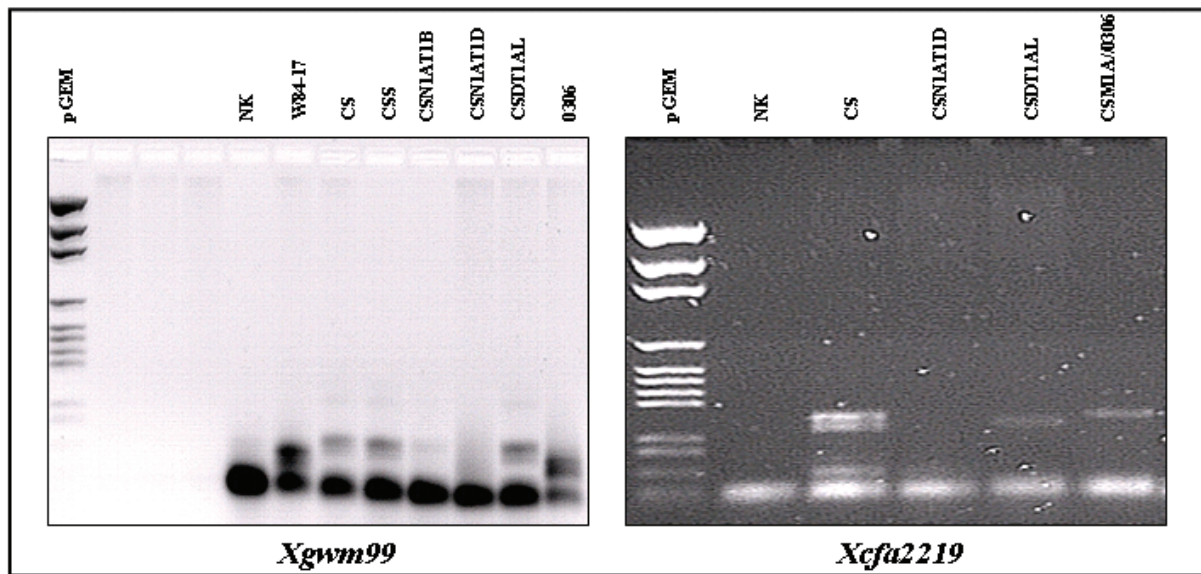
Hierdie addendum bevat die fotos van alle bruikbare agarose en poliakriëlamied gels (mikrosatelliet, SCAR en RAPD) wat tydens die studie gegeneer is. Dit verskaf ook fotos van die verwerkte AFLP-data.



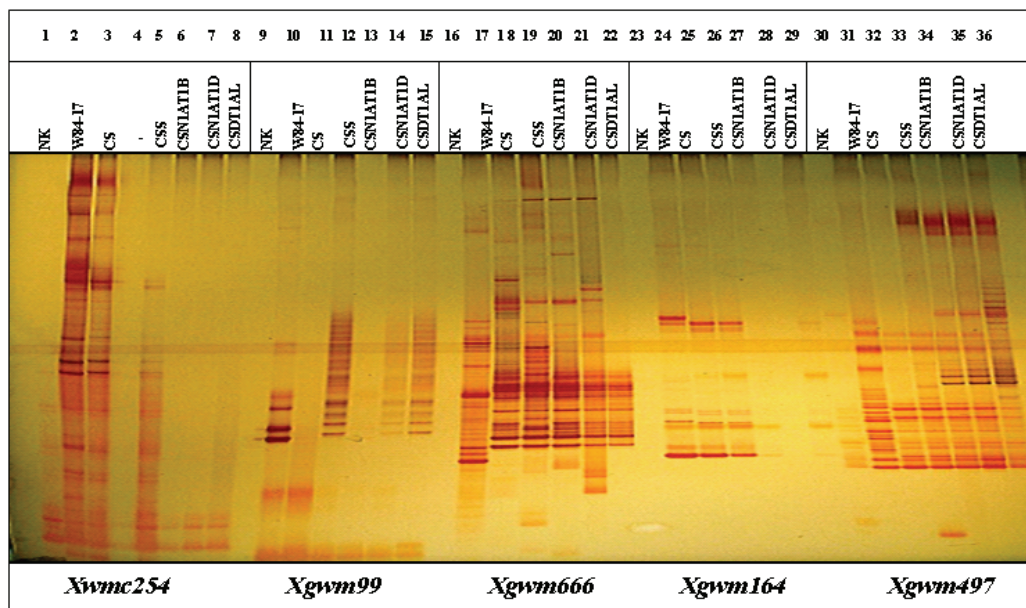
Figuur 7.1 Gelfoto wat PKR-amplifikasie van die *Xbarc48* en *Xgwm164* mikrosatelliete op die kontrole plante bevestig (1.5% agarose gel elektroforese vir 50 minute teen 100V). Monster-nommers word bo elke laan aangedui. Laan 1 bevat die pGEM leer (1kb).



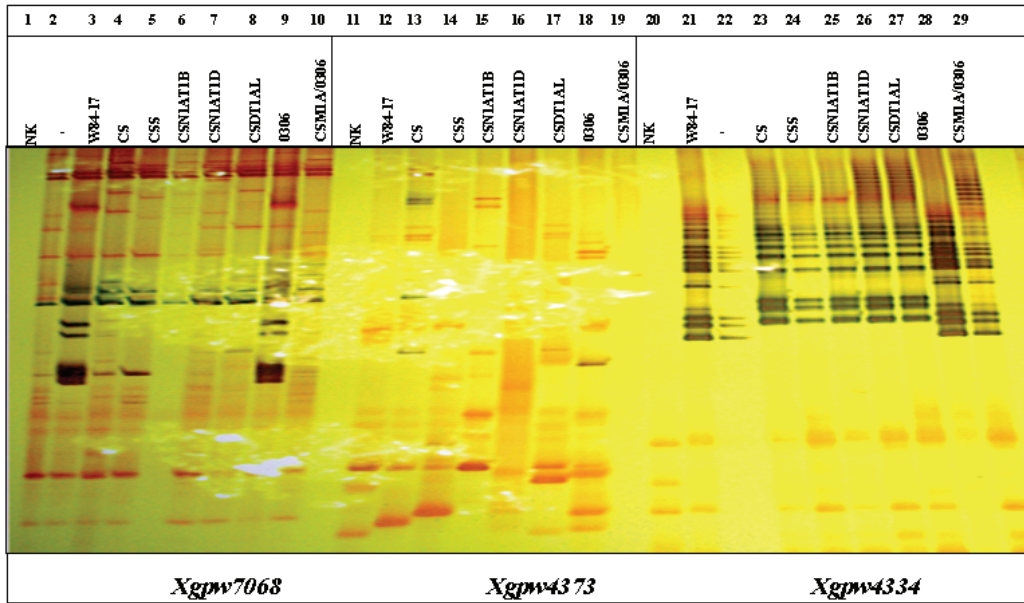
Figuur 7.2 Gelfoto wat PKR-amplifikasie van die *Xcfa2135* en *Xbarc83* mikrosatelliete op die kontrole plante bevestig (1.5% agarose gel elektroforese vir 50 minute teen 100V). Monster-nommers word bo elke laan aangedui. Laan 1 bevat die pGEM leer (1kb).



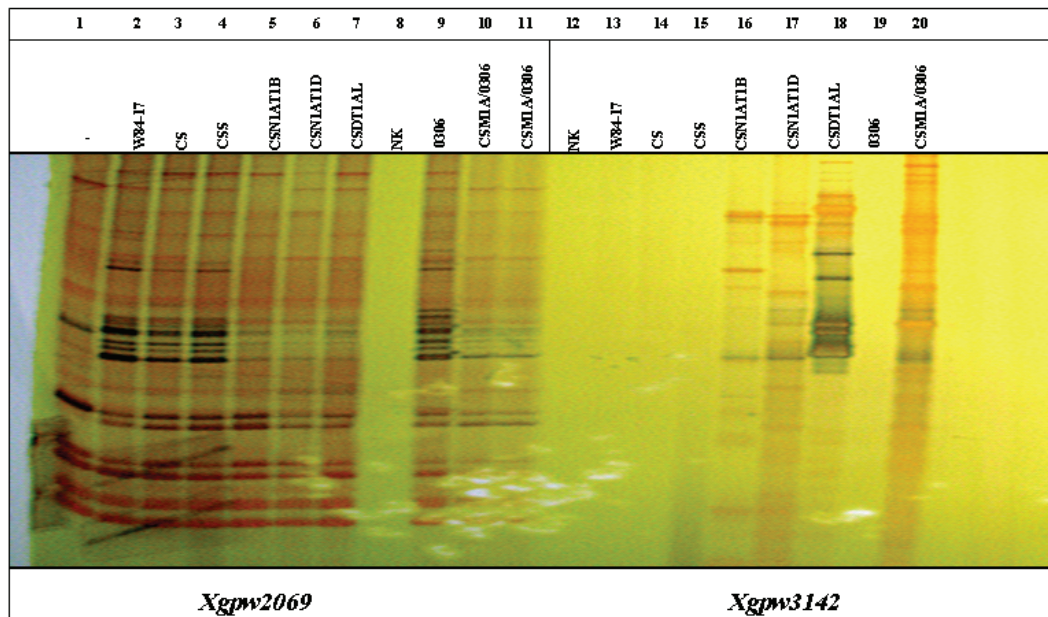
Figuur 7.3 Gelfoto wat PKR-amplifikasie van die *Xgwm99* en *Xcfa2219* mikrosatelliete op die kontrole plante bevestig (1.5% agarose gel elektroforese vir 50 minute teen 100V). Monster-nommers word bo elke laan aangedui. Laan 1 bevat die pGEM leer (1kb).



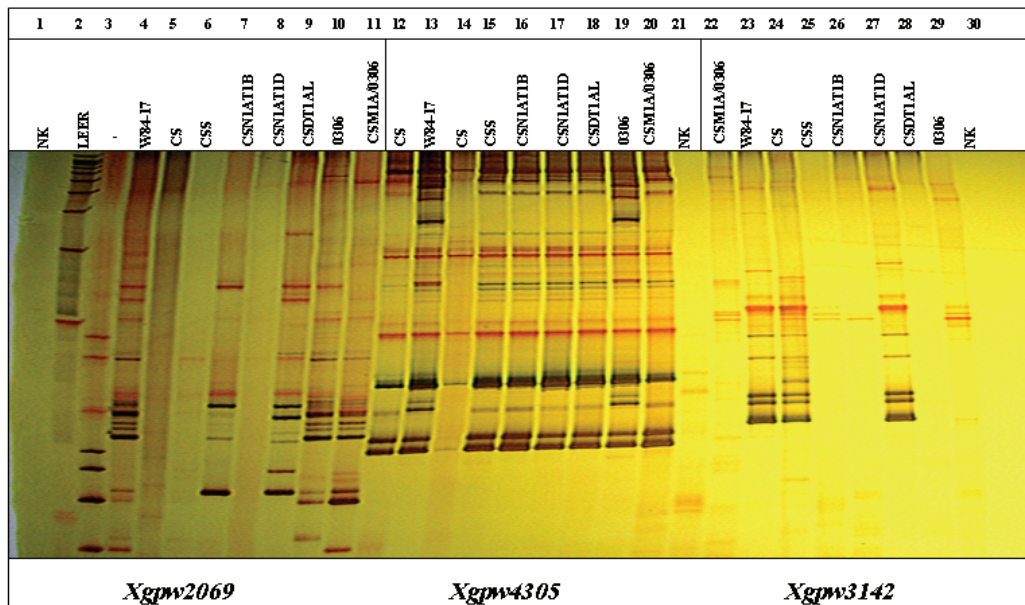
Figuur 7.4 Gelfoto wat die amplifikasie van *Xwmc254*, *Xgwm99*, *Xgwm666*, *Xgwm164* en *Xgwm497* mikrosatelliete op die kontrole plante illustreer (elektroforetiese skeiding op 6% denaturerende poliakriëlamied gel teen 70W vir 5-6 ure). Die spesifieke kontrole plant word bo elke laan aangedui. Geen geskikte polimorfiese bande kon geïdentifiseer word nie.



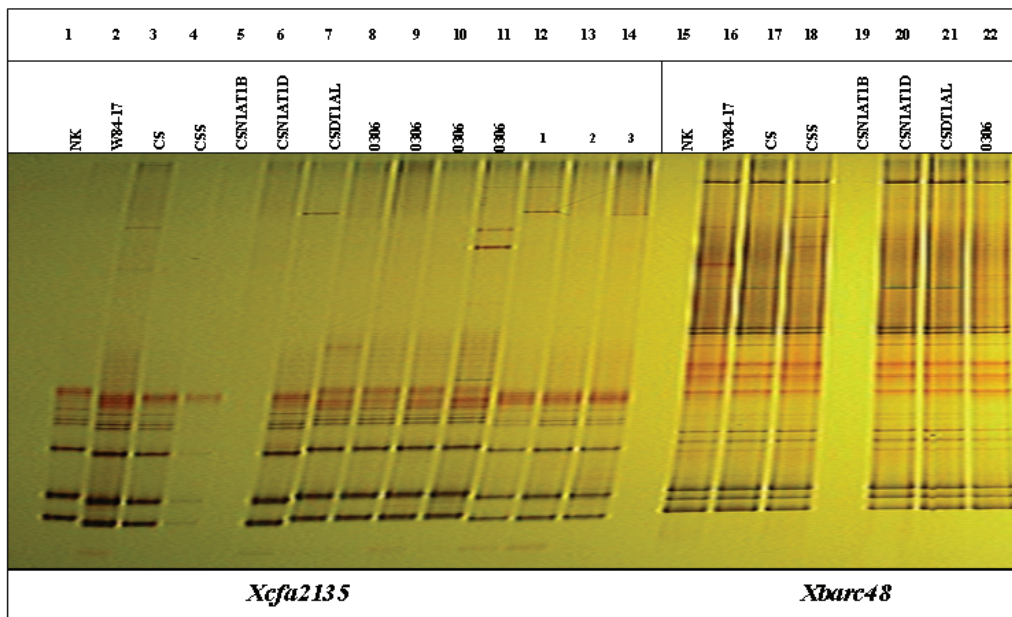
Figuur 7.5 Gelfoto wat die amplifikasie van *Xgpw7068*, *Xgpw4373* en *Xgpw4334* mikrosatelliete op die kontrole plante illustreer (elektroforetiese skeiding op 6% denaturerende poliakriëlamied gel teen 70W vir 5-6 ure). Kontrole plante word bo elke laan aangedui. Geen geskikte polimorfiese bande kon geïdentifiseer word nie.



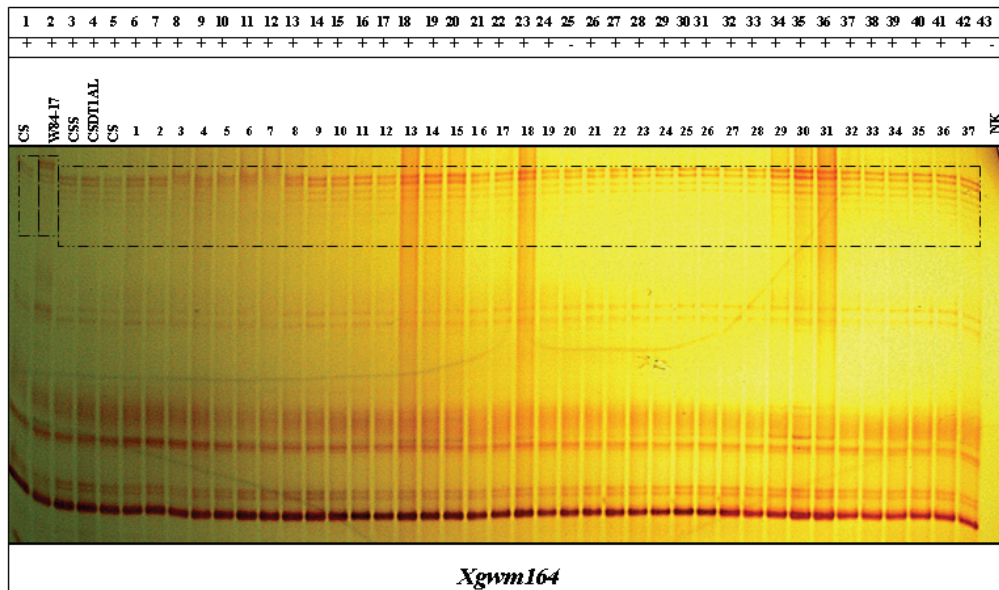
Figuur 7.6 Gelfoto wat die amplifikasie van *Xgpw2069* en *Xgpw3142* mikrosatelliete op die kontrole plante illustreer (elektroforetiese skeiding op 6% denaturerende poliakriëlamied gel teen 70W vir 5-6 ure). Kontrole plante word bo elke laan aangedui. Geen nuttige polimorfiese bande kon geïdentifiseer word nie.



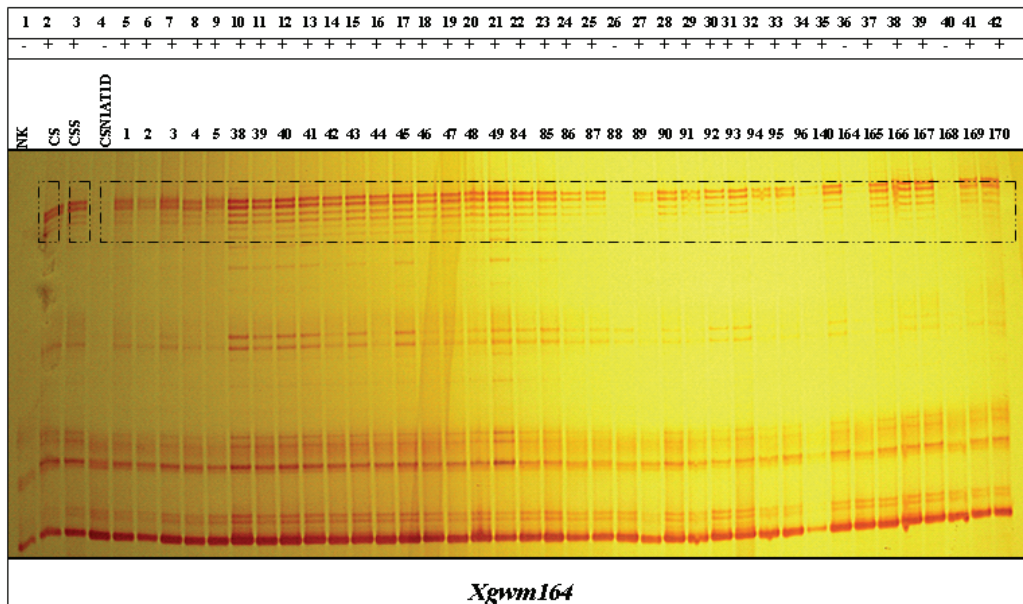
Figuur 7.7 Gelfoto wat die amplifikasie van *Xgpw2069*, *Xgpw4305* en *Xgpw3142* mikrosatelliete op die kontrole plante illustreer (elektroforetiese skeiding op 6% denaturerende poliakriëlamied gel teen 70W vir 5-6 ure). Kontrole plante word bo elke laan aangedui. Geen nuttige polimorfiese bande kon geïdentifiseer word nie.



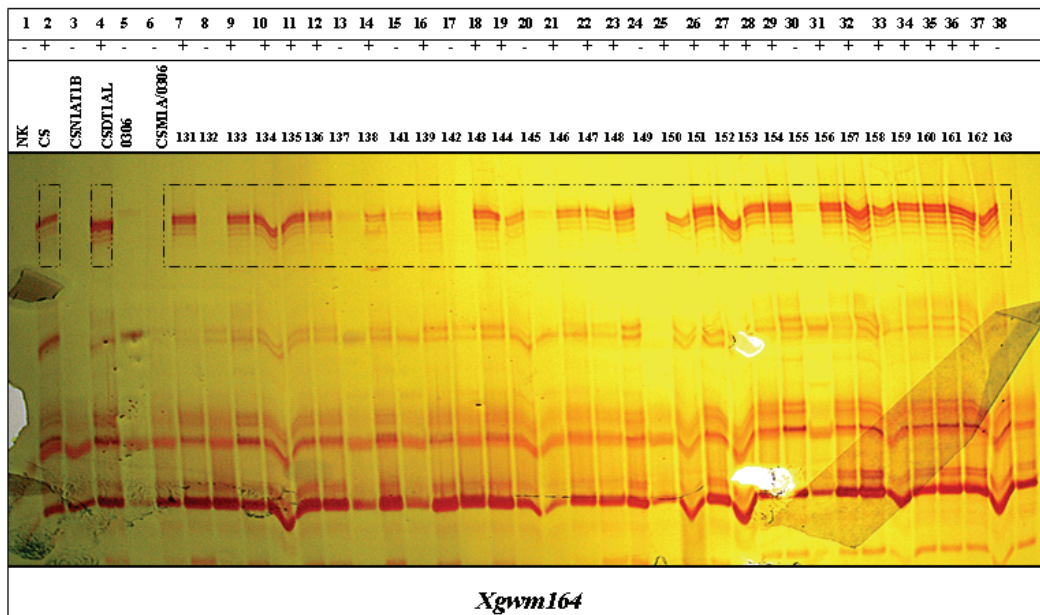
Figuur 7.8 Gelfoto wat die amplifikasie van die *Xcfa2135* en *Xbarc48* mikrosatelliete op die kontrole plante illustreer (elektroforetiese skeiding op 6% denaturerende poliakriëlamied gel teen 70W vir 5-6 ure). Kontrole plante word bo elke laan aangedui. Geen nuttige polimorfiese bande kon geïdentifiseer word nie. By *Xcfa2135* is drie plante (Plantnommers: 1, 2 en 3) van die TF₁: 07M5 ingesluit.



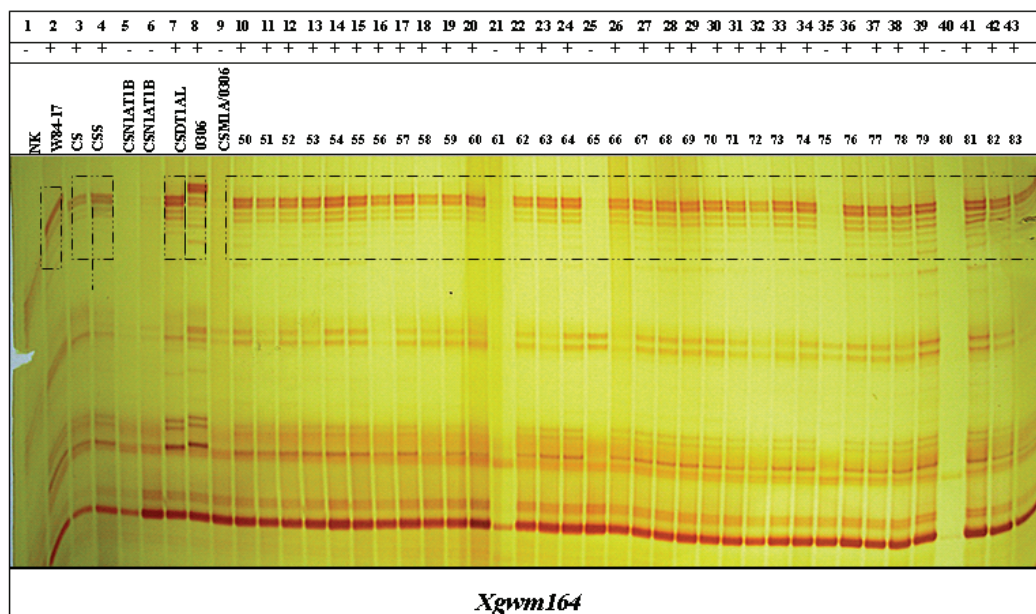
Figuur 7.9 Gelfoto wat die amplifikasie van die *Xgwm164* mikrosatellietmerker op die kontrole plante (CS, W84-17, CSS en CSDTIAL) en die TF₁: 07M5 plante (plant nommers word bo elke laan aangedui en stem ooreen met die nommers in Tabel 8.1) toon (elektroforetiese skeiding op 6% denaturerende poliakriëlamied gel teen 70W vir 5-6 ure). Die “+” en “-” tekens dui onderskeidelik op die teenwoordigheid of afwesigheid van die polimorfisme in die betrokke plant.



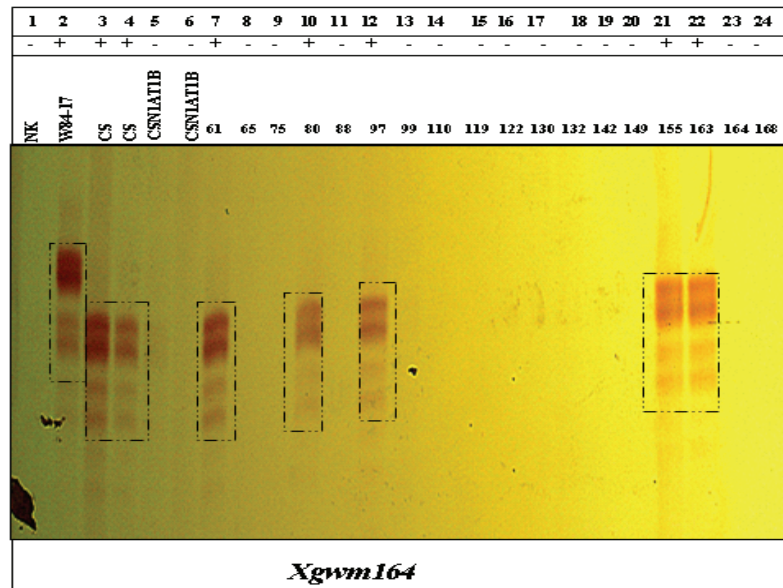
Figuur 7.10 Gelfoto wat die amplifikasie van die *Xgwm164* mikrosatellietmerker op die kontrole plante (CS, CSS en CSDTIAL) en die TF₁: 07M5 plante (plant nommers word bo elke laan aangedui en stem ooreen met die nommers in Tabel 8.1) toon (elektroforetiese skeiding op 6% denaturerende poliakriëlamied gel teen 70W vir 5-6 ure). Die “+” en “-” tekens dui onderskeidelik op die teenwoordigheid of afwesigheid van die polimorfisme in die betrokke plant.



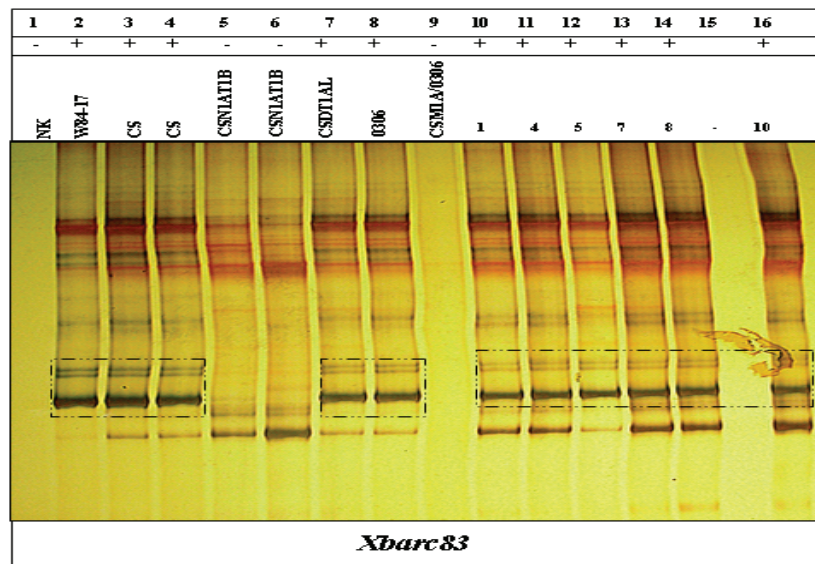
Figuur 7.11 Gelfoto wat die amplifikasie van die *Xgwm164* mikrosatellietmerker op die kontrole plante (CS, CSN1AT1B, CSDTIAL, 0306 EN CSM1A/0306) en die TF₁: 07M5 plante (plant nommers word bo elke laan aangedui en stem ooreen met die nommers in Tabel 8.1) toon (elektroforetiese skeiding op 6% denaturerende poliakriëlamied gel teen 70W vir 5-6 ure). Die “+” en “-” tekens dui onderskeidelik op die teenwoordigheid of afwesigheid van die polimorfisme in die betrokke plant.



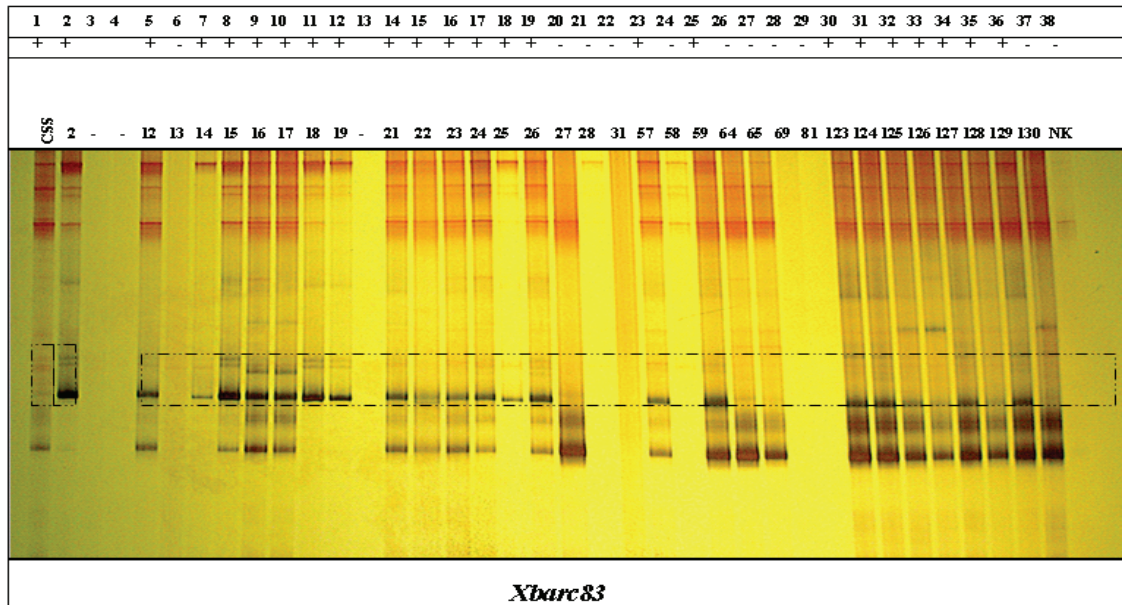
Figuur 7.12 Gelfoto wat die amplifikasie van die *Xgwm164* mikrosatellietmerker op die kontrole plante (W84-17, CS, CSS, CSN1AT1B, CSN1AT1D, CSDTIAL, 0306 EN CSM1A/0306) en die TF₁: 07M5 plante (plant nommers word bo elke laan aangedui en stem ooreen met die nommers in Tabel 8.1) toon (elektroforetiese skeiding op 6% denaturerende poliakriëlamied gel teen 70W vir 5-6 ure). Die “+” en “-” tekens dui onderskeidelik op die teenwoordigheid of afwesigheid van die polimorfisme in die betrokke plant.



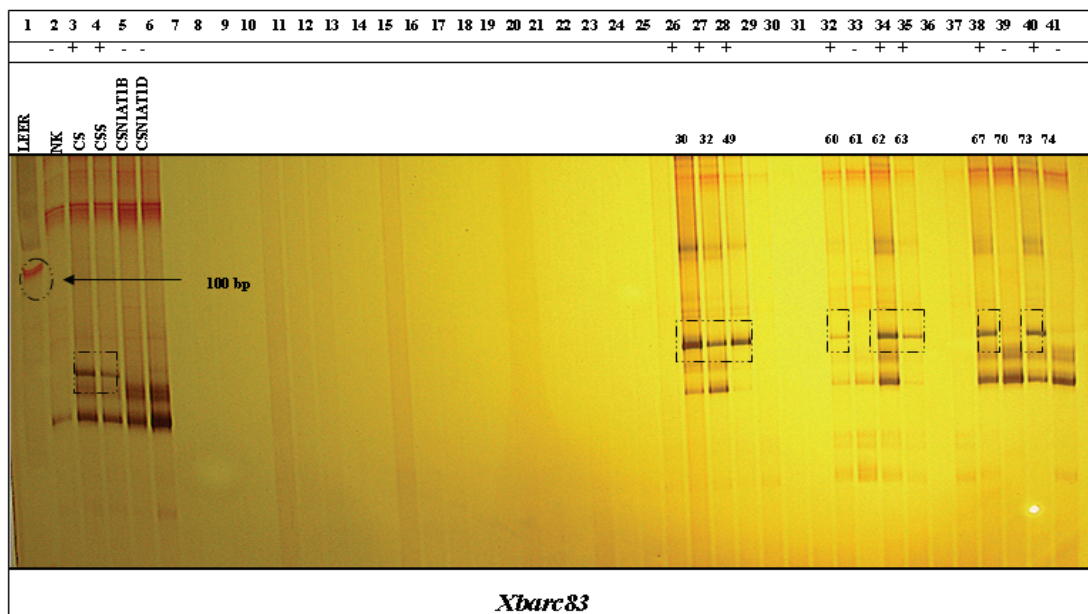
Figuur 7.13 Gelfoto wat die amplifikasie van die *Xgwm164* mikrosatellietmerker op die kontrole plante (W84-17, CS, CSS, CSN1AT1B) en die TF₁: 07M5 plante (plant nommers word bo elke laan aangedui en stem ooreen met die nommers in Tabel 8.1) toon (elektroforetiese skeiding op 6% denaturerende poliakriëlamied gel teen 70W vir 5-6 ure). Die “+” en “-” tekens dui onderskeidelik op die teenwoordigheid of afwesigheid van die polimorfisme in die betrokke plant.



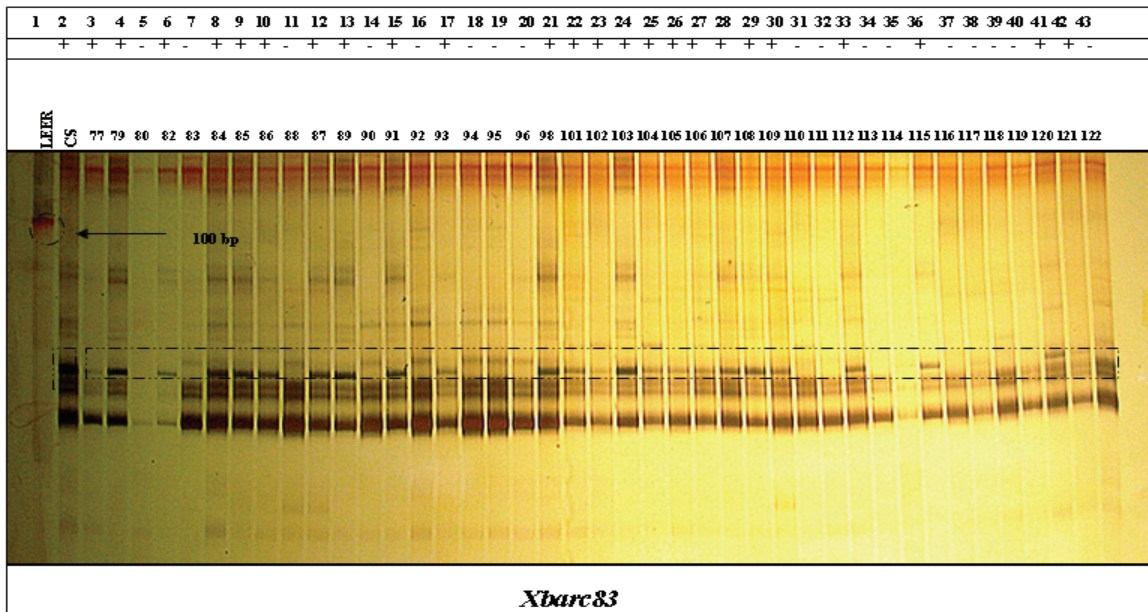
Figuur 7.14 Gelfoto wat die amplifikasie van die *Xbarc83* mikrosatellietmerker op die kontrole plante (W84-17, CS, CSS, CSN1AT1B, CSN1AT1B, CSDTIAL, 0306 EN CSM1A/0306) en die TF₁: 07M5 plante (plant nommers word bo elke laan aangedui en stem ooreen met die nommers in Tabel 8.1) toon (elektroforetiese skeiding op 6% denaturerende poliakriëlamied gel teen 70W vir 5-6 ure). Die “+” en “-” tekens dui onderskeidelik op die teenwoordigheid of afwesigheid van die polimorfisme in die betrokke plant.



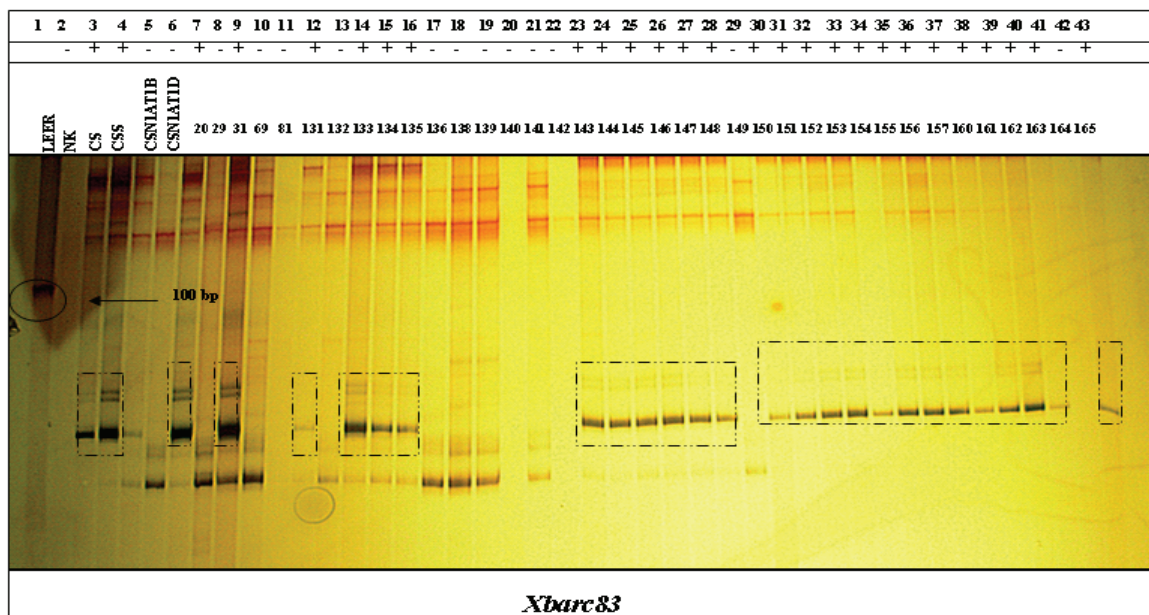
Figuur 7.15 Gelfoto wat die amplifikasie van die *Xbarc83* mikrosatellietmerker op die kontrole plant (CS) en die TF₁: 07M5 plante (plant nommers word bo elke laan aangedui en stem ooreen met die nommers in Tabel 8.1) toon (elektroforetiese skeiding op 6% denaturerende poliakriëlamied gel teen 70W vir 5-6 ure). Die “+” en “-” tekens dui onderskeidelik op die teenwoordigheid of afwesigheid van die polimorfisme in die betrokke plant.



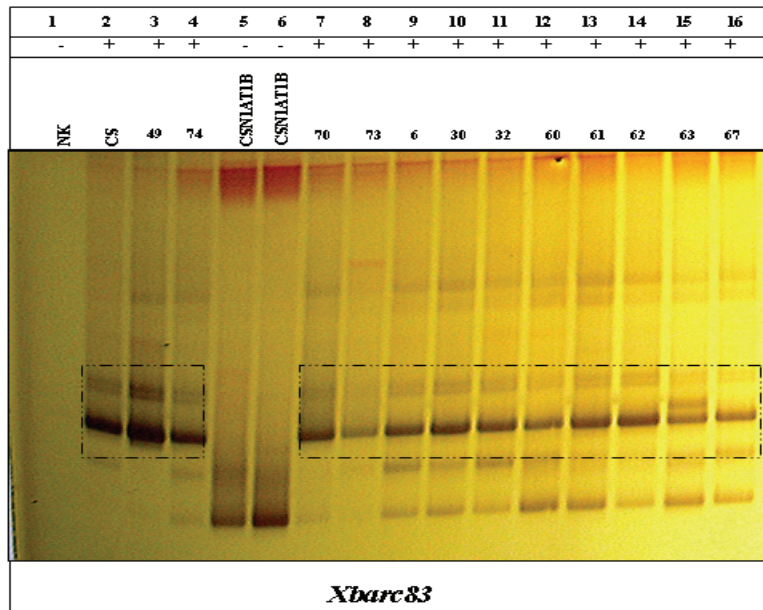
Figuur 7.16 Gelfoto wat die amplifikasie van die *Xbarc83* mikrosatellietmerker op die kontrole plante (CS, CSS, CSN1AT1B en CSN1AT1D) en die TF₁: 07M5 plante (plant nommers word bo elke laan aangedui en stem ooreen met die nommers in Tabel 8.1) toon (elektroforetiese skeiding op 6% denaturerende poliakriëlamied gel teen 70W vir 5-6 ure). Die “+” en “-” tekens dui onderskeidelik op die teenwoordigheid of afwesigheid van die polimorfisme in die betrokke plant.



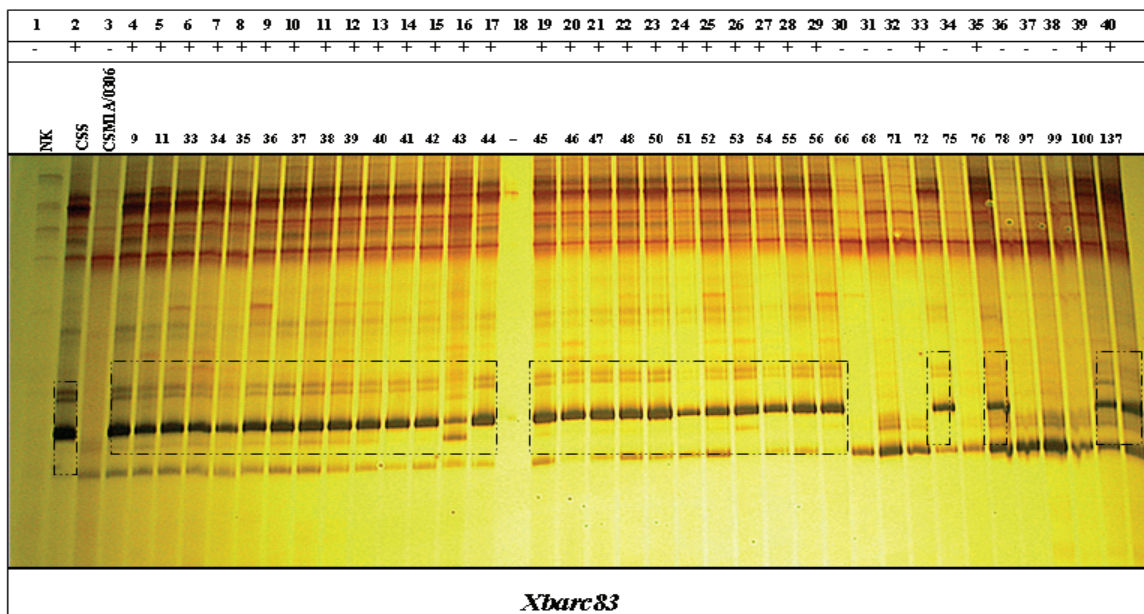
Figuur 7.17 Gelfoto wat die amplifikasie van die *Xbarc83* mikrosatellietmerker op die kontrole plant (CS) en die TF₁: 07M5 plante (plant nommers word bo elke laan aangedui en stem ooreen met die nommers in Tabel 8.1) toon (elektroforetiese skeiding op 6% denaturerende poliakrielamied gel teen 70W vir 5-6 ure). Die “+” en “-” tekens dui onderskeidelik op die teenwoordigheid of afwesigheid van die polimorfisme in die betrokke plant.



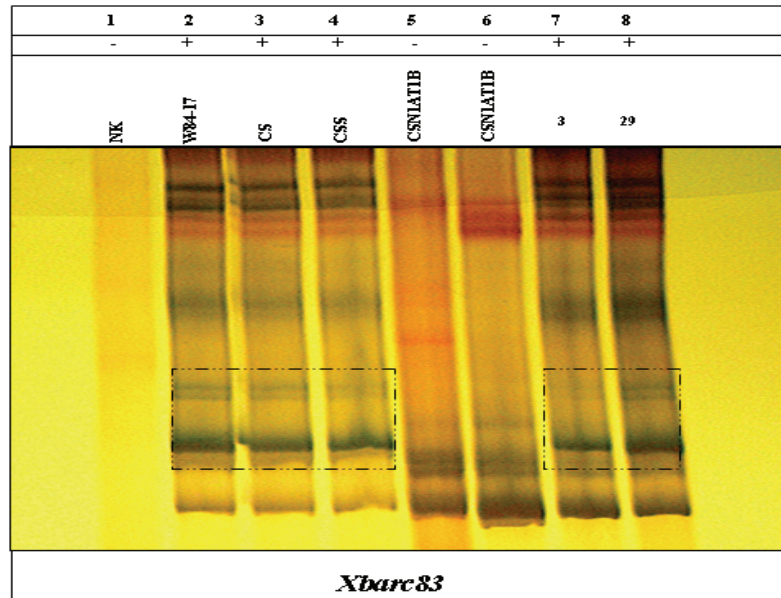
Figuur 7.18 Gelfoto wat die amplifikasie van die *Xbarc83* mikrosatellietmerker op die kontrole plant (CS, CSS, CSN1AT1B en CSN1AT1D) en die TF₁: 07M5 plante (plant nommers word bo elke laan aangedui en stem ooreen met die nommers in Tabel 8.1) toon (elektroforetiese skeiding op 6% denaturerende poliakrielamied gel teen 70W vir 5-6 ure). Die “+” en “-” tekens dui onderskeidelik op die teenwoordigheid of afwesigheid van die polimorfisme in die betrokke plant.



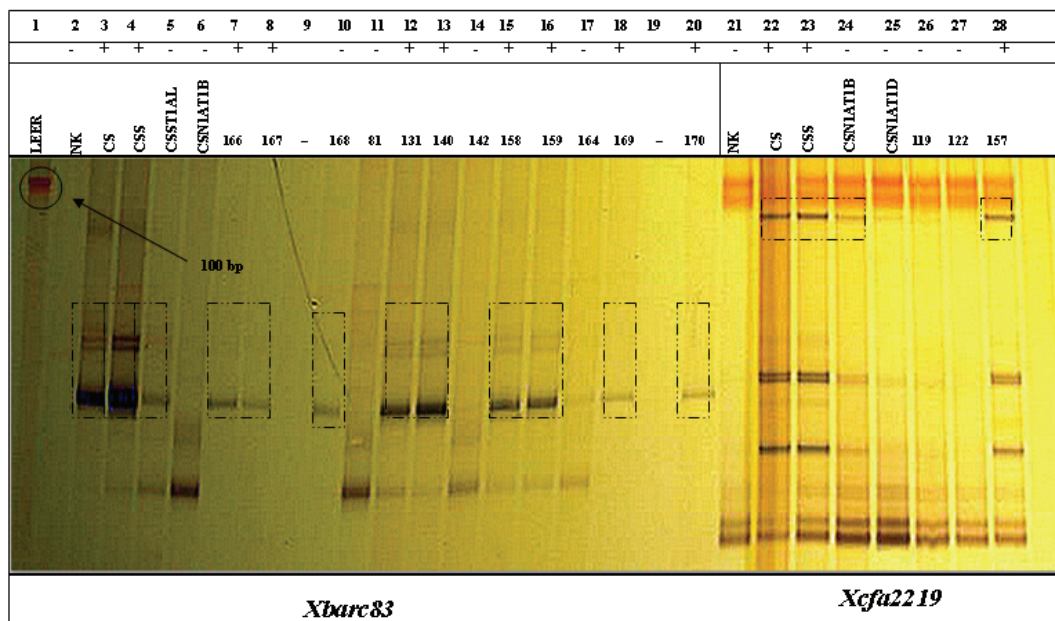
Figuur 7.19 Gelfoto wat die amplifikasie van die *Xbarc83* mikrosatellietmerker op die kontrole plant (CS, CSN1AT1B en CSN1AT1D) en die TF₁: 07M5 plante (plant nommers word bo elke laan aangedui en stem ooreen met die nommers in Tabel 8.1) toon (elektroforetiese skeiding op 6% denaturerende poliakrielamied gel teen 70W vir 5-6 ure). Die “+” en “-” tekens dui onderskeidelik op die teenwoordigheid of afwesigheid van die polimorfisme in die betrokke plant.



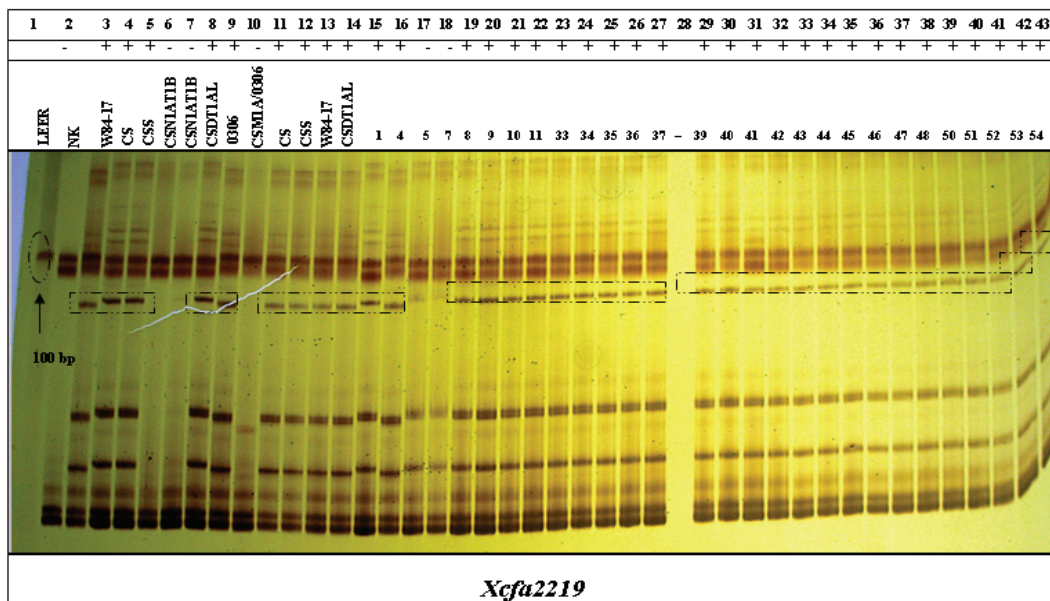
Figuur 7.20 Gelfoto wat die amplifikasie van die *Xbarc83* mikrosatellietmerker op die kontrole plant (CS en CSM1A/0306) en die TF₁: 07M5 plante (plant nommers word bo elke laan aangedui en stem ooreen met die nommers in Tabel 8.1) toon (elektroforetiese skeiding op 6% denaturerende poliakrielamied gel teen 70W vir 5-6 ure). Die “+” en “-” tekens dui onderskeidelik op die teenwoordigheid of afwesigheid van die polimorfisme in die betrokke plant.



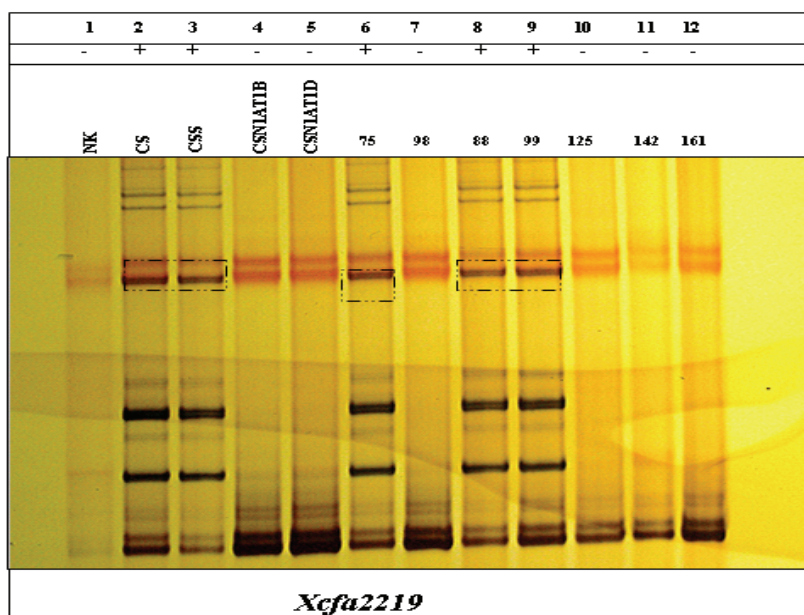
Figuur 7.21 Gelfoto wat die amplifikasie van die *Xbarc83* mikrosatellietmerker op die kontrole plant (W84-17, CS, CSS, CSN1AT1B) en die TF₁: 07M5 plante (plant nommers word bo elke laan aangedui en stem ooreen met die nommers in Tabel 8.1) toon (elektroforetiese skeiding op 6% denaturerende poliakriëlamied gel teen 70W vir 5-6 ure). Die “+” en “-” tekens dui onderskeidelik op die teenwoordigheid of afwesigheid van die polimorfisme in die betrokke plant.



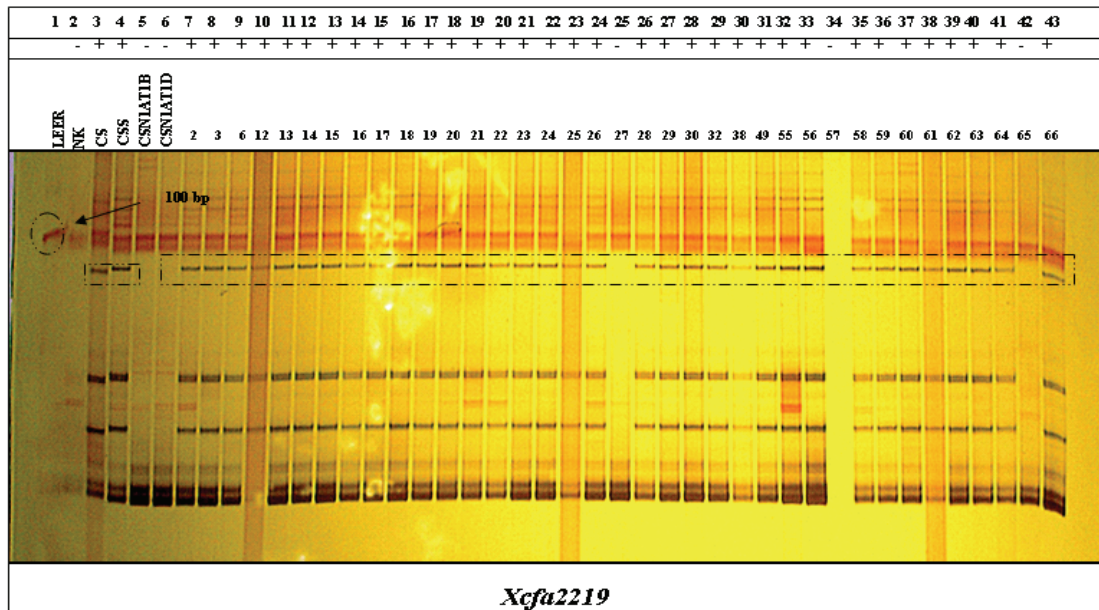
Figuur 7.22 Gelfoto wat die amplifikasie van die *Xbarc83* en *Xcfa2219* mikrosatellietmerkers op die kontrole en die TF₁: 07M5 plante (plant nommers word bo elke laan aangedui en stem ooreen met die nommers in Tabel 8.1) toon (elektroforetiese skeiding op 6% denaturerende poliakriëlamied gel teen 70W vir 5-6 ure). Die “+” en “-” tekens dui onderskeidelik op die teenwoordigheid of afwesigheid van die polimorfisme in die betrokke plant.



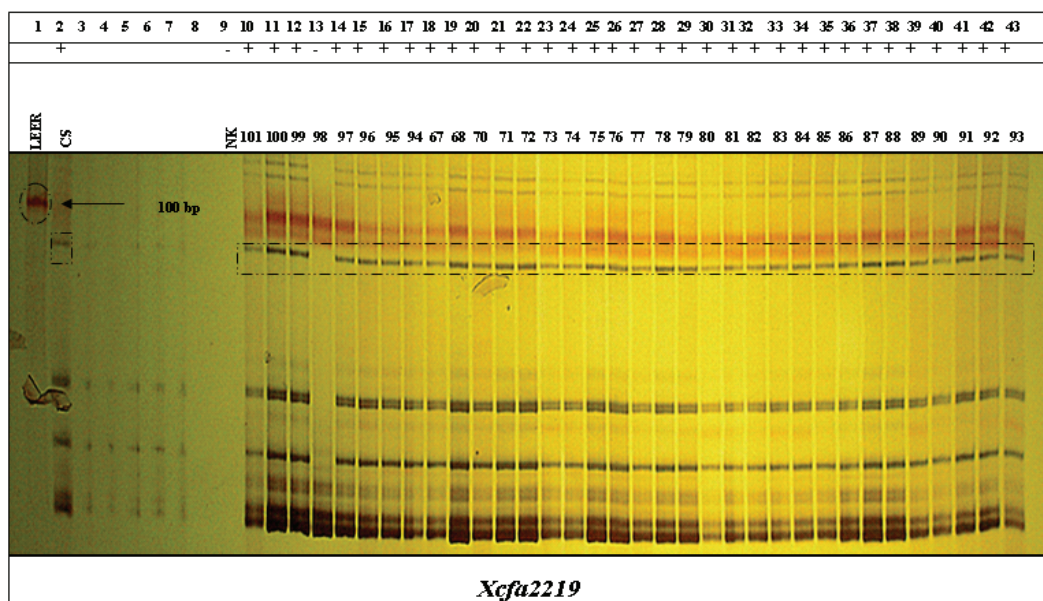
Figuur 7.23 Gelfoto wat die amplifikasie van die *Xcfa2219* mikrosatellietmerker op die kontrole plante (W84-17, CS, CSS, CSN1AT1D, CSN1AT1B, CSDT1AL, 0306 en CSM1A/0306) en die TF₁: 07M5 plante (plant nommers word bo elke laan aangedui en stem ooreen met die nommers in Tabel 8.1) toon (elektroforetiese skeiding op 6% denaturerende poliakriëlamied gel teen 70W vir 5-6 ure). Die “+” en “-” tekens dui onderskeidelik op die teenwoordigheid of afwesigheid van die polimorfisme in die betrokke plant.



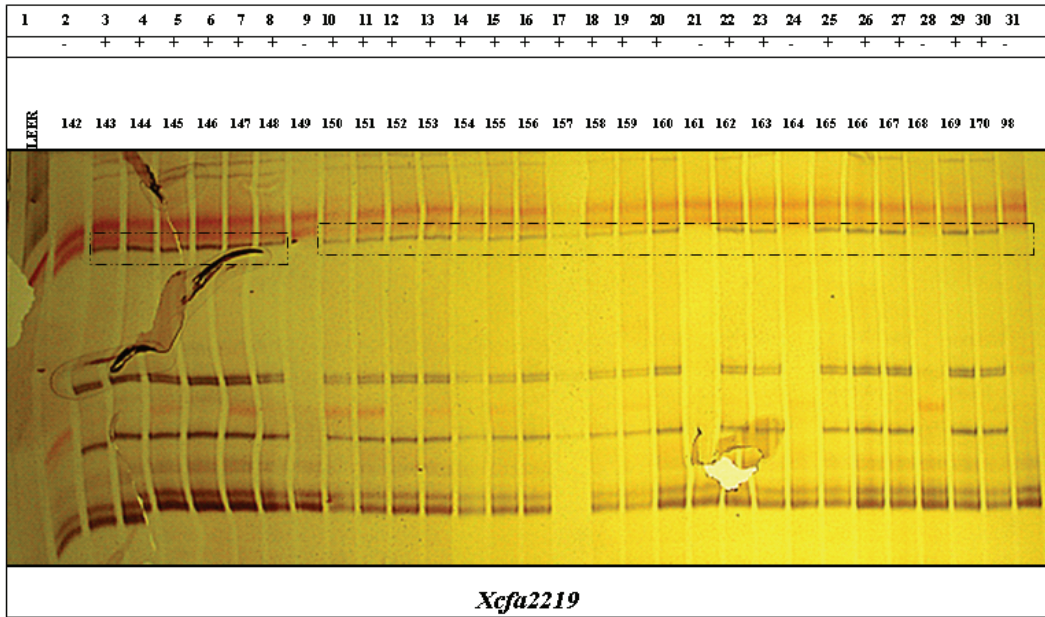
Figuur 7.24 Gelfoto wat die amplifikasie van die *Xcfa2219* mikrosatellietmerker op die kontrole plante (CS, CSS, CSN1AT1B en CSN1AT1D) en die TF₁: 07M5 plante (plant nommers word bo elke laan aangedui en stem ooreen met die nommers in Tabel 8.1) toon (elektroforetiese skeiding op 6% denaturerende poliakriëlamied gel teen 70W vir 5-6 ure). Die “+” en “-” tekens dui onderskeidelik op die teenwoordigheid of afwesigheid van die polimorfisme in die betrokke plant.



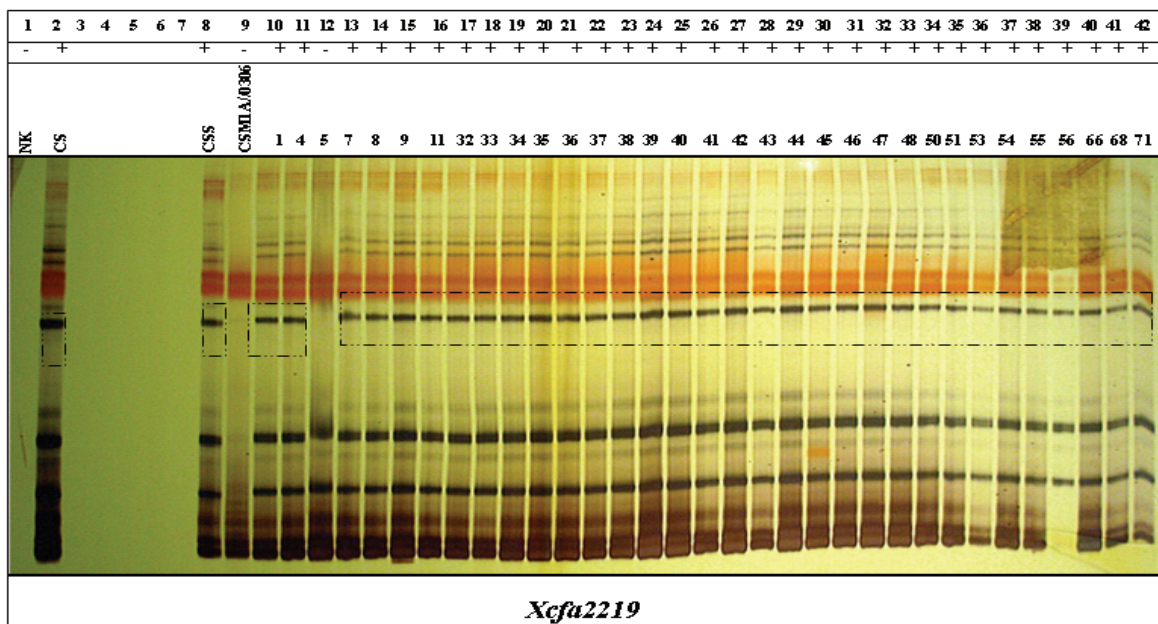
Figuur 7.25 Gelfoto wat die amplifikasie van die *Xcfa2219* mikrosatellietmerker op die kontrole plante (CS, CSS, CSN1AT1B en CSN1AT1D) en die TF₁: 07M5 plante (plant nommers word bo elke laan aangedui en stem ooreen met die nommers in Tabel 8.1) toon (elektroforetiese skeiding op 6% denaturerende poliakriëlamied gel teen 70W vir 5-6 ure). Die “+” en “-” tekens dui onderskeidelik op die teenwoordigheid of afwesigheid van die polimorfisme in die betrokke plant.



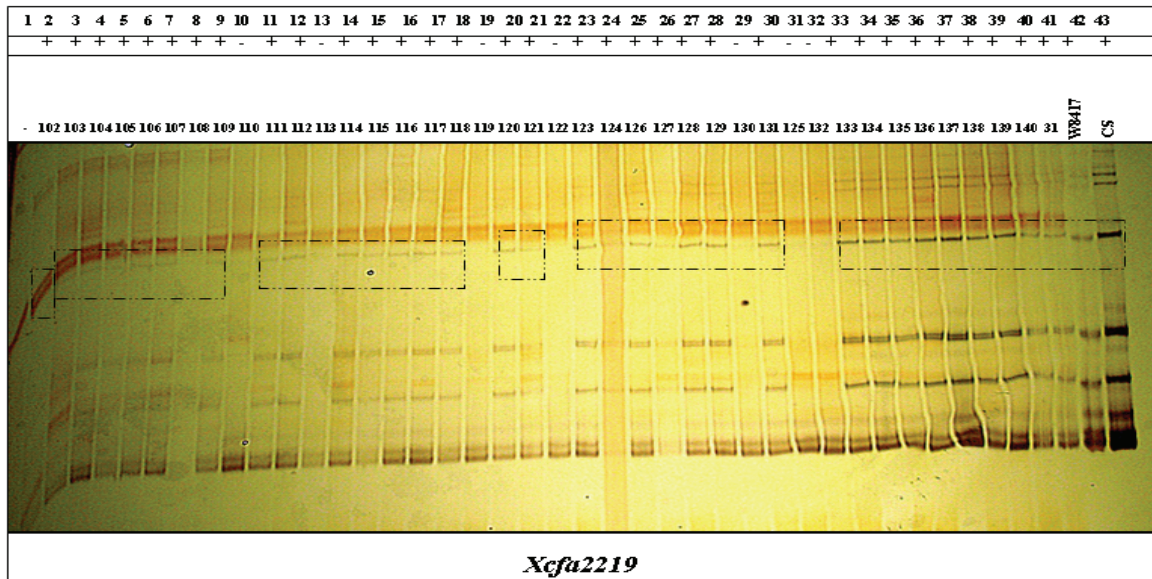
Figuur 7.26 Gelfoto wat die amplifikasie van die *Xcfa2219* mikrosatellietmerker op die kontrole plant (CS) en die TF₁: 07M5 plante (plant nommers word bo elke laan aangedui en stem ooreen met die nommers in Tabel 8.1) toon (elektroforetiese skeiding op 6% denaturerende poliakriëlamied gel teen 70W vir 5-6 ure). Die “+” en “-” tekens dui onderskeidelik op die teenwoordigheid of afwesigheid van die polimorfisme in die betrokke plant.



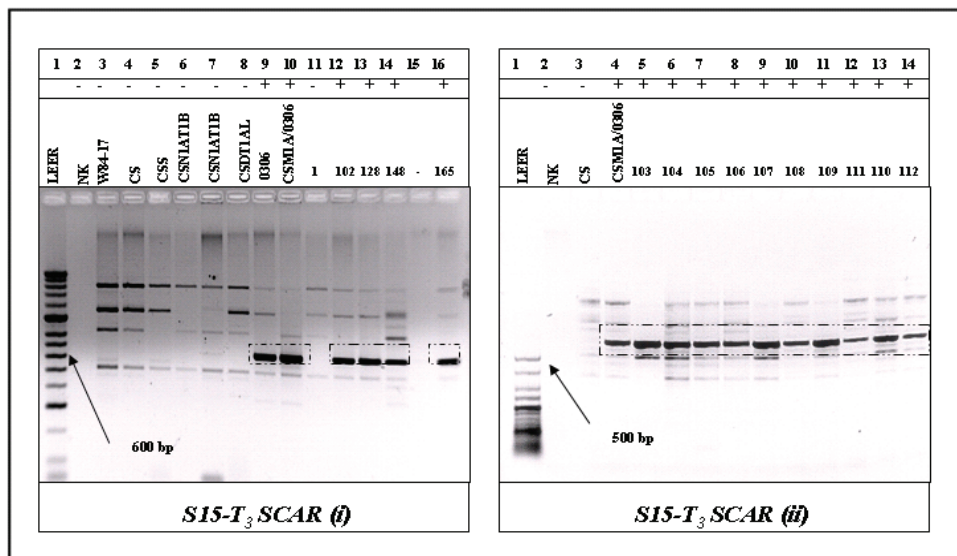
Figuur 7.27 Gelfoto wat die amplifikasie van die *Xcfa2219* mikrosatellietmerker op TF₁: 07M5 plante (plant nommers word bo elke laan aangedui en stem ooreen met die nommers in Tabel 8.1) toon (elektroforetiese skeiding op 6% denaturerende poliakriëlamied gel teen 70W vir 5-6 ure). Die “+” en “-” tekens dui onderskeidelik op die teenwoordigheid of afwesigheid van die polimorfisme in die betrokke plant.



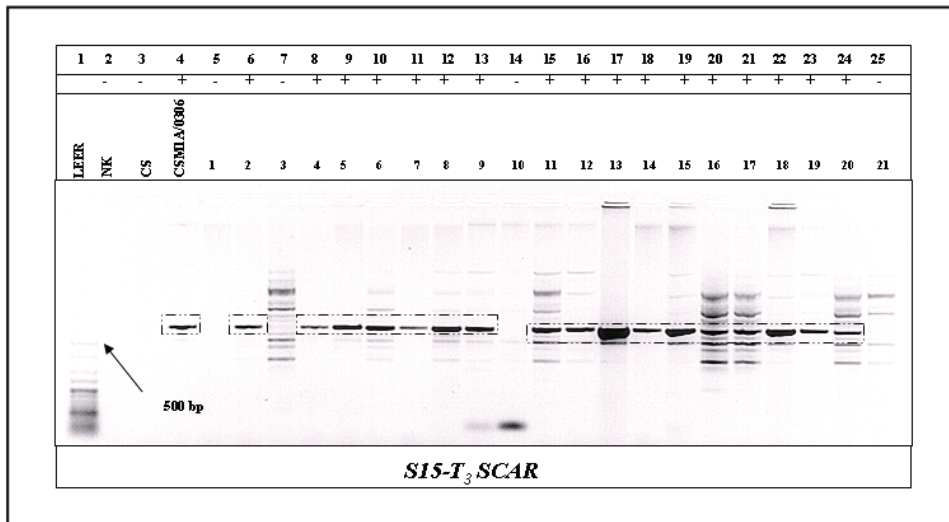
Figuur 7.28 Gelfoto wat die amplifikasie van die *Xcfa2219* mikrosatellietmerker op kontrole plante (CS, CSS en CSM1A/0306) en die TF₁: 07M5 plante (plant nommers word bo elke laan aangedui en stem ooreen met die nommers in Tabel 8.1) toon (elektroforetiese skeiding op 6% denaturerende poliakriëlamied gel teen 70W vir 5-6 ure). Die “+” en “-” tekens dui onderskeidelik op die teenwoordigheid of afwesigheid van die polimorfisme in die betrokke plant.



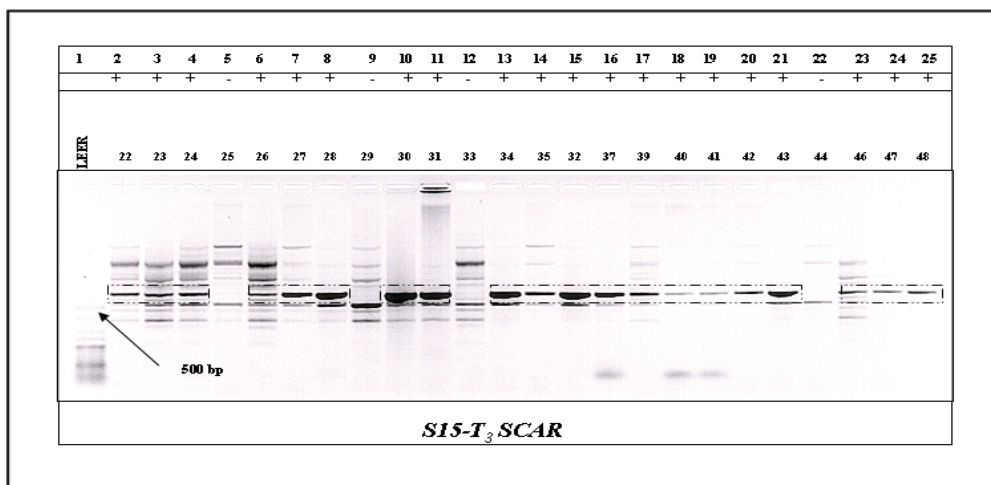
Figuur 7.29 Gelfoto wat die amplifikasie van die *Xcfa2219* mikrosatellietmerker op kontrole plante (W84-17 en CS) en die TF₁: 07M5 plante (plant nommers word bo elke laan aangedui en stem ooreen met die nommers in Tabel 8.1) toon (elektroforetiese skeiding op 6% denaturerende poliakrielamied gel teen 70W vir 5-6 ure). Die “+” en “-” tekens dui onderskeidelik op die teenwoordigheid of afwesigheid van die polimorfisme in die betrokke plant.



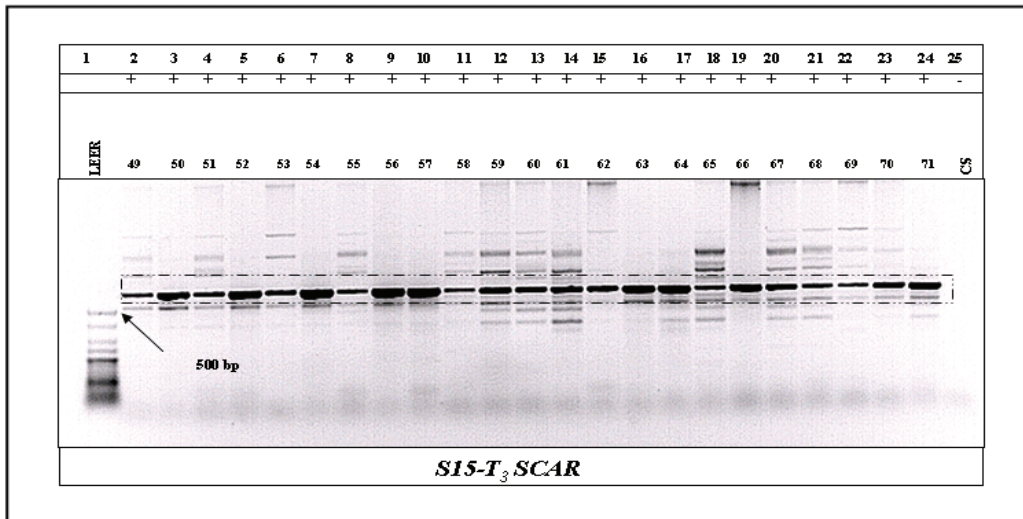
Figuur 7.30 Gelfotos wat die amplifikasie van die S15-T₃ SCAR merker op die kontrole plante (i = W84-17, CS, CSS, CSN1AT1B, CSN1AT1D, CSDT1AL, 0306 en CSM1A/0306); (ii = CS, CSM1A/0306) en die TF₁: 07M5 plante (plant nommers word bo elke laan aangedui en stem ooreen met die nommers in Tabel 8.1) toon (elektroforetiese skeiding op 1.5% agarose gel teen 120V vir 90 minute. Die diagnostiese band (622 bp) word aangetoon in die gemerkte blokke. Die spesifieke kontrole plant word bo elke laan aangedui. Die “+” en “-” tekens dui onderskeidelik op die teenwoordigheid of afwesigheid van die polimorfisme in die betrokke kontrole plant. (i) Laan 1 besit Hyperladder II. (ii) Laan 1 besit Hyperladder V.



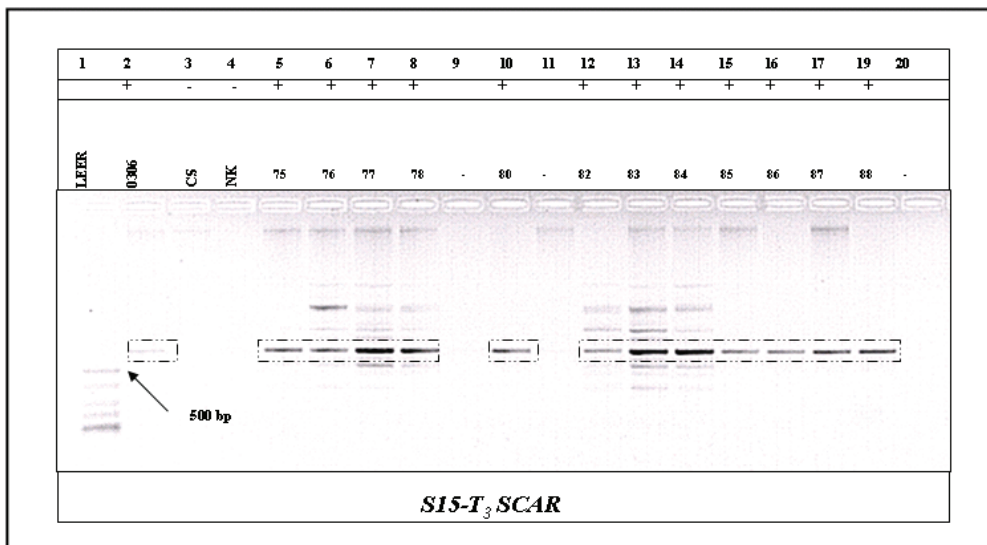
Figuur 7.31 Gelfotos wat die amplifikasie van die S15-T₃ SCAR-merker op die kontrole plante (CS, CSM1A/0306) en die TF₁: 07M5 plante (plant nommers word bo elke laan aangedui en stem ooreen met die nommers in Tabel 8.1) toon (elektroforetiese skeiding op 1.5% agarose gel teen 120V vir 90 minute). Die diagnostiese band (622 bp) word aangetoon in die gemerkte blokke. Die spesifieke kontrole plant word bo elke laan aangedui. Die “+” en “-” tekens dui onderskeidelik op die teenwoordigheid of afwesigheid van die polimorfisme in die betrokke kontrole plant. Laan 1 besit Hyperladder V.



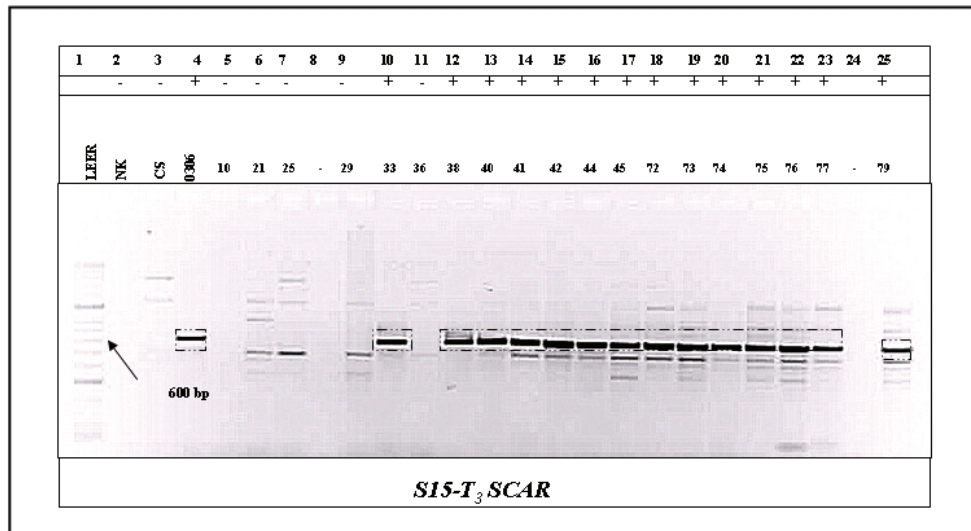
Figuur 7.32 Gelfotos wat die amplifikasie van die S15-T₃ SCAR-merker op die TF₁: 07M5 plante (plant nommers word bo elke laan aangedui en stem ooreen met die nommers in Tabel 8.1) toon (elektroforetiese skeiding op 1.5% agarose gel teen 120V vir 90 minute). Die diagnostiese band (622 bp) word aangetoon in die gemerkte blokke. Die spesifieke kontrole plant word bo elke laan aangedui. Die “+” en “-” tekens dui onderskeidelik op die teenwoordigheid of afwesigheid van die polimorfisme in die betrokke kontrole plant. Laan 1 besit Hyperladder V.



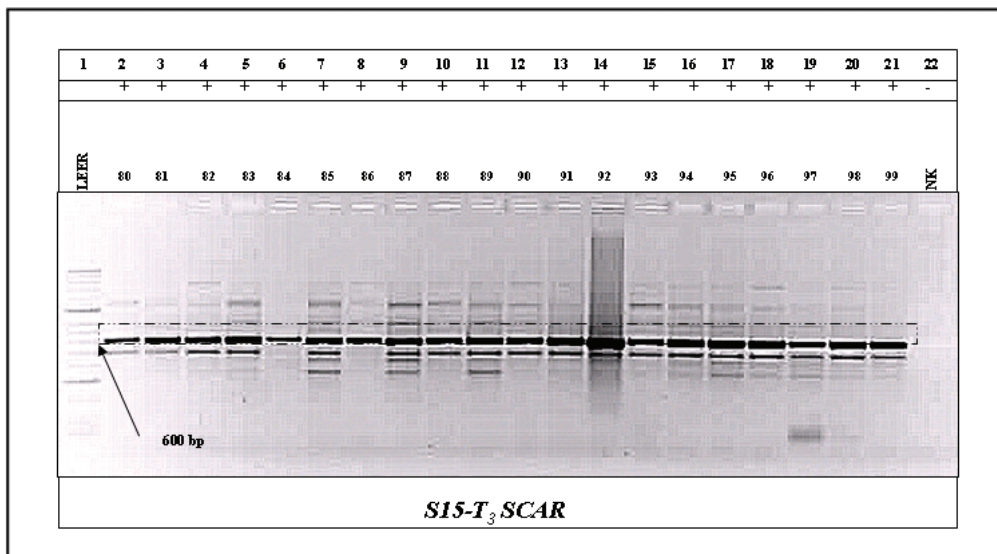
Figuur 7.33 Gelfotos wat die amplifikasie van die S15-T₃ SCAR-merker op die kontrole-plant (CS) en die TF₁: 07M5 plante (plant nommers word bo elke laan aangedui en stem ooreen met die nommers in Tabel 8.1) toon (elektroforetiese skeiding op 1.5% agarose gel teen 120V vir 90 minute). Die diagnostiese band (622 bp) word aangetoon in die gemerkte blokke. Die spesifieke kontrole plant word bo elke laan aangedui. Die “+” en “-” tekens dui onderskeidelik op die teenwoordigheid of afwesigheid van die polimorfisme in die betrokke kontrole plant. Laan 1 besit Hyperladder V.



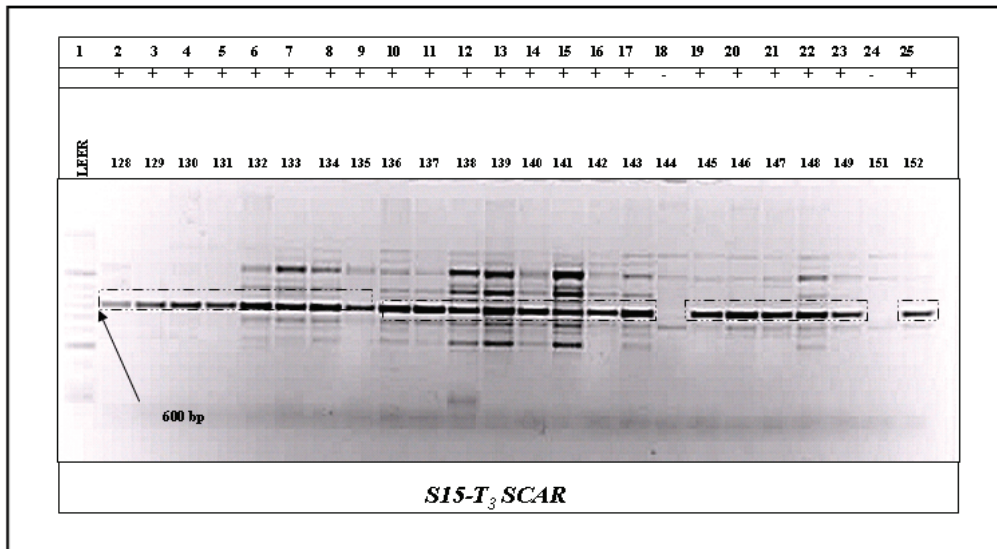
Figuur 7.34 Gelfotos wat die amplifikasie van die S15-T₃ SCAR-merker op die kontrole-plant (0306 en CS) en die TF₁: 07M5 plante (plant nommers word bo elke laan aangedui en stem ooreen met die nommers in Tabel 8.1) toon (elektroforetiese skeiding op 1.5% agarose gel teen 120V vir 90 minute). Die diagnostiese band (622 bp) word aangetoon in die gemerkte blokke. Die spesifieke kontrole plant word bo elke laan aangedui. Die “+” en “-” tekens dui onderskeidelik op die teenwoordigheid of afwesigheid van die polimorfisme in die betrokke kontrole plant. Laan 1 besit Hyperladder V.



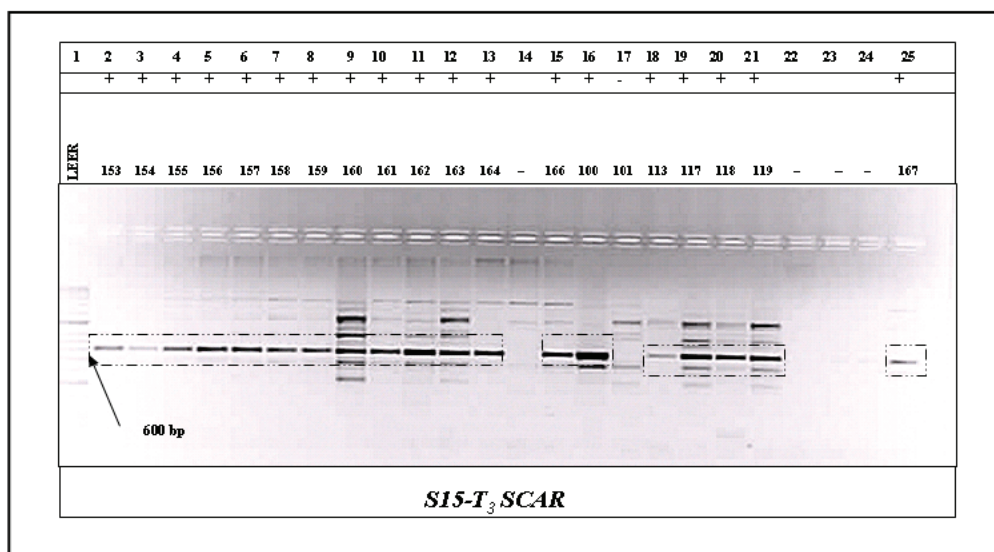
Figuur 7.35 Gelfotos wat die amplifikasie van die S15-T₃ SCAR-merker op die kontrole-plant (CS en 0306) en die TF₁: 07M5 plante (plant nommers word bo elke laan aangedui en stem ooreen met die nommers in Tabel 8.1) toon (elektroforetiese skeiding op 1.5% agarose gel teen 120V vir 90 minute). Die diagnostiese band (622 bp) word aangetoon in die gemerkte blokke. Die spesifieke kontrole plant word bo elke laan aangedui. Die “+” en “-” tekens dui onderskeidelik op die teenwoordigheid of afwesigheid van die polimorfisme in die betrokke kontrole plant. Laan 1 besit Hyperladder II.



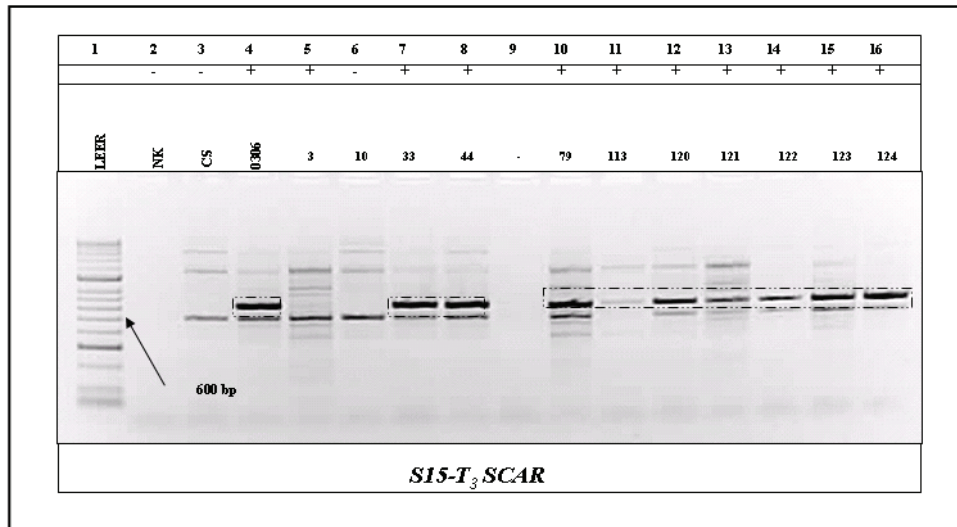
Figuur 7.36 Gelfotos wat die amplifikasie van die S15-T₃ SCAR-merker op die TF₁: 07M5 plante (plant nommers word bo elke laan aangedui en stem ooreen met die nommers in Tabel 8.1) toon (elektroforetiese skeiding op 1.5% agarose gel teen 120V vir 90 minute). Die diagnostiese band (622 bp) word aangetoon in die gemerkte blokke. Die spesifieke kontrole plant word bo elke laan aangedui. Die “+” en “-” tekens dui onderskeidelik op die teenwoordigheid of afwesigheid van die polimorfisme in die betrokke kontrole plant. Laan 1 besit Hyperladder II.



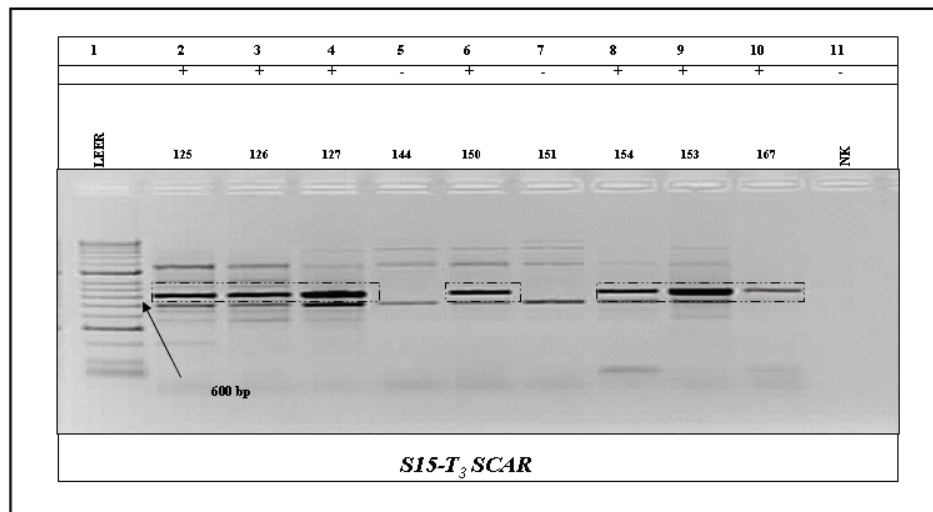
Figuur 7.37 Gelfotos wat die amplifikasie van die S15-T₃ SCAR-merker op die TF₁: 07M5 plante (plant nommers word bo elke laan aangedui en stem ooreen met die nommers in Tabel 8.1) toon (elektroforetiese skeiding op 1.5% agarose gel teen 120V vir 90 minute). Die diagnostiese band (622 bp) word aangetoon in die gemerkte blokke. Die spesifieke kontrole plant word bo elke laan aangedui. Die “+” en “-” tekens dui onderskeidelik op die teenwoordigheid of afwesigheid van die polimorfisme in die betrokke kontrole plant. Laan 1 besit Hyperladder II.



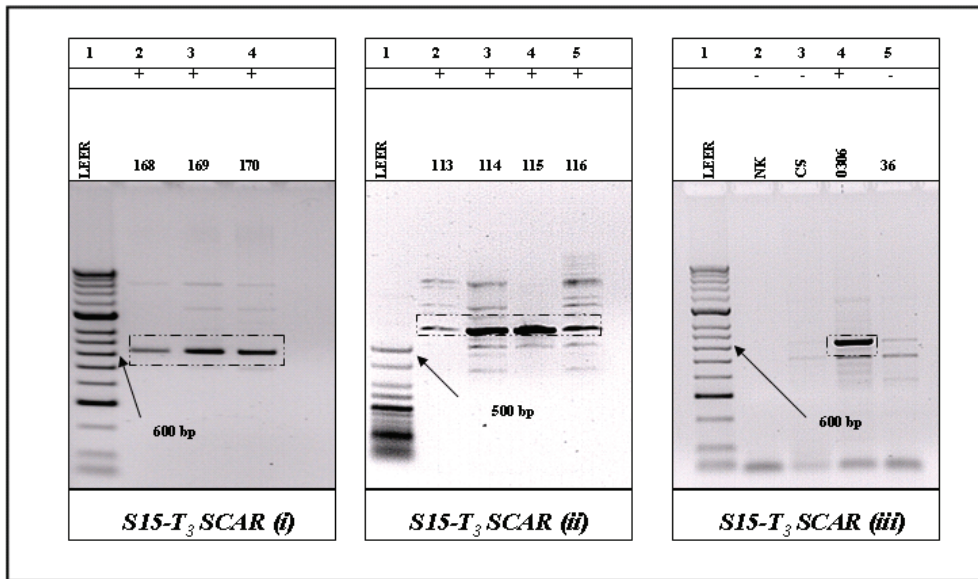
Figuur 7.38 Gelfotos wat die amplifikasie van die S15-T₃ SCAR-merker op die TF₁: 07M5 plante (plant nommers word bo elke laan aangedui en stem ooreen met die nommers in Tabel 8.1) toon (elektroforetiese skeiding op 1.5% agarose gel teen 120V vir 90 minute). Die diagnostiese band (622 bp) word aangetoon in die gemerkte blokke. Die spesifieke kontrole plant word bo elke laan aangedui. Die “+” en “-” tekens dui onderskeidelik op die teenwoordigheid of afwesigheid van die polimorfisme in die betrokke kontrole plant. Laan 1 besit Hyperladder II.



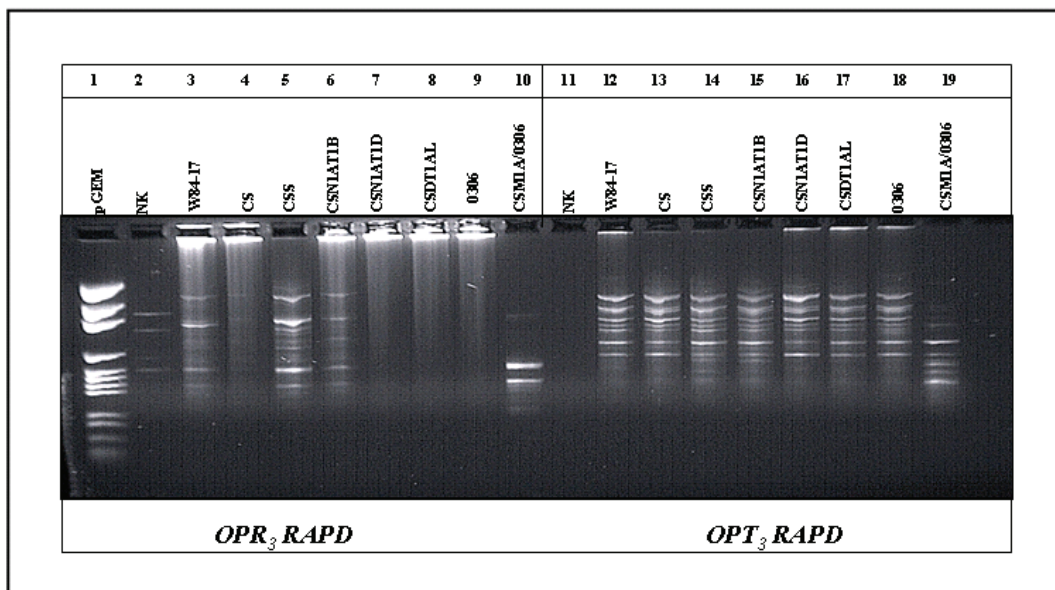
Figuur 7.39 Gelfotos wat die amplifikasie van die S15-T₃ SCAR-merker op die kontrole-plant (CS en 0306) en die TF₁: 07M5 plante (plant nommers word bo elke laan aangedui en stem ooreen met die nommers in Tabel 8.1) toon (elektroforetiese skeiding op 1.5% agarose gel teen 120V vir 90 minute). Die diagnostiese band (622 bp) word aangetoon in die gemerkte blokke. Die spesifieke kontrole plant word bo elke laan aangedui. Die “+” en “-” tekens dui onderskeidelik op die teenwoordigheid of afwesigheid van die polimorfisme in die betrokke kontrole plant. Laan 1 besit Hyperladder II.



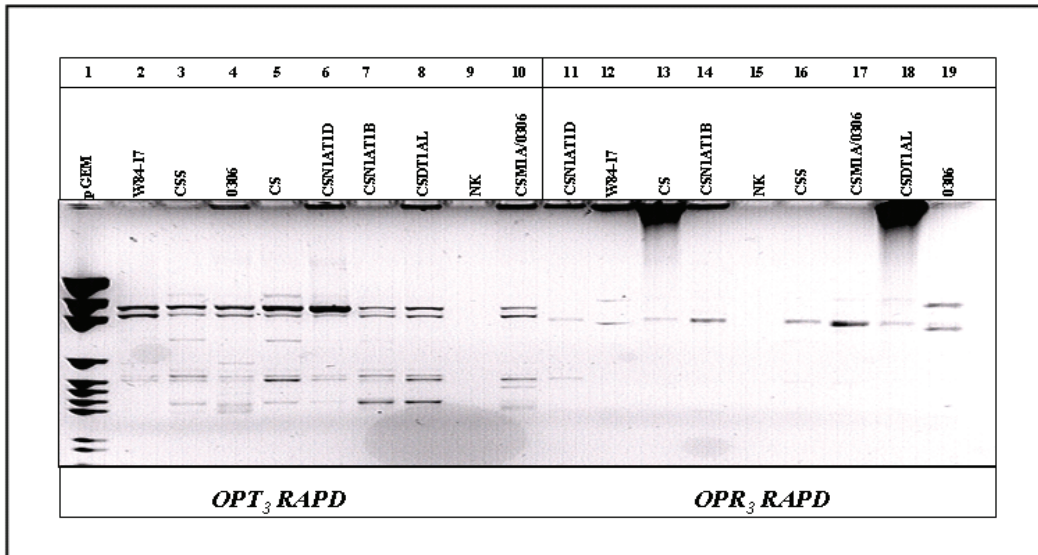
Figuur 7.40 Gelfotos wat die amplifikasie van die S15-T₃ SCAR-merker op die TF₁: 07M5 plante (plant nommers word bo elke laan aangedui en stem ooreen met die nommers in Tabel 8.1) toon (elektroforetiese skeiding op 1.5% agarose gel teen 120V vir 90 minute). Die diagnostiese band (622 bp) word aangetoon in die gemerkte blokke. Die spesifieke kontrole plant word bo elke laan aangedui. Die “+” en “-” tekens dui onderskeidelik op die teenwoordigheid of afwesigheid van die polimorfisme in die betrokke kontrole plant. Laan 1 besit Hyperladder II.



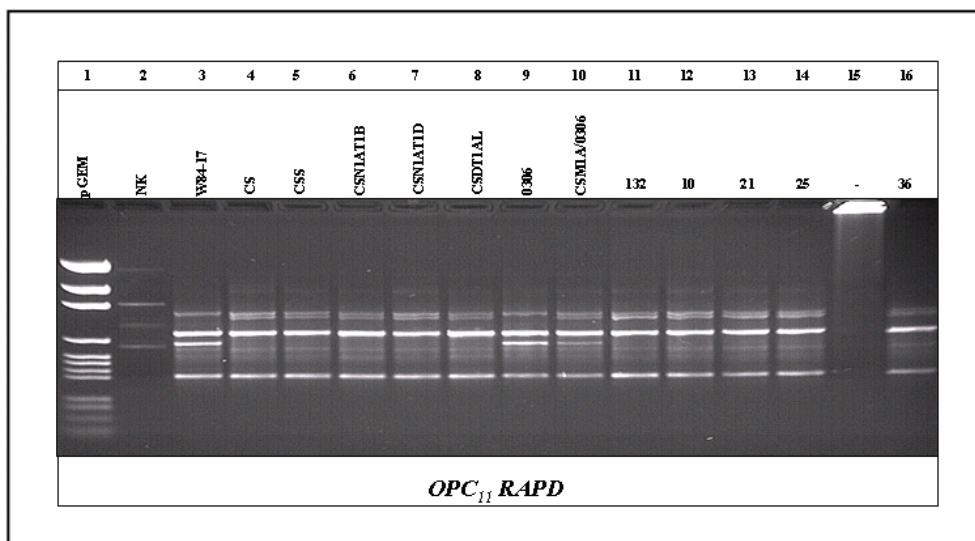
Figuur 7.41 Gelfotos wat die amplifikasie van die S15-T₃ SCAR-merker op die kontrole-plant (iii = CS, 0306) en die TF₁: 07M5 plante (plant nommers word bo elke laan aangedui en stem ooreen met die nommers in Tabel 8.1) toon (elektroforetiese skeiding op 1.5% agarose gel teen 120V vir 90 minute. Die diagnostiese band (622 bp) word aangetoon in die gemerkte blokke. Die spesifieke kontrole plant word bo elke laan aangedui. Die “+” en “-” tekens dui onderskeidelik op die teenwoordigheid of afwesigheid van die polimorfisme in die betrokke kontrole plant. (i) Laan 1 besit Hyperladder II. (ii) Laan 1 besit Hyperladder V. (iii) Laan 1 besit Hyperladder II.



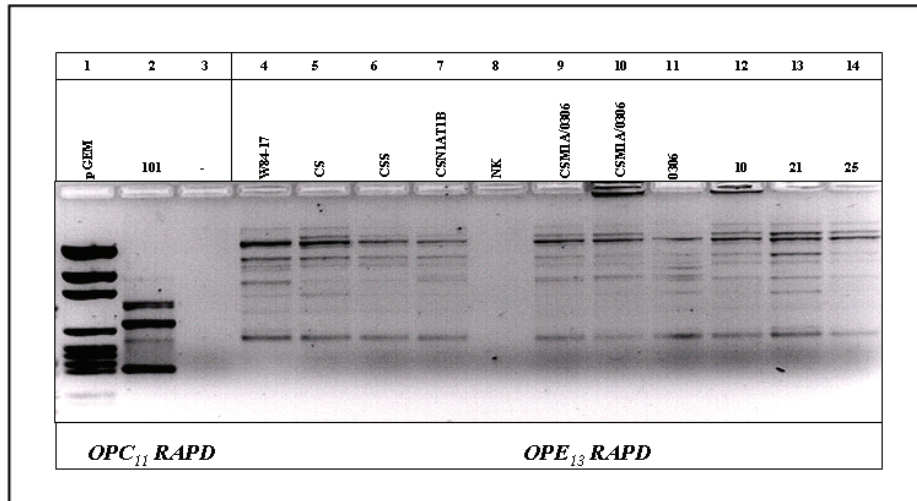
Figuur 7.42 Gelfotos wat die amplifikasie van die OPR₃ en OPT₃ RAPD-merkers op die kontrole-plant (W84-17, CS, CSS, CSN1AT1B, CSN1AT1D, CSDT1AL, 0306 en CSM1A/0306) toon (elektroforetiese skeiding op 1.5% agarose gel teen 120V vir 120 minute). Laan 1 besit pGEM en Laan 2 en 11 besit die negatiewe kontroles. Geen nuttige polimorfiese bande kon geïdentifiseer word nie.



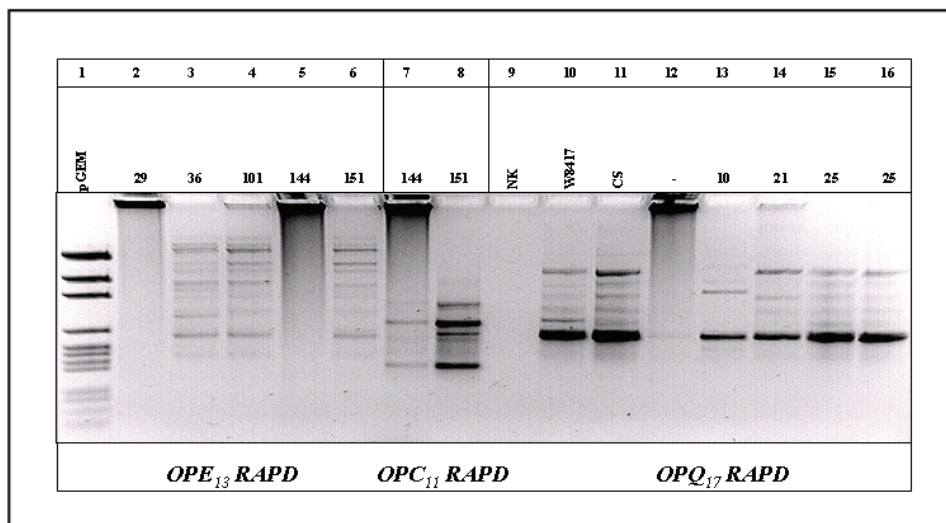
Figuur 7.43 Gelfotos wat die amplifikasie van die OPT₃ en OPR₃ RAPD-merkers op die kontrole-plant (W84-17, CS, CSS, CSN1AT1B, CSN1AT1D, CSDT1AL, 0306 en CSM1A/0306) toon (elektroforetiese skeiding op 1.5% agarose gel teen 120V vir 120 minute). Laan 1 besit pGEM en Laan 9 en 15 besit die negatiewe kontroles. Geen nuttige polimorfiese bande kon geïdentifiseer word nie.



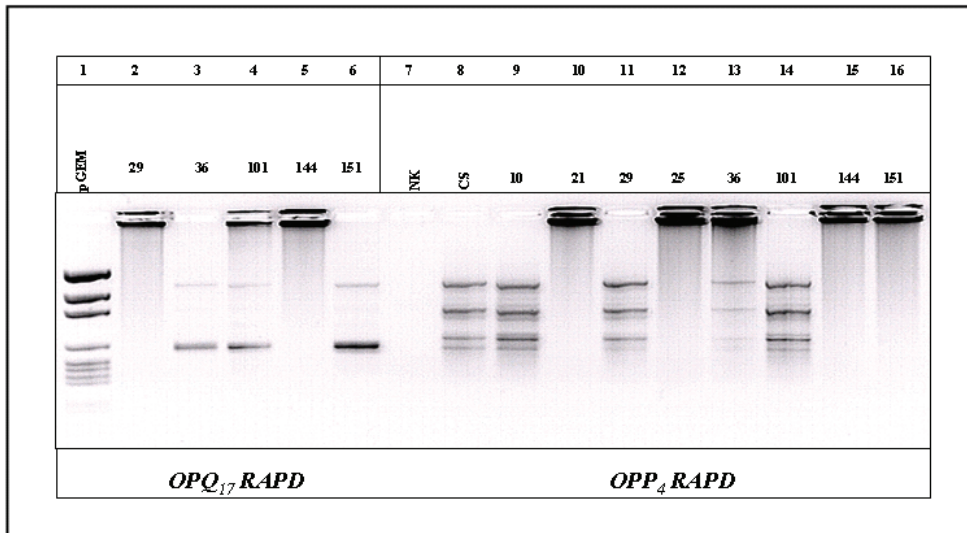
Figuur 7.44 Gelfotos wat die amplifikasie van die OPC₁₁ RAPD-merker op die kontrole-plant (W84-17, CS, CSS, CSN1AT1B, CSN1AT1D, CSDT1AL, 0306 en CSM1A/0306) en die TF₁: 07M5 plante (plant nommers word bo elke laan aangedui en stem ooreen met die nommers in Tabel 8.1) toon (elektroforetiese skeiding op 1.5% agarose gel teen 120V vir 120 minute). Laan 1 besit pGEM en Laan 2 besit die negatiewe kontrole. Geen nuttige polimorfiese bande kon geïdentifiseer word nie.



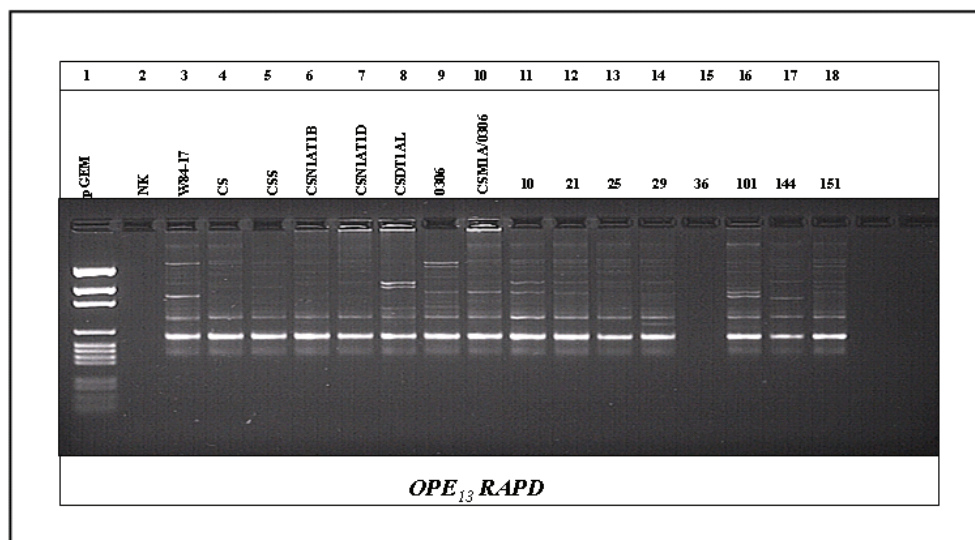
Figuur 7.45 Gelfotos wat die amplifikasie van die OPC₁₁ en OPE₁₃ RAPD-merkers op die kontrole-plante (W84-17, CS, CSS, CSN1AT1B, CSDT1AL, 0306 en CSM1A/0306) en die TF₁: 07M5 plante (plant nommers word bo elke laan aangedui en stem ooreen met die nommers in Tabel 8.1) toon (elektroforetiese skeiding op 1.5% agarose gel teen 120V vir 120 minute). Laan 1 besit pGEM en Laan 8 besit die negatiewe kontrole. Geen nuttige polimorfiese bande kon geïdentifiseer word nie.



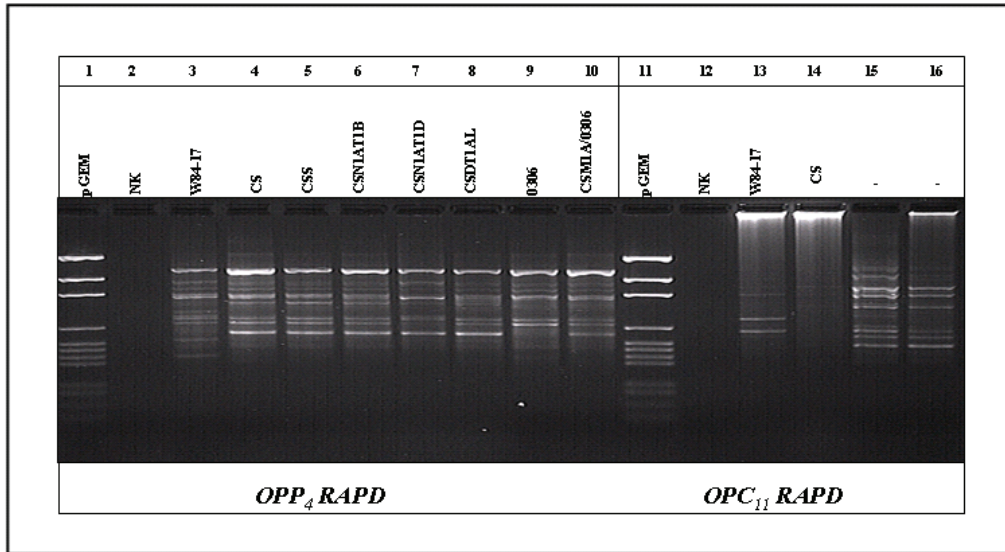
Figuur 7.46 Gelfotos wat die amplifikasie van die OPE₁₃, OPC₁₁ en OPQ₁₇ RAPD-merkers op die kontrole-plante (W84-17, CS) en die TF₁: 07M5 plante (plant nommers word bo elke laan aangedui en stem ooreen met die nommers in Tabel 8.1) toon (elektroforetiese skeiding op 1.5% agarose gel teen 120V vir 120 minute). Laan 1 besit pGEM en Laan 9 besit die negatiewe kontrole. Geen nuttige polimorfiese bande kon geïdentifiseer word nie.



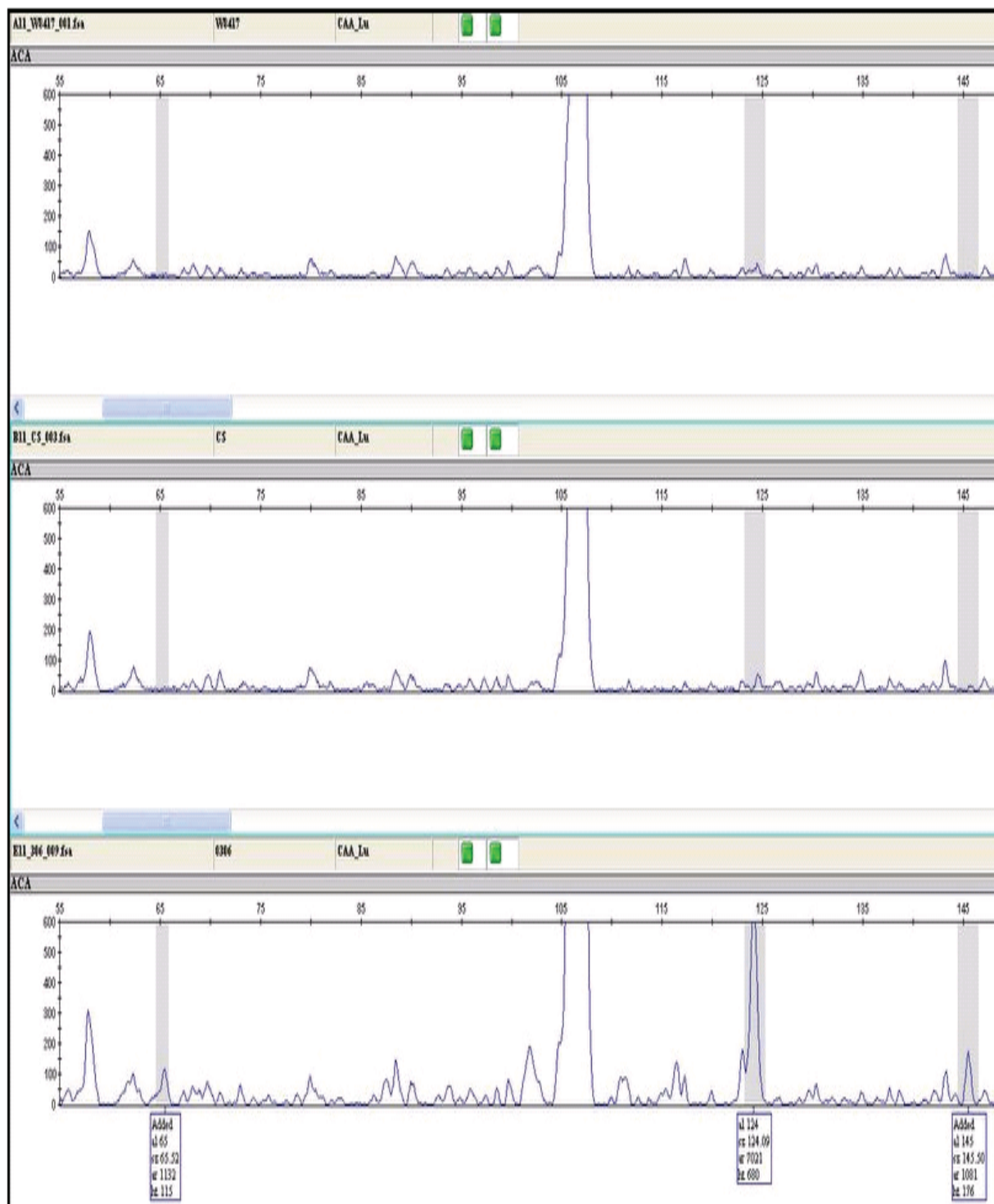
Figuur 7.47 Gelfotos wat die amplifikasie van die OPQ₁₇ en OPP₄ RAPD-merkers op die kontrole plant (CS) en die TF₁: 07M5 plante (plant nommers word bo elke laan aangedui en stem ooreen met die nommers in Tabel 8.1) toon (elektroforetiese skeiding op 1.5% agarose gel teen 120V vir 120 minute. Laan 1 besit pGEM en Laan 7 besit die negatiewe kontrole. Geen nuttige polimorfiese bande kon geïdentifiseer word nie.



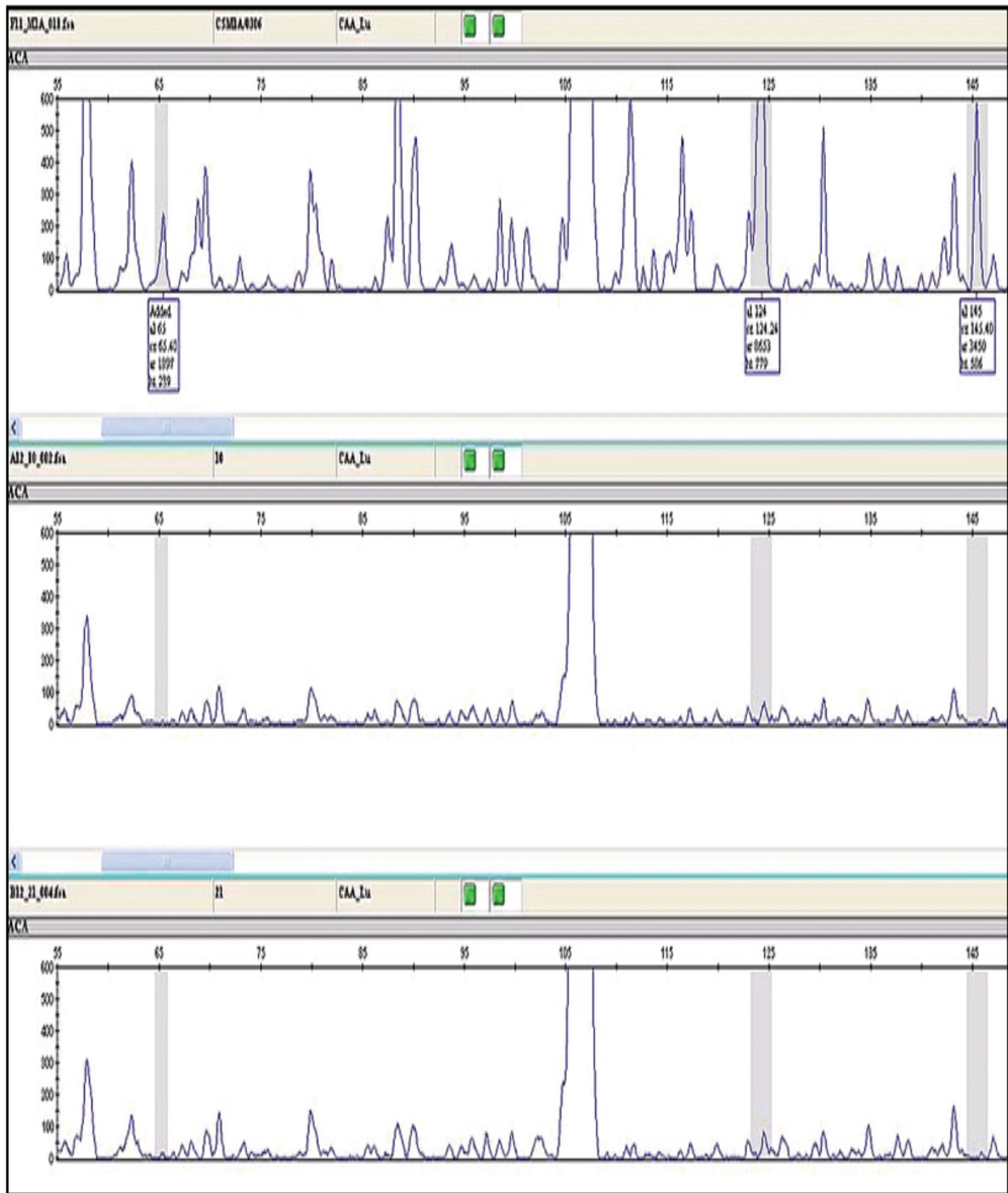
Figuur 7.48 Gelfotos wat die amplifikasie van die OPE₁₃ RAPD-merker op die kontrole-plante (W84-17, CS, CSS, CSN1AT1B, CSN1AT1D, CSDT1AL, 0306 en CSM1A/0306) en die TF₁: 07M5 plante (plant nommers word bo elke laan aangedui en stem ooreen met die nommers in Tabel 8.1) toon (elektroforetiese skeiding op 1.5% agarose gel teen 120V vir 120 minute). Laan 1 besit pGEM en Laan 2 besit die negatiewe kontrole. Geen amplifikasie het geskied in laan 15 nie. Geen nuttige polimorfiese bande kon geïdentifiseer word nie.



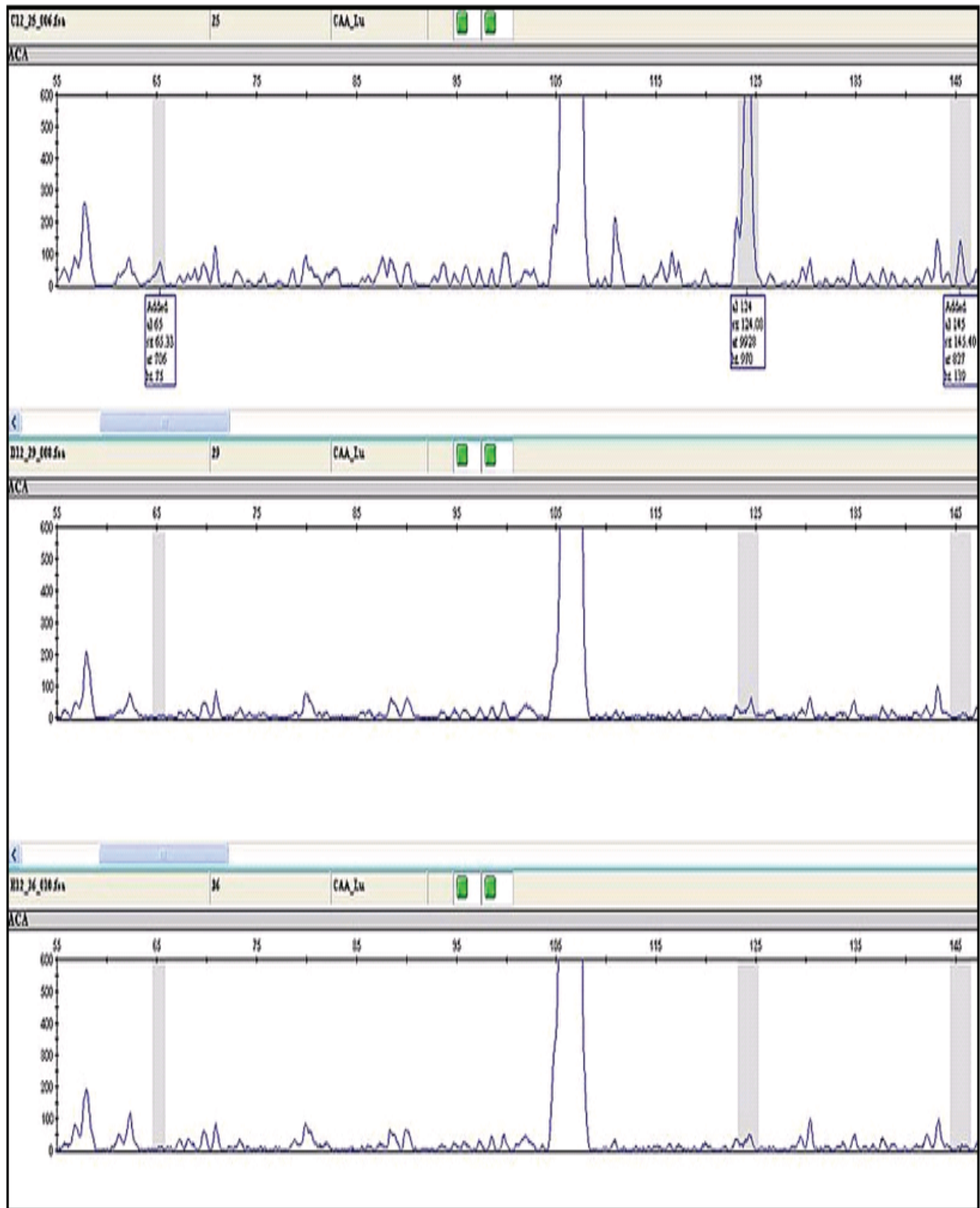
Figuur 7.49 Gelfotos wat die amplifikasie van die OPP_4 en OPC_{11} RAPD-merkers op die kontrole- plante (W84-17, CS, CSS, CSN1AT1B, CSN1AT1D, CSDT1AL, 0306 en CSM1A/0306) en die TF_1 : 07M5 plante (plant nommers word bo elke laan aangedui en stem ooreen met die nommers in Tabel 8.1) toon (elektroforetiese skeiding op 1.5% agarose gel teen 120V vir 120 minute). Laan 1 en 11 besit pGEM en Laan 2 en 12 besit die negatiewe kontroles. Laan 15 en 16 besit ongespesifiseerde produkte en is nie van toepassing nie. Geen nuttige polimorfiese bande kon geïdentifiseer word nie.



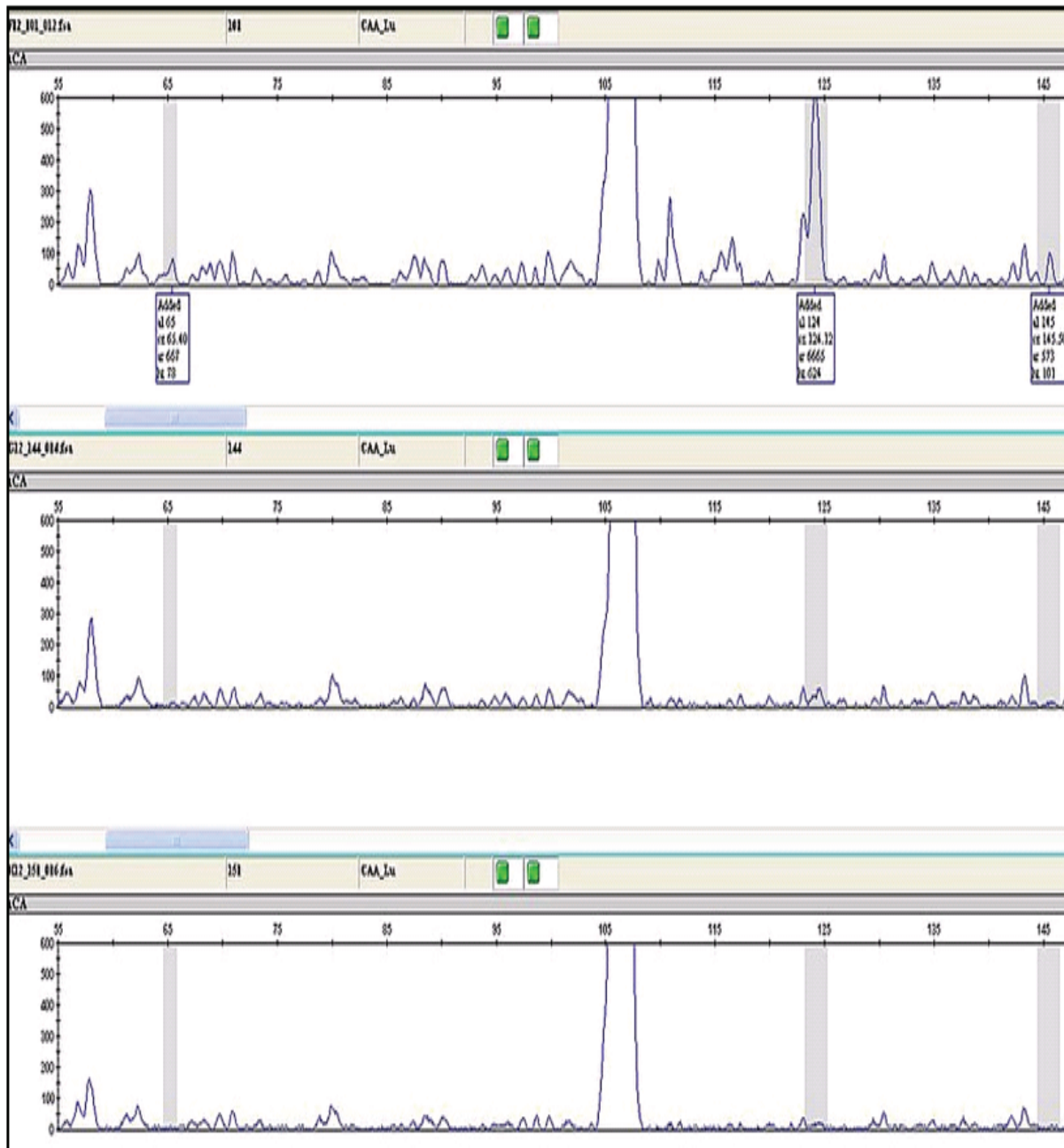
Figuur 7.50 Toetsing met die *M-CAA/E-ACA-65*, *M-CAA/E-ACA-124* en *M-CAA/E-ACA-145* polimorfiese AFLP-merkers. Boonste laan: W84-17. Middelste laan: CS. Onderste laan: 0306. Piek intensiteit gestel by 600.



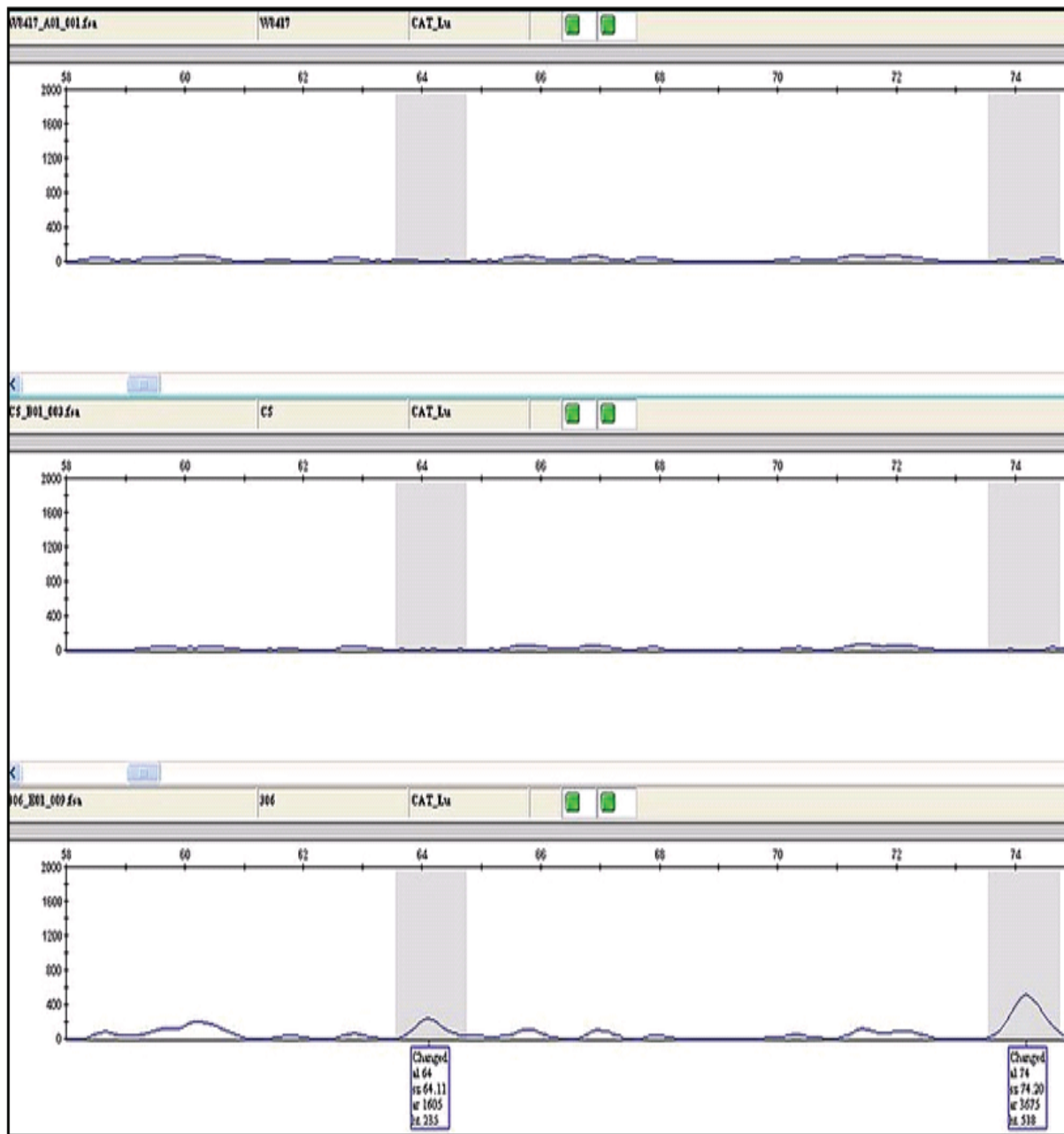
Figuur 7.51 Toetsing met die *M-CAA/E-ACA-65*, *M-CAA/E-ACA-124* en *M-CAA/E-ACA-145* polimorfiese AFLP-merkers. Boonste laan: CSM1A/0306. Middelste laan: plantnummer 10. Onderste laan: plantnummer 21. Piek intensiteit gestel by 600.



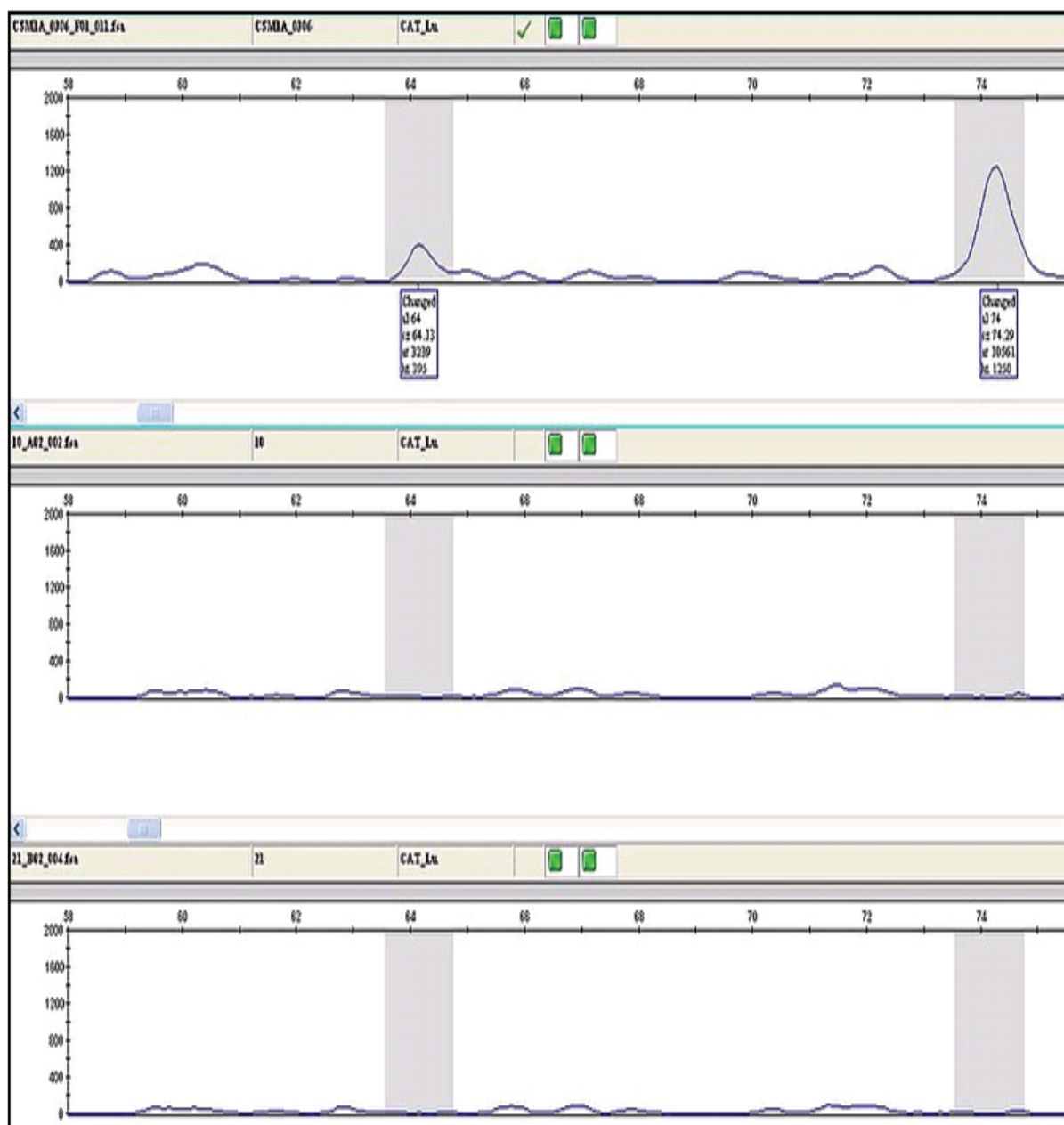
Figuur 7.52 Toetsing met die *M-CAA/E-ACA-65*, *M-CAA/E-ACA-124* en *M-CAA/E-ACA-145* polimorfiese AFLP-merkers. Boonste laan: 25. Middelste laan: plantnummer 29. Onderste laan: plantnummer 36. Piek intensiteit gestel by 600.



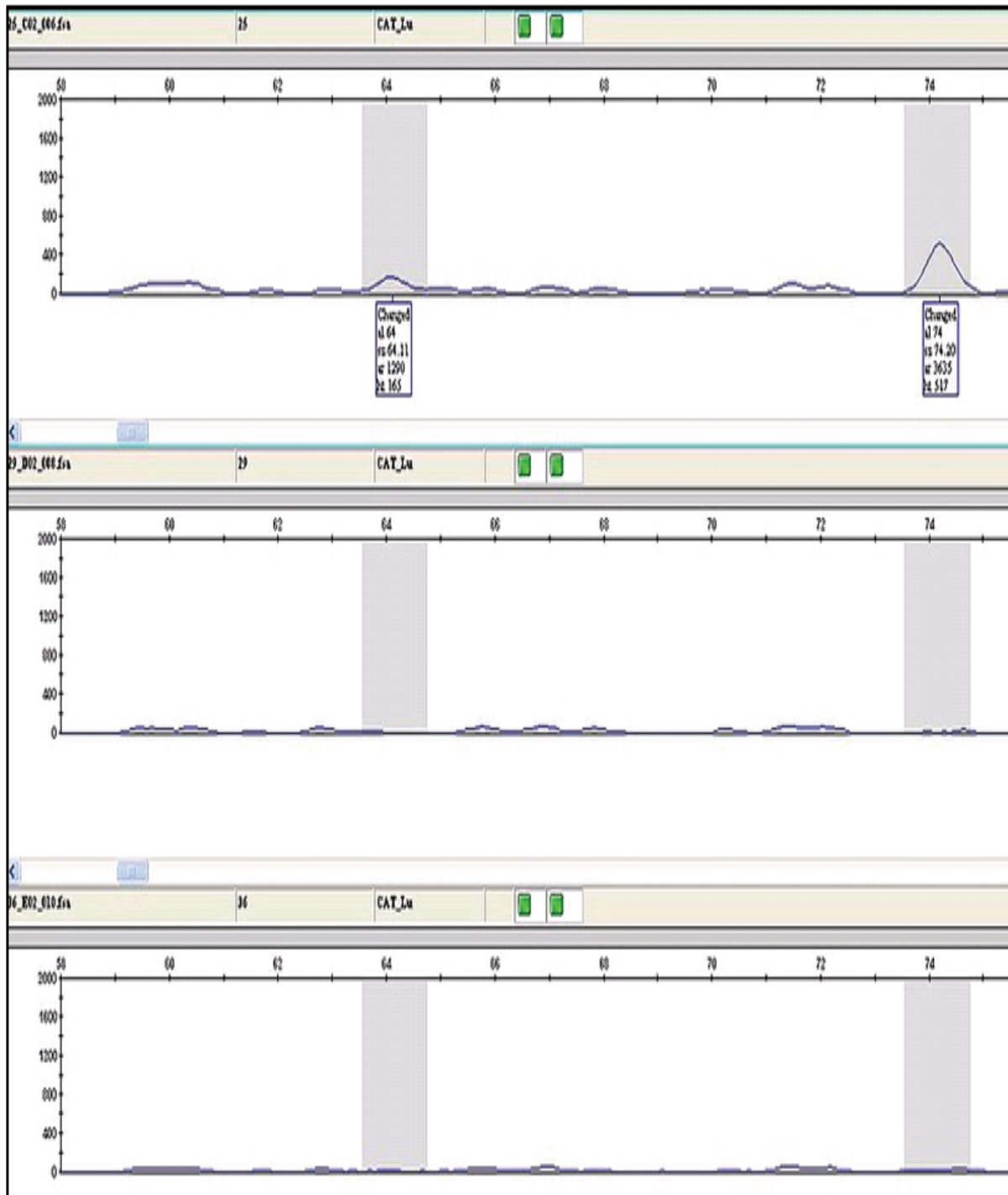
Figuur 7.53 Toetsing met die *M-CAA/E-ACA-65*, *M-CAA/E-ACA-124* en *M-CAA/E-ACA-145* polimorfiese AFLP-merkers. Boonste laan: 101. Middelste laan: plantnummer 144. Onderste laan: plantnummer 151. Piek intensiteit gestel by 600.



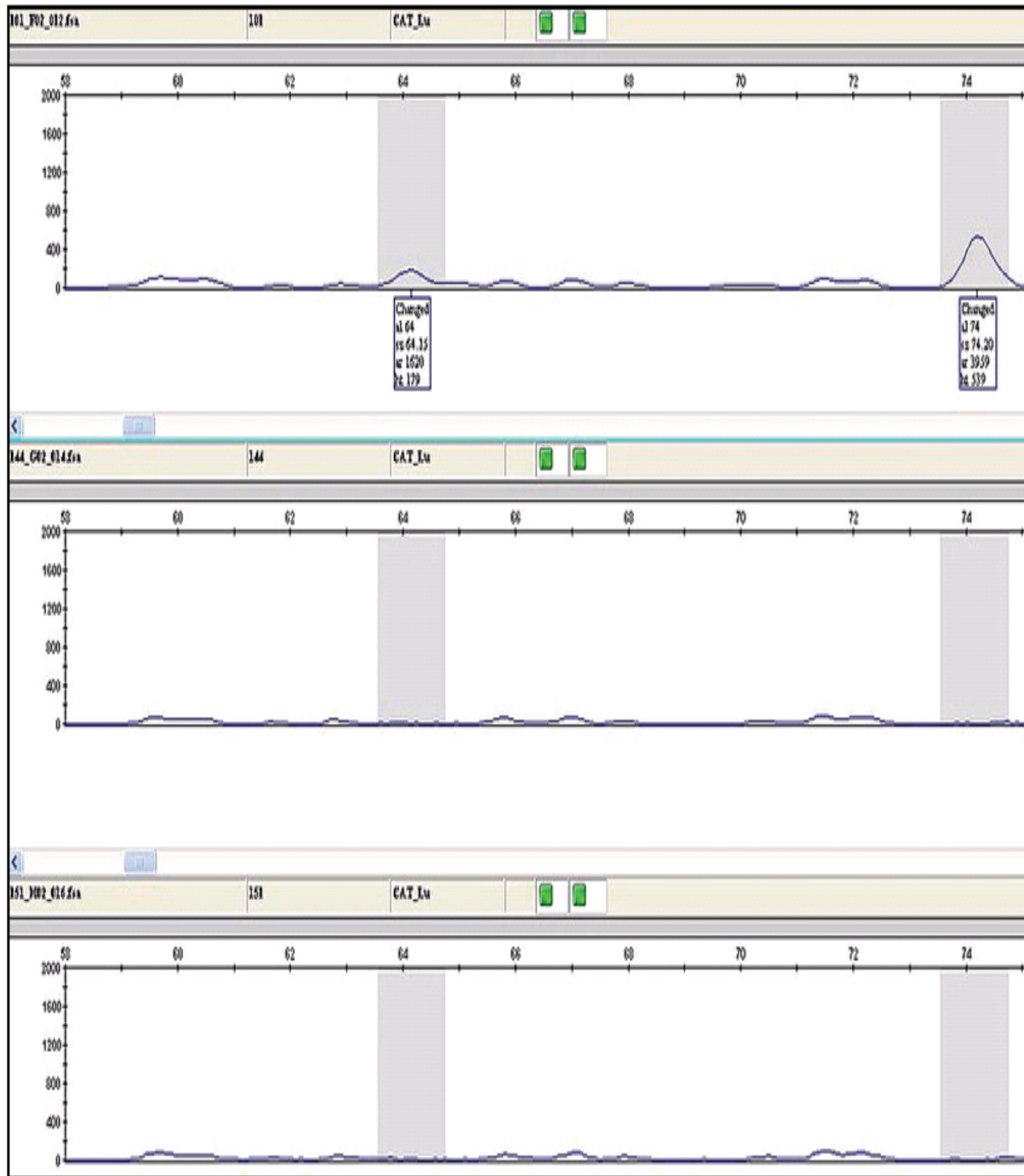
Figuur 7.54 Toetsing met die *M-CAT/E-ACA-64* en *M-CAT/E-ACA-74* polimorfiese AFLP-merkers. Boonste laan: W84-17. Middelste laan: CS. Onderste laan: 0306. Piek intensiteit gestel by 2000.



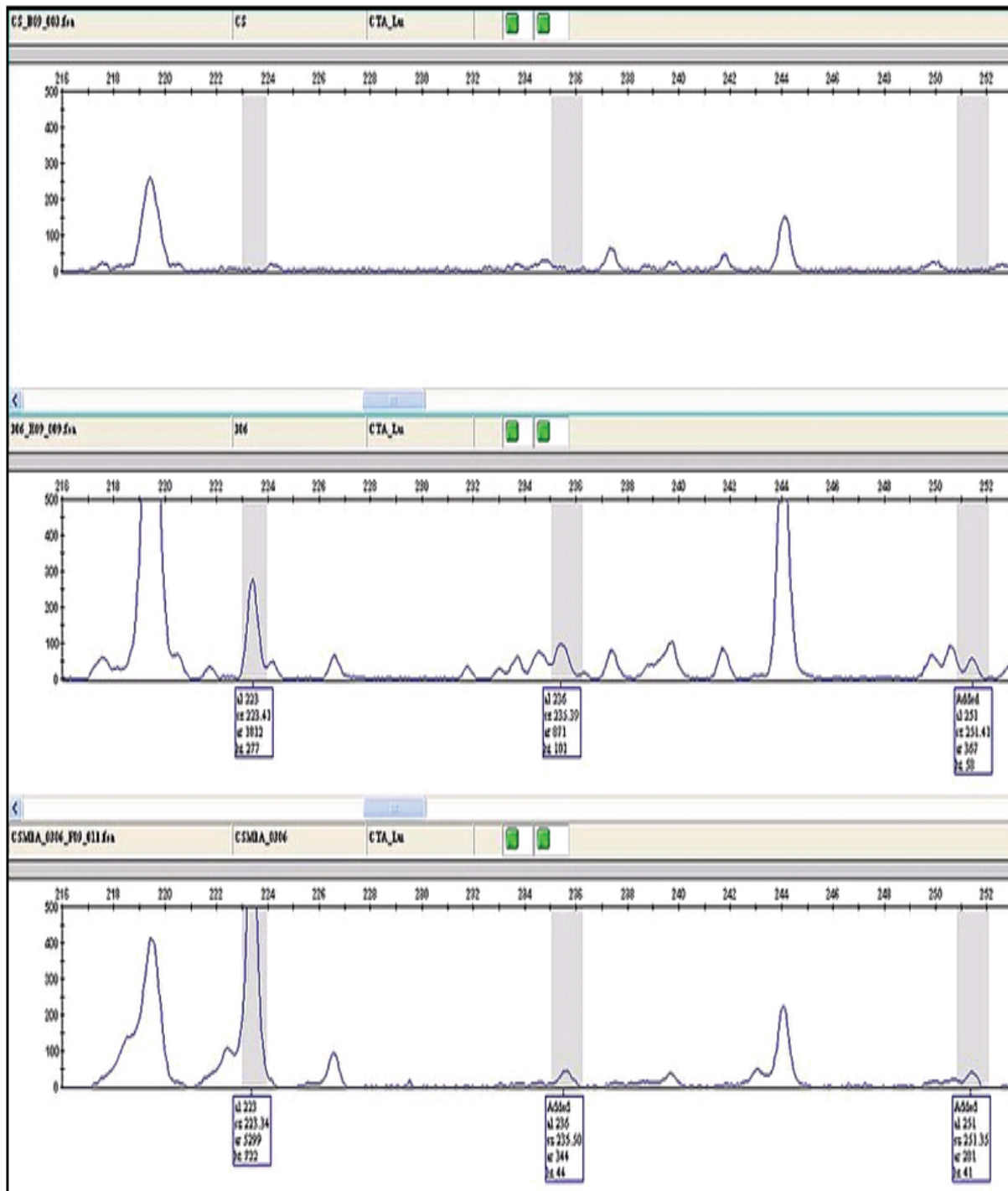
Figuur 7.55 Toetsing met die *M-CAT/E-ACA-64* en *M-CAT/E-ACA-74* polymorfiëse AFLP-merkers. Boonste laan: CSM1A/0306. Middelste laan: plantnummer 10. Onderste laan: plantnummer 21. Piek intensiteit gestel by 2000.



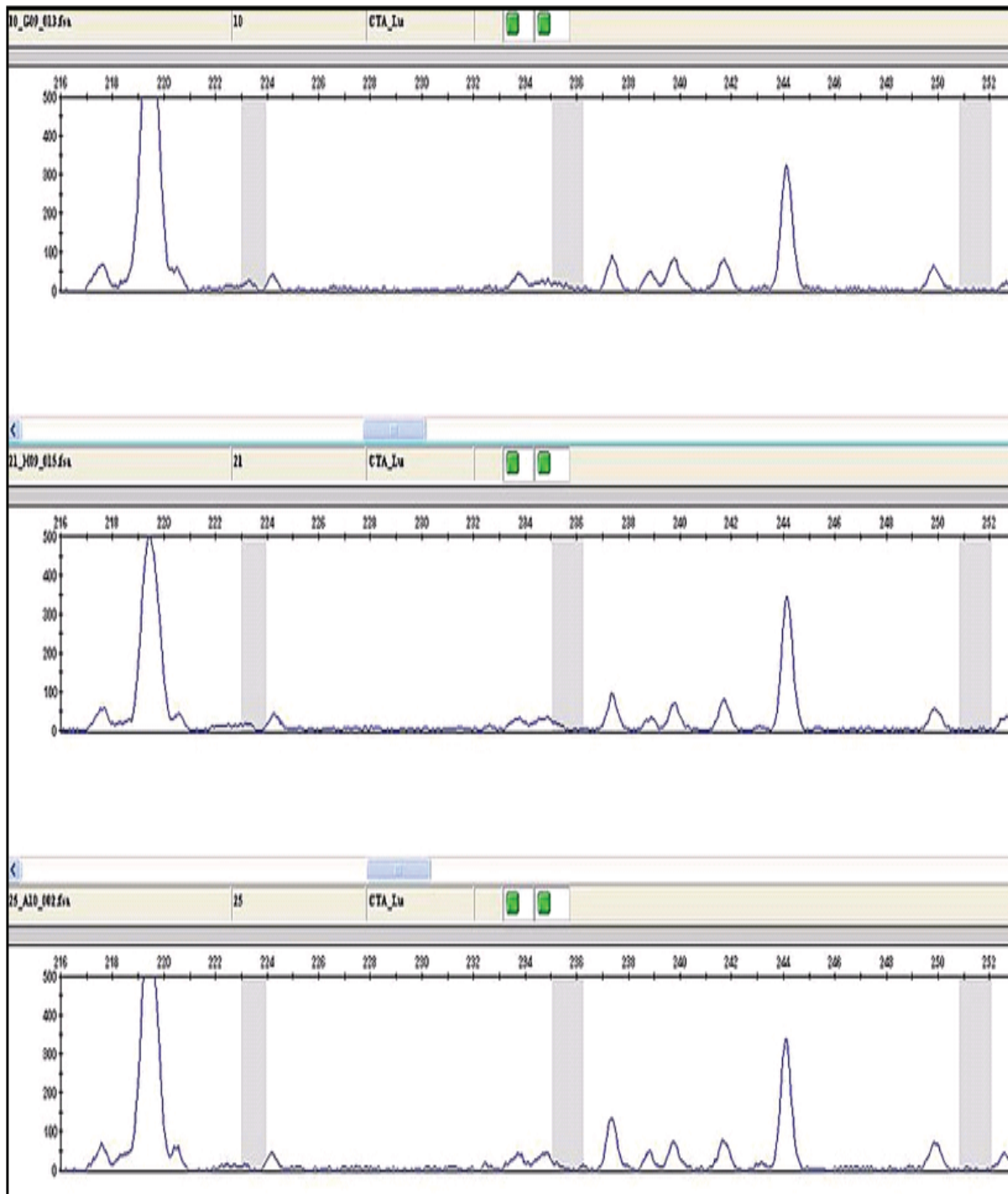
Figuur 7.56 Toetsing met die *M-CAT/E-ACA-64* en *M-CAT/E-ACA-74* polimorfiese AFLP-merkers. Boonste laan: 25. Middelste laan: plantnummer 29. Onderste laan: plantnummer 36. Piek intensiteit gestel by 2000.



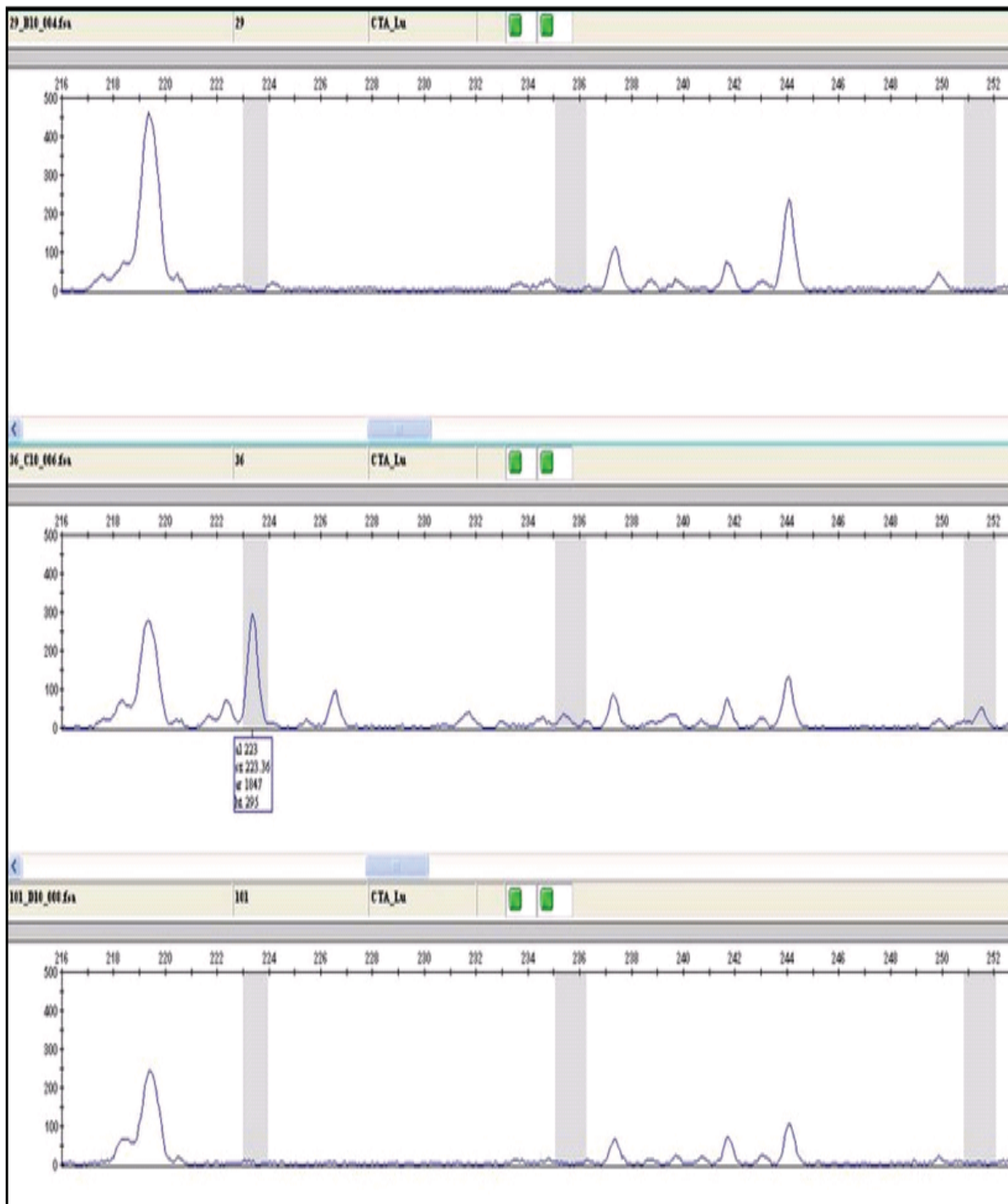
Figuur 7.57 Toetsing met die *M-CAT/E-ACA-64* en *M-CAT/E-ACA-74* polimorfiese AFLP-merkers. Boonste laan: 101. Middelste laan: plantnummer 144. Onderste laan: plantnummer 151. Piek intensiteit gestel by 2000.



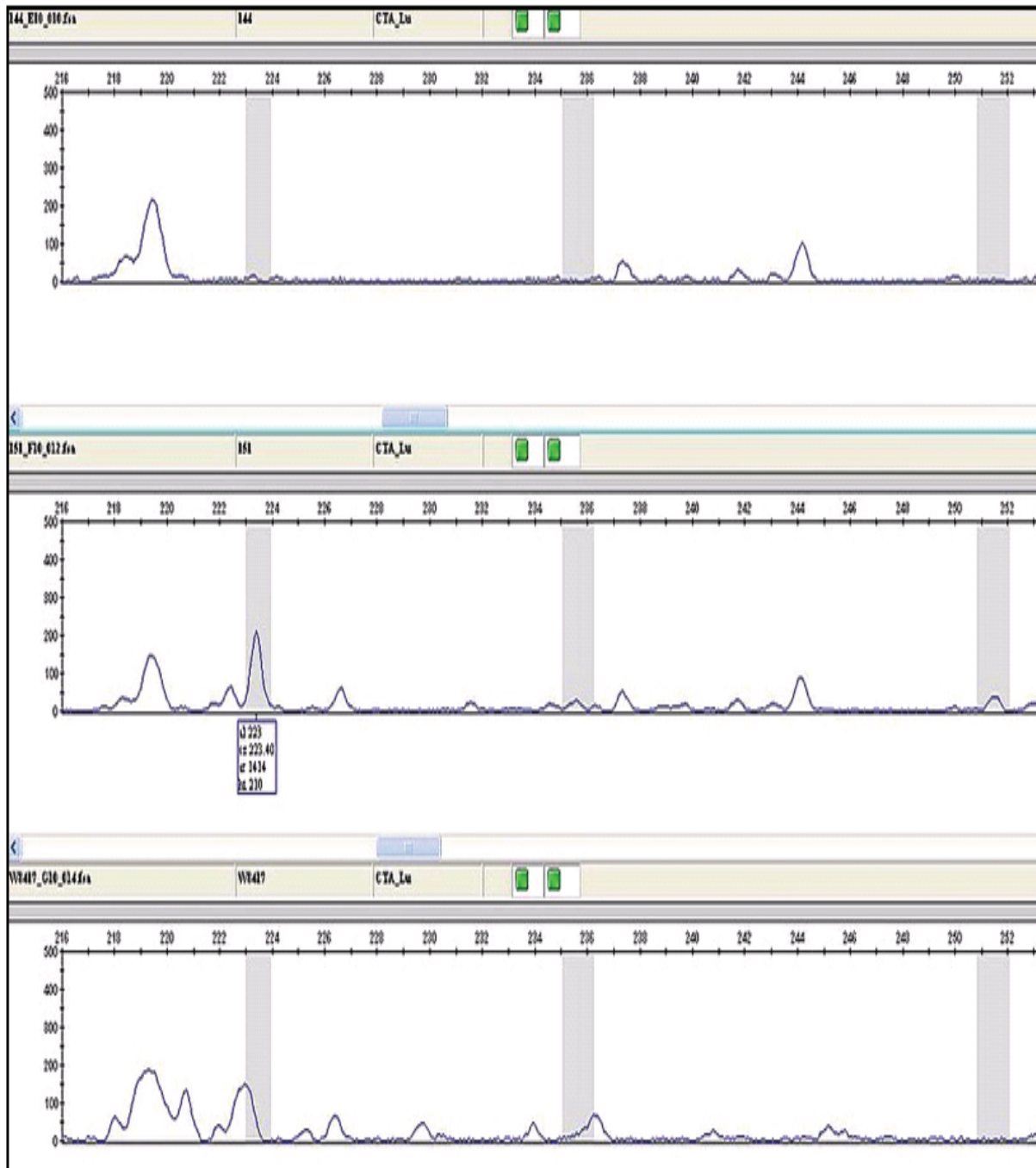
Figuur 7.58 Toetsing met die *M-CTA/E-ACA-227*, *M-CTA/E-ACA-236* en *M-CTA/E-ACA-251* polimorfiese AFLP-merkers. Boonste laan: CS. Middelste laan: 0306. Onderste laan: CSM1A/0306. Piek intensiteit gestel by 500. *M-CTA/E-ACA-236* is egter nie verder beskou as ‘n polimorfiese merker nie aangesien di eintensiteit van die geamplifiseerde fragment te laag was



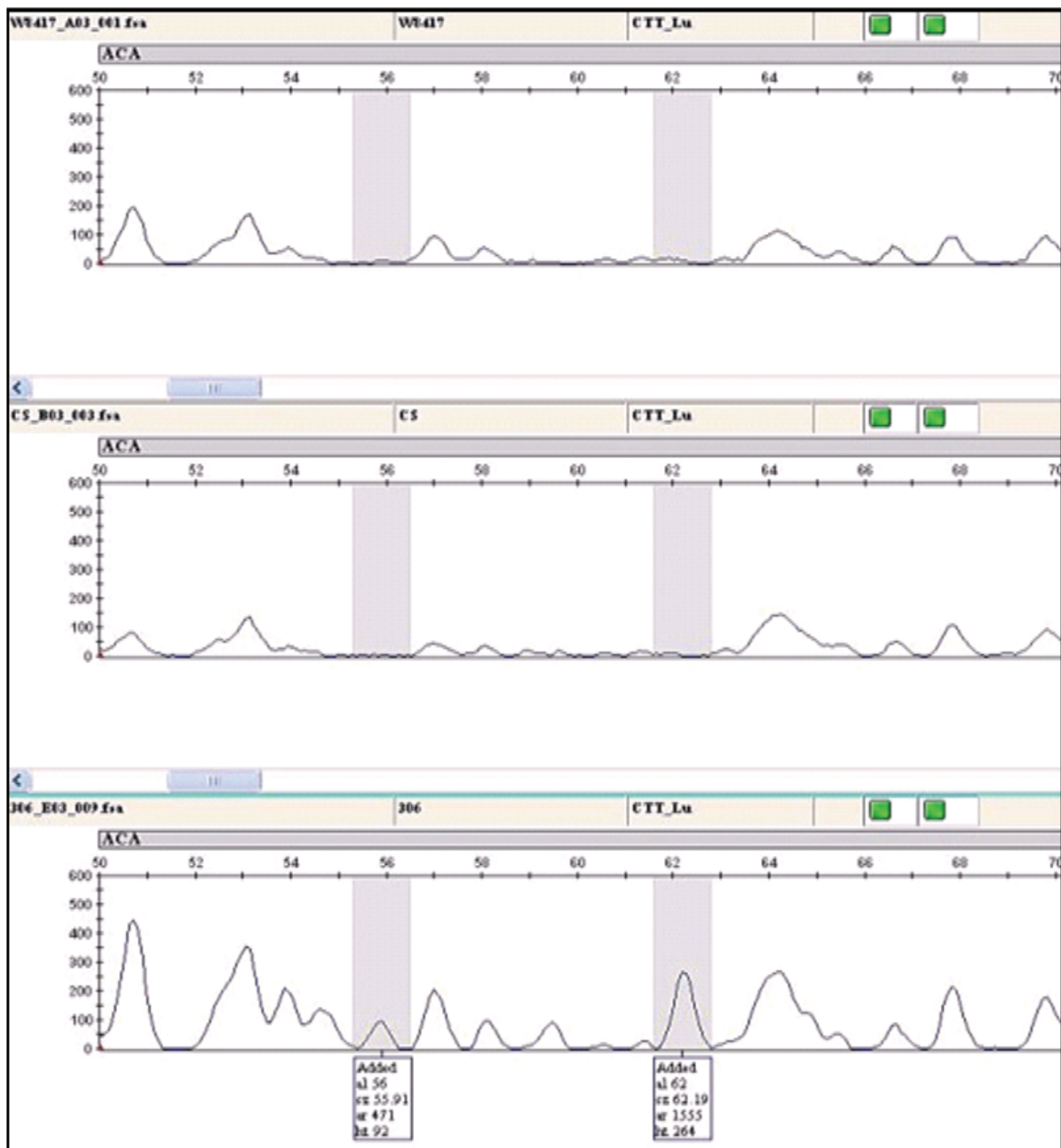
Figuur 7.59 Toetsing met die *M*-CTA/*E*-ACA-227, *M*-CTA/*E*-ACA-236 en *M*-CTA/*E*-ACA-251 polimorfiese AFLP-merkers. Boonste laan: plantnummer 10. Middelste laan: plantnummer 21. Onderste laan: plantnummer 25. Piek intensiteit gestel by 500. *M*-CTA/*E*-ACA-236 is egter nie verder beskou as 'n polimorfiese merker nie aangesien die intensiteit van die geamplifiseerde fragment te laag was



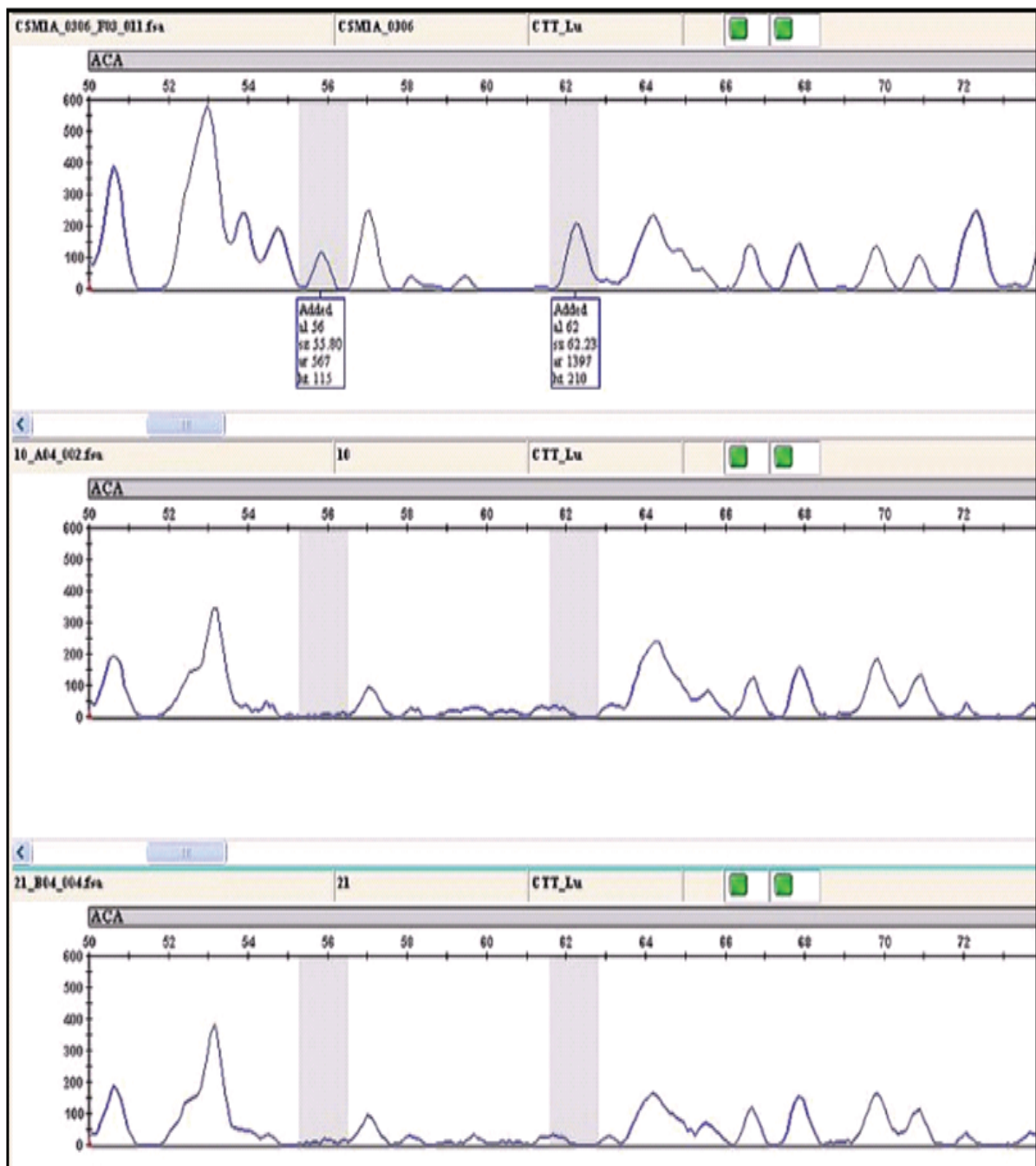
Figuur 7.60 Toetsing met die *M-CTA/E-ACA-227*, *M-CTA/E-ACA-236* en *M-CTA/E-ACA-251* polimorfiese AFLP-merkers. Boonste laan: plantnommer 29. Middelste laan: plantnommer 36. Onderste laan: plantnommer 101. Piek intensiteit gestel by 500. *M-CTA/E-ACA-236* is egter nie verder beskou as 'n polimorfiese merker nie aangesien die intensiteit van die geamplifiseerde fragment te laag was



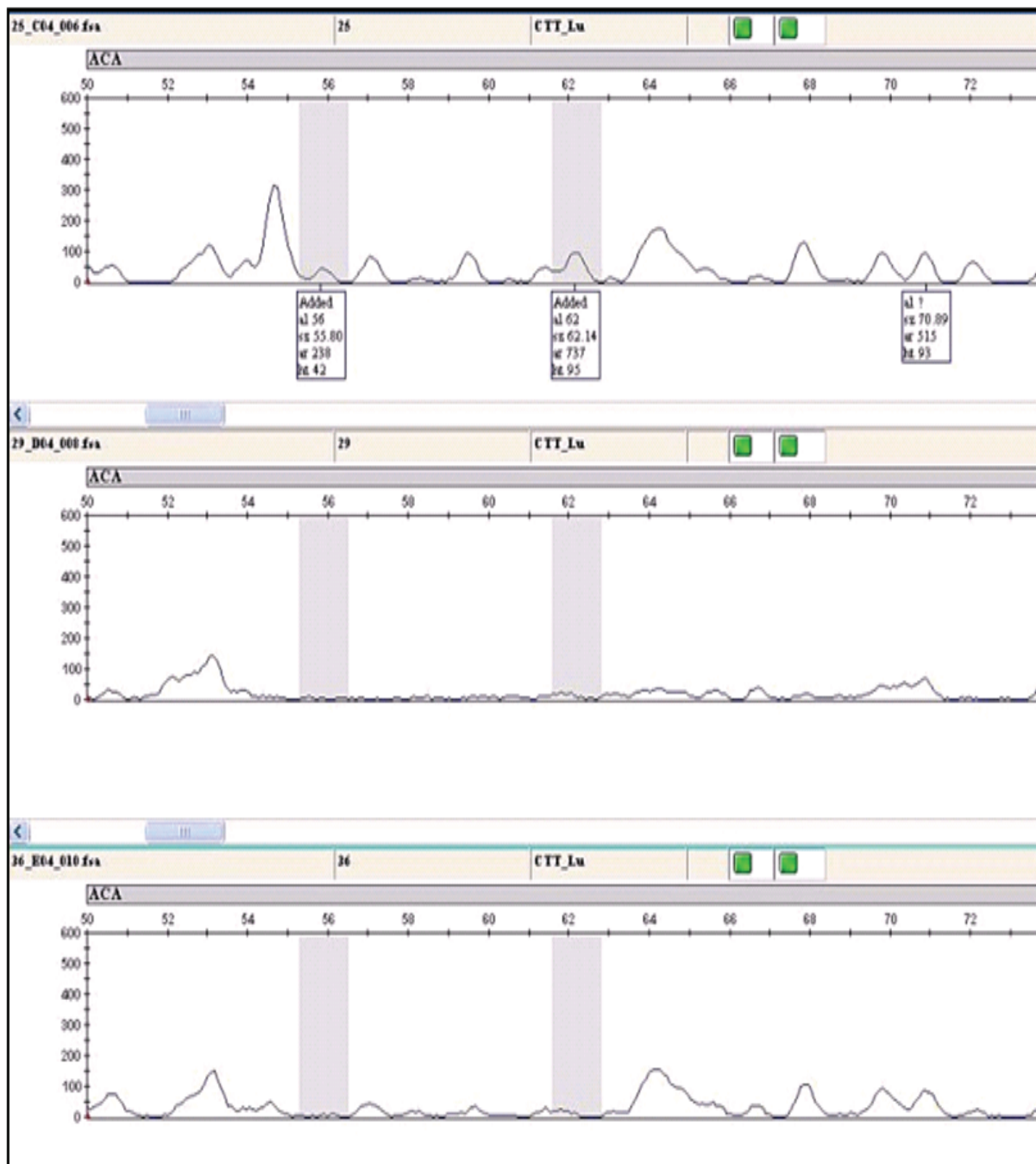
Figuur 7.61 Toetsing met die *M-CTA/E-ACA-227*, *M-CTA/E-ACA-236* en *M-CTA/E-ACA-251* polimorfiese AFLP-merkers. Boonste laan: plantnommer 144. Middelste laan: plantnommer 151. Onderste laan: W84-17. Piek intensiteit gestel by 500. *M-CTA/E-ACA-236* is egter nie verder beskou as 'n polimorfiese merker nie aangesien die intensiteit van die geamplifiseerde fragment te laag was.



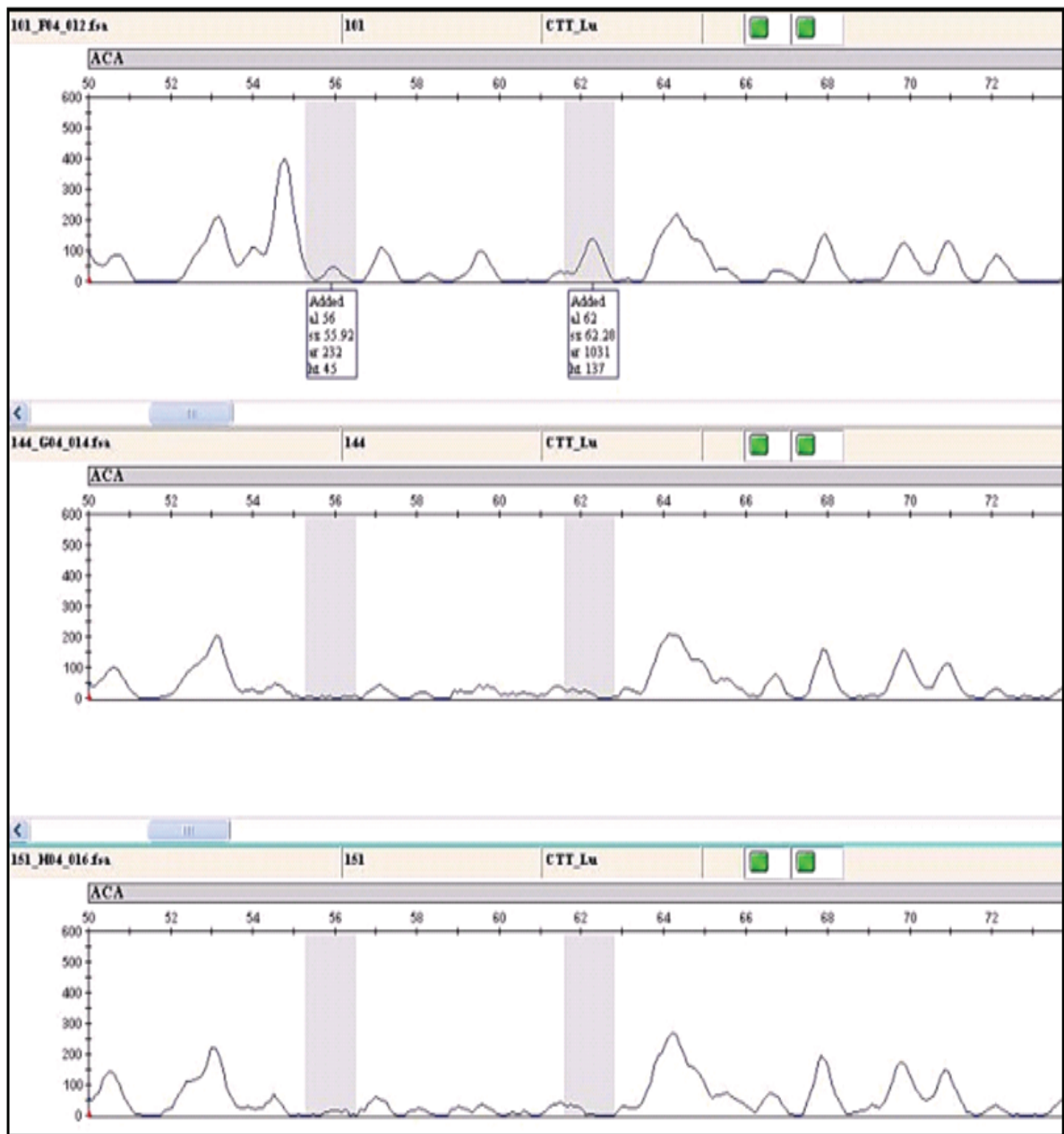
Figuur 7.62 Toetsing met die *M*-CTT/*E*-ACA-56 en *M*-CTT/*E*-ACA-62 polimorfiese AFLP-merkers. Boonste laan: W84-17. Middelste laan: CS. Onderste laan: 0306. Piek intensiteit gestel by 600.



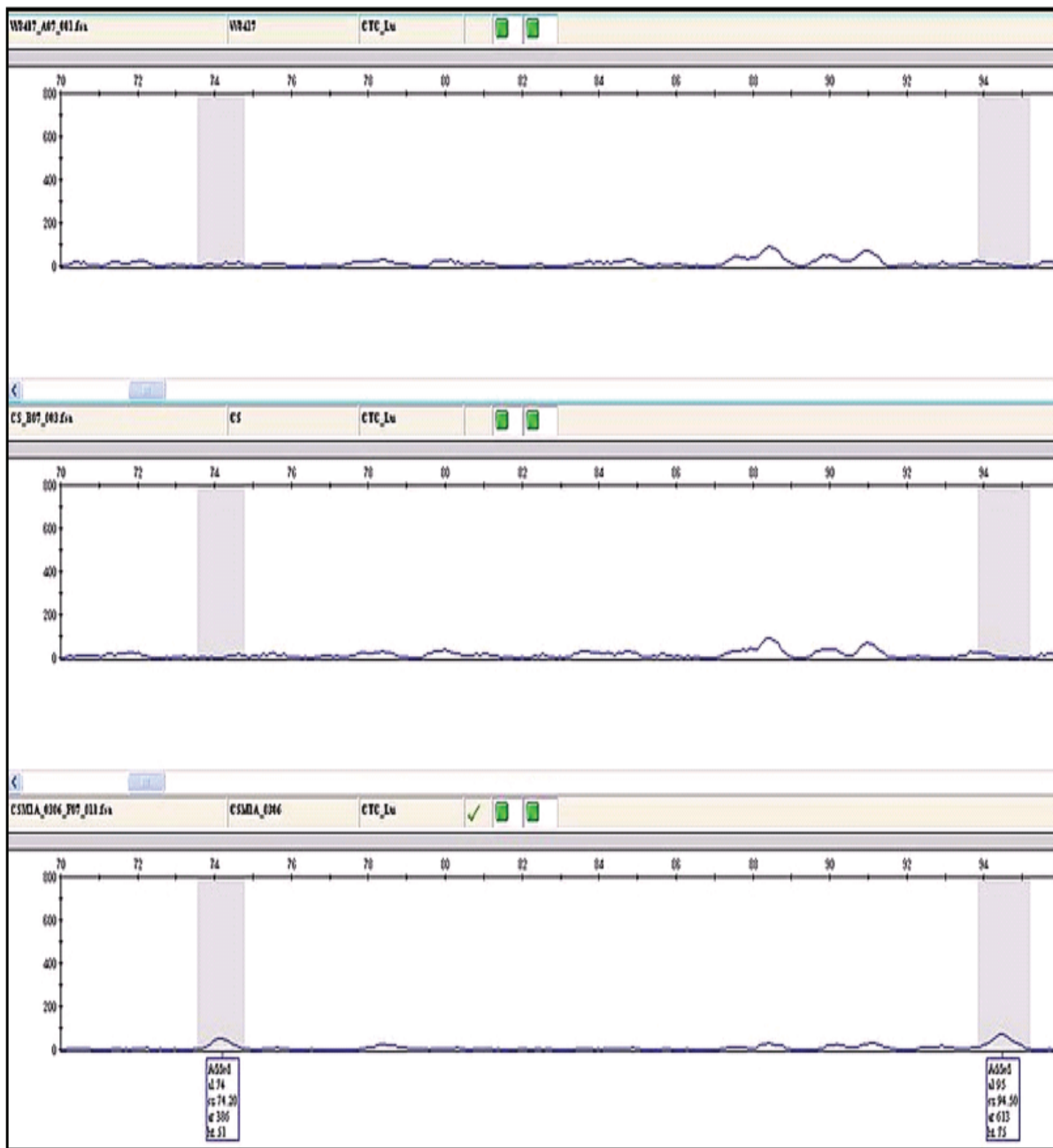
Figuur 7.63 Toetsing met die *M*-CTT/*E*-ACA-56 en *M*-CTT/*E*-ACA-62 polimorfiese AFLP-merkers. Boonste laan: CSM1A/0306. Middelste laan: plantnummer 10. Onderste laan: plantnummer 21. Piek intensiteit gestel by 600.



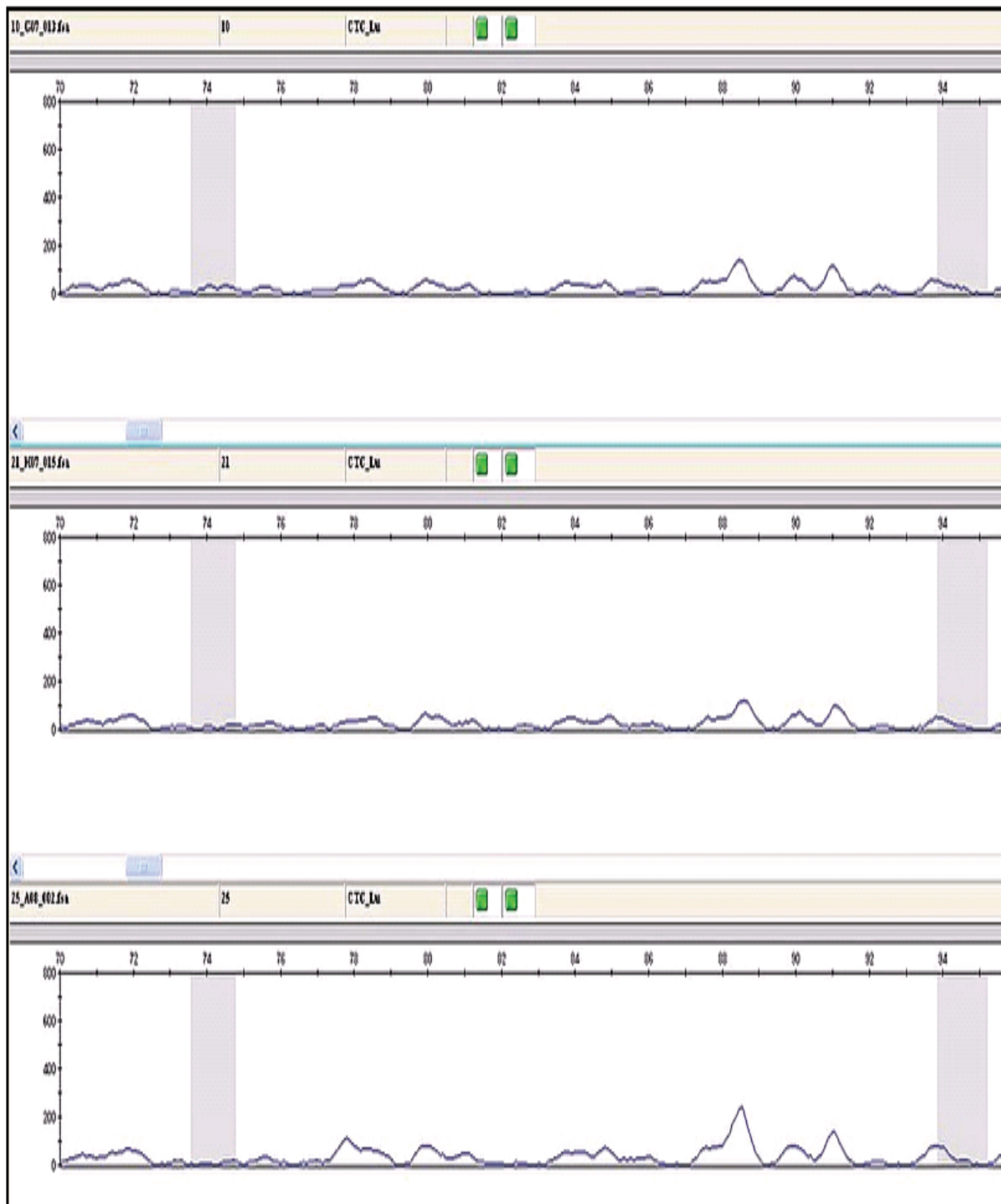
Figuur 7.64 Toetsing met die *M*-CTT/*E*-ACA-56 en *M*-CTT/*E*-ACA-62 polimorfiese AFLP-merkers. Boonste laan: 25. Middelste laan: plantnummer 29. Onderste laan: plantnummer 36. Piek intensiteit gestel by 600.



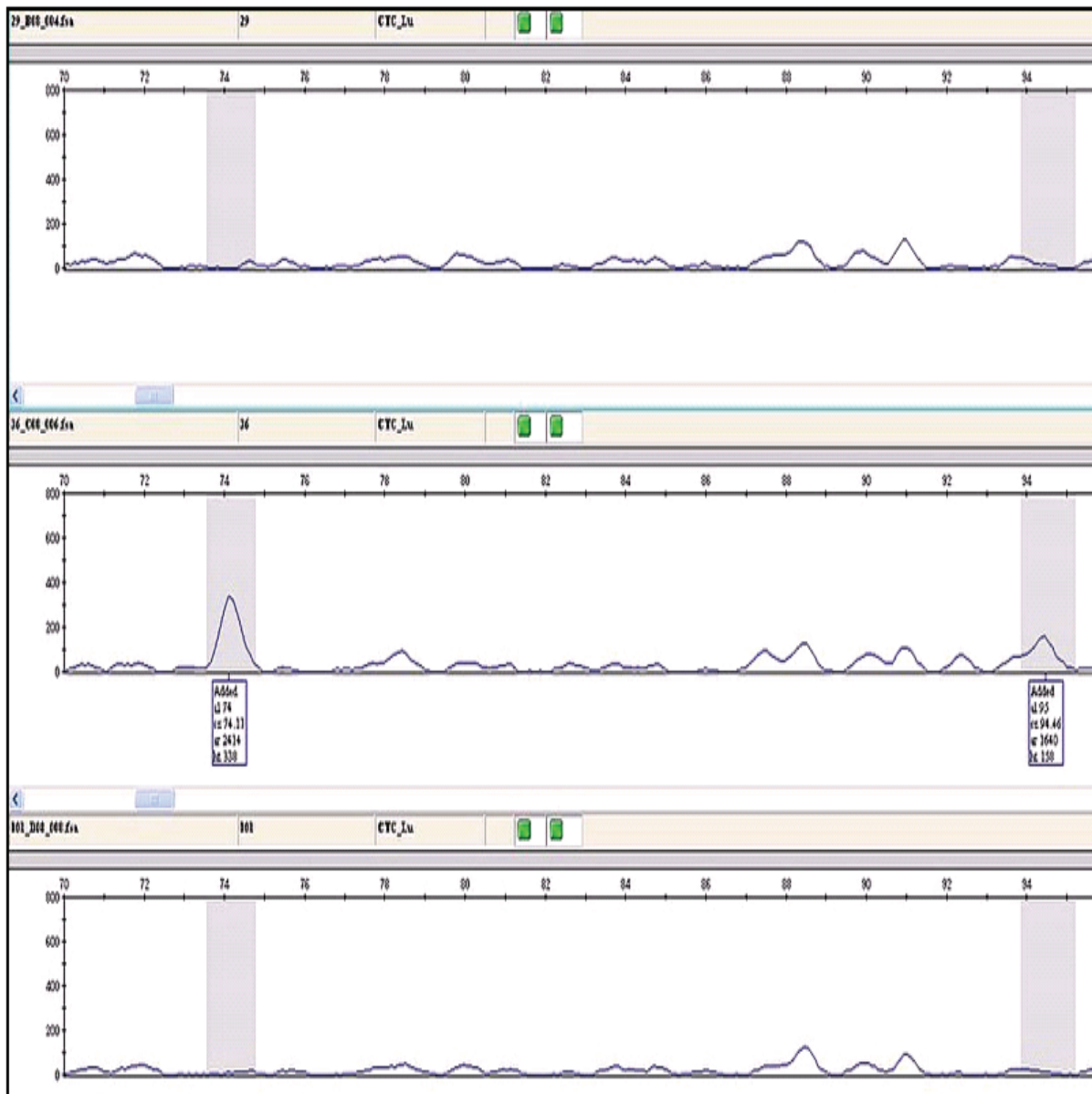
Figuur 7.65 Toetsing met die *M*-CTT/*E*-ACA-56 en *M*-CTT/*E*-ACA-62 polimorfiese AFLP-merkers. Boonste laan: 101. Middelste laan: plantnummer 144. Onderste laan: plantnummer 151. Piek intensiteit gestel by 600.



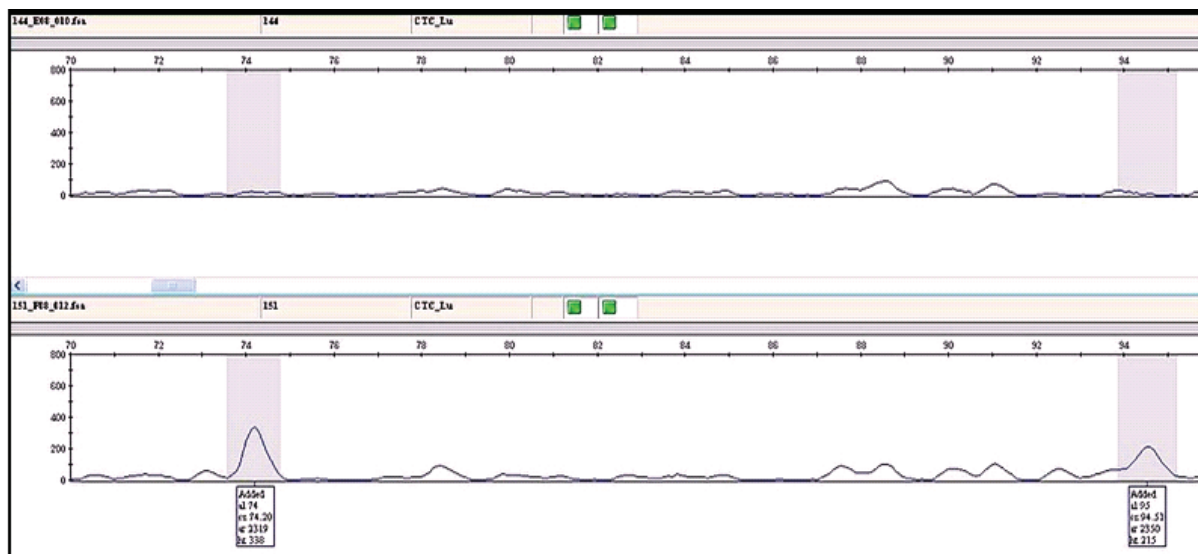
Figuur 7.66 Toetsing met die *M-CTC/E-ACA-74* en *M-CTC/E-ACA-95* polimorfiese AFLP-merkers. Boonste laan: W84-17. Middelste laan: CS. Onderste laan: CSM1A/0306. Piek intensiteit gestel by 800.



Figuur 7.67 Toetsing met die *M-CTC/E-ACA-74* en *M-CTC/E-ACA-95* polimorfiese AFLP-merkers. Boonste laan: plantnummer 10. Middelste laan: plantnummer 21. Onderste laan: plantnummer 25. Piek intensiteit gestel by 800.



Figuur 7.68 Toetsing met die *M-CTC/E-ACA-74* en *M-CTC/E-ACA-95* polimorfiese AFLP-merkers. Boonste laan: plantnummer 29. Middelste laan: plantnummer 36. Onderste laan: plantnummer 101. Piek intensiteit gestel by 800.



Figuur 7.69 Toetsing met die *M-CTC/E-ACA-74* en *M-CTC/E-ACA-95* polimorfiese AFLP-merkers.

Boonste laan: plantnummer 144. Onderste laan: 151. Piek intensiteit gestel by 800.

8. ADDENDUM B

Hierdie addendum bevat die getabuleerde data wat gegeneer is tydens die tipering van TF₁: 07M5 plante met mikrosatelliet- en SCAR-merkers.

Table 8.1 Resultate verkry na ontleding van TF₁: 07M5 plante met die onderskeie mikrosatelliet- en SCAR-merkers. Die koringalleel by 'n lokus word met 'n "K" aangedui terwyl die *Aegilops peregrina* alleel met 'n "S" aangedui word.

TF ₁ : 07M5	Merkers				
	<i>Xcfa2219</i>	<i>Xgwm164</i>	<i>Xbarc83</i>	S15-T ₃ SCAR	<i>Lr59</i>
2	K	K	K	S	S
4	K	K	K	S	S
5	K	K	K	S	S
6	K	K	S	S	S
7	K	K	K	S	S
8	K	K	K	S	S
9	K	K	K	S	S
10	K	K	K	K	S
11	K	K	K	S	S
12	K	K	K	S	S
13	K	K	S	S	S
14	K	K	K	S	S
15	K	K	K	S	S
16	K	K	K	S	S
17	K	K	K	S	S
18	K	K	K	S	S
19	K	K	K	S	S
20	K	K	K	S	S
21	K	K	K	K	S
22	K	K	K	S	S
23	K	K	K	S	S
24	K	K	K	S	S
25	K	K	K	K	S
26	K	K	K	S	S
27	S	K	S	S	S
28	K	K	S	S	S
29	K	K	K	K	S
30	K	K	K	S	S
31	K	K	K	S	S
32	K	K	K	S	S
33	K	K	K	S	S

TF ₁ : 07M5	Markers				
	<i>Xcfa2219</i>	<i>Xgwm164</i>	<i>Xbarc83</i>	S15-T ₃ SCAR	<i>Lr59</i>
34	<i>K</i>	<i>K</i>	<i>K</i>	<i>S</i>	<i>S</i>
35	<i>K</i>	<i>K</i>	<i>K</i>	<i>S</i>	<i>S</i>
36	<i>K</i>	<i>K</i>	<i>K</i>	<i>K</i>	<i>S</i>
37	<i>K</i>	<i>K</i>	<i>K</i>	<i>S</i>	<i>S</i>
38	<i>K</i>	<i>K</i>	<i>K</i>	<i>S</i>	<i>S</i>
39	<i>K</i>	<i>K</i>	<i>K</i>	<i>S</i>	<i>S</i>
40	<i>K</i>	<i>K</i>	<i>K</i>	<i>S</i>	<i>S</i>
41	<i>K</i>	<i>K</i>	<i>K</i>	<i>S</i>	<i>S</i>
42	<i>K</i>	<i>K</i>	<i>K</i>	<i>S</i>	<i>S</i>
43	<i>K</i>	<i>K</i>	<i>K</i>	<i>S</i>	<i>S</i>
44	<i>K</i>	<i>K</i>	<i>K</i>	<i>S</i>	<i>S</i>
45	<i>K</i>	<i>K</i>	<i>K</i>	<i>S</i>	<i>S</i>
46	<i>K</i>	<i>K</i>	<i>K</i>	<i>S</i>	<i>S</i>
47	<i>K</i>	<i>K</i>	<i>K</i>	<i>S</i>	<i>S</i>
48	<i>K</i>	<i>K</i>	<i>K</i>	<i>S</i>	<i>S</i>
49	<i>K</i>	<i>K</i>	<i>K</i>	<i>S</i>	<i>S</i>
50	<i>K</i>	<i>K</i>	<i>K</i>	<i>S</i>	<i>S</i>
51	<i>K</i>	<i>K</i>	<i>K</i>	<i>S</i>	<i>S</i>
52	<i>K</i>	<i>K</i>	<i>K</i>	<i>S</i>	<i>S</i>
53	<i>K</i>	<i>K</i>	<i>K</i>	<i>S</i>	<i>S</i>
54	<i>K</i>	<i>K</i>	<i>K</i>	<i>S</i>	<i>S</i>
55	<i>K</i>	<i>K</i>	<i>K</i>	<i>S</i>	<i>S</i>
56	<i>K</i>	<i>K</i>	<i>K</i>	<i>S</i>	<i>S</i>
57	<i>K</i>	<i>K</i>	<i>K</i>	<i>S</i>	<i>S</i>
58	<i>K</i>	<i>K</i>	<i>S</i>	<i>S</i>	<i>S</i>
59	<i>K</i>	<i>K</i>	<i>K</i>	<i>S</i>	<i>S</i>
60	<i>K</i>	<i>K</i>	<i>K</i>	<i>S</i>	<i>S</i>
61	<i>K</i>	<i>K</i>	<i>S</i>	<i>S</i>	<i>S</i>
62	<i>K</i>	<i>K</i>	<i>K</i>	<i>S</i>	<i>S</i>
63	<i>K</i>	<i>K</i>	<i>K</i>	<i>S</i>	<i>S</i>
64	<i>K</i>	<i>K</i>	<i>S</i>	<i>S</i>	<i>S</i>
65	<i>S</i>	<i>S</i>	<i>S</i>	<i>S</i>	<i>S</i>
66	<i>K</i>	<i>K</i>	<i>S</i>	<i>S</i>	<i>S</i>
67	<i>K</i>	<i>K</i>	<i>K</i>	<i>S</i>	<i>S</i>
68	<i>K</i>	<i>K</i>	<i>S</i>	<i>S</i>	<i>S</i>
69	<i>K</i>	<i>K</i>	<i>S</i>	<i>S</i>	<i>S</i>
70	<i>K</i>	<i>K</i>	<i>S</i>	<i>S</i>	<i>S</i>
71	<i>K</i>	<i>K</i>	<i>S</i>	<i>S</i>	<i>S</i>
72	<i>K</i>	<i>K</i>	<i>K</i>	<i>S</i>	<i>S</i>
73	<i>K</i>	<i>K</i>	<i>K</i>	<i>S</i>	<i>S</i>
74	<i>K</i>	<i>K</i>	<i>S</i>	<i>S</i>	<i>S</i>
75	<i>K</i>	<i>S</i>	<i>S</i>	<i>S</i>	<i>S</i>
76	<i>K</i>	<i>K</i>	<i>K</i>	<i>S</i>	<i>S</i>

TF ₁ : 07M5	Markers				
	<i>Xcfa2219</i>	<i>Xgwm164</i>	<i>Xbarc83</i>	S15-T ₃ SCAR	<i>Lr59</i>
77	<i>K</i>	<i>K</i>	<i>K</i>	<i>S</i>	<i>S</i>
78	<i>K</i>	<i>K</i>	<i>S</i>	<i>S</i>	<i>S</i>
79	<i>K</i>	<i>K</i>	<i>K</i>	<i>S</i>	<i>S</i>
80	<i>K</i>	<i>K</i>	<i>S</i>	<i>S</i>	<i>S</i>
81	<i>K</i>	<i>K</i>	<i>S</i>	<i>S</i>	<i>S</i>
82	<i>K</i>	<i>K</i>	<i>K</i>	<i>S</i>	<i>S</i>
83	<i>K</i>	<i>K</i>	<i>S</i>	<i>S</i>	<i>S</i>
84	<i>K</i>	<i>K</i>	<i>K</i>	<i>S</i>	<i>S</i>
85	<i>K</i>	<i>K</i>	<i>K</i>	<i>S</i>	<i>S</i>
86	<i>K</i>	<i>K</i>	<i>K</i>	<i>S</i>	<i>S</i>
87	<i>K</i>	<i>K</i>	<i>K</i>	<i>S</i>	<i>S</i>
88	<i>K</i>	<i>S</i>	<i>S</i>	<i>S</i>	<i>S</i>
89	<i>K</i>	<i>K</i>	<i>K</i>	<i>S</i>	<i>S</i>
90	<i>K</i>	<i>K</i>	<i>S</i>	<i>S</i>	<i>S</i>
91	<i>K</i>	<i>K</i>	<i>K</i>	<i>S</i>	<i>S</i>
92	<i>K</i>	<i>K</i>	<i>S</i>	<i>S</i>	<i>S</i>
93	<i>K</i>	<i>K</i>	<i>K</i>	<i>S</i>	<i>S</i>
94	<i>K</i>	<i>K</i>	<i>S</i>	<i>S</i>	<i>S</i>
95	<i>K</i>	<i>K</i>	<i>S</i>	<i>S</i>	<i>S</i>
96	<i>K</i>	<i>K</i>	<i>S</i>	<i>S</i>	<i>S</i>
97	<i>K</i>	<i>K</i>	<i>S</i>	<i>S</i>	<i>S</i>
98	<i>S</i>	<i>K</i>	<i>K</i>	<i>S</i>	<i>S</i>
99	<i>K</i>	<i>S</i>	<i>S</i>	<i>S</i>	<i>S</i>
100	<i>K</i>	<i>K</i>	<i>K</i>	<i>S</i>	<i>S</i>
101	<i>K</i>	<i>K</i>	<i>K</i>	<i>K</i>	<i>S</i>
102	<i>K</i>	<i>K</i>	<i>K</i>	<i>S</i>	<i>S</i>
103	<i>K</i>	<i>K</i>	<i>K</i>	<i>S</i>	<i>S</i>
104	<i>K</i>	<i>K</i>	<i>K</i>	<i>S</i>	<i>S</i>
105	<i>K</i>	<i>K</i>	<i>K</i>	<i>S</i>	<i>S</i>
106	<i>K</i>	<i>K</i>	<i>K</i>	<i>S</i>	<i>S</i>
107	<i>K</i>	<i>K</i>	<i>K</i>	<i>S</i>	<i>S</i>
108	<i>K</i>	<i>K</i>	<i>K</i>	<i>S</i>	<i>S</i>
109	<i>K</i>	<i>K</i>	<i>K</i>	<i>S</i>	<i>S</i>
110	<i>S</i>	<i>S</i>	<i>S</i>	<i>S</i>	<i>S</i>
111	<i>K</i>	<i>K</i>	<i>S</i>	<i>S</i>	<i>S</i>
112	<i>K</i>	<i>K</i>	<i>K</i>	<i>S</i>	<i>S</i>
113	<i>K</i>	<i>K</i>	<i>S</i>	<i>S</i>	<i>S</i>
114	<i>K</i>	<i>K</i>	<i>S</i>	<i>S</i>	<i>S</i>
115	<i>K</i>	<i>K</i>	<i>K</i>	<i>S</i>	<i>S</i>
116	<i>K</i>	<i>K</i>	<i>S</i>	<i>S</i>	<i>S</i>
117	<i>K</i>	<i>K</i>	<i>S</i>	<i>S</i>	<i>S</i>
118	<i>K</i>	<i>K</i>	<i>S</i>	<i>S</i>	<i>S</i>
119	<i>S</i>	<i>S</i>	<i>S</i>	<i>S</i>	<i>S</i>

TF ₁ : 07M5	Markers				
	<i>Xcfa2219</i>	<i>Xgwm164</i>	<i>Xbarc83</i>	S15-T ₃ SCAR	<i>Lr59</i>
120	<i>K</i>	<i>K</i>	<i>K</i>	<i>S</i>	<i>S</i>
121	<i>K</i>	<i>K</i>	<i>K</i>	<i>S</i>	<i>S</i>
122	<i>S</i>	<i>S</i>	<i>S</i>	<i>S</i>	<i>S</i>
123	<i>K</i>	<i>K</i>	<i>K</i>	<i>S</i>	<i>S</i>
124	<i>K</i>	<i>K</i>	<i>K</i>	<i>S</i>	<i>S</i>
125	<i>S</i>	<i>K</i>	<i>K</i>	<i>S</i>	<i>S</i>
126	<i>K</i>	<i>K</i>	<i>K</i>	<i>S</i>	<i>S</i>
127	<i>K</i>	<i>K</i>	<i>K</i>	<i>S</i>	<i>S</i>
128	<i>K</i>	<i>K</i>	<i>K</i>	<i>S</i>	<i>S</i>
129	<i>K</i>	<i>K</i>	<i>K</i>	<i>S</i>	<i>S</i>
130	<i>S</i>	<i>S</i>	<i>S</i>	<i>S</i>	<i>S</i>
131	<i>K</i>	<i>K</i>	<i>K</i>	<i>S</i>	<i>S</i>
132	<i>S</i>	<i>S</i>	<i>S</i>	<i>S</i>	<i>S</i>
133	<i>K</i>	<i>K</i>	<i>K</i>	<i>S</i>	<i>S</i>
134	<i>K</i>	<i>K</i>	<i>K</i>	<i>S</i>	<i>S</i>
135	<i>K</i>	<i>K</i>	<i>K</i>	<i>S</i>	<i>S</i>
136	<i>K</i>	<i>K</i>	<i>S</i>	<i>S</i>	<i>S</i>
137	<i>K</i>	<i>K</i>	<i>K</i>	<i>S</i>	<i>S</i>
138	<i>K</i>	<i>K</i>	<i>S</i>	<i>S</i>	<i>S</i>
139	<i>K</i>	<i>K</i>	<i>S</i>	<i>S</i>	<i>S</i>
140	<i>K</i>	<i>K</i>	<i>K</i>	<i>S</i>	<i>S</i>
141	<i>K</i>	<i>K</i>	<i>S</i>	<i>S</i>	<i>S</i>
142	<i>S</i>	<i>S</i>	<i>S</i>	<i>S</i>	<i>S</i>
143	<i>K</i>	<i>K</i>	<i>K</i>	<i>S</i>	<i>S</i>
144	<i>K</i>	<i>K</i>	<i>K</i>	<i>K</i>	<i>S</i>
145	<i>K</i>	<i>K</i>	<i>K</i>	<i>S</i>	<i>S</i>
146	<i>K</i>	<i>K</i>	<i>K</i>	<i>S</i>	<i>S</i>
147	<i>K</i>	<i>K</i>	<i>K</i>	<i>S</i>	<i>S</i>
148	<i>K</i>	<i>K</i>	<i>K</i>	<i>S</i>	<i>S</i>
149	<i>S</i>	<i>S</i>	<i>S</i>	<i>S</i>	<i>S</i>
150	<i>K</i>	<i>K</i>	<i>K</i>	<i>S</i>	<i>S</i>
151	<i>K</i>	<i>K</i>	<i>K</i>	<i>K</i>	<i>S</i>
152	<i>K</i>	<i>K</i>	<i>K</i>	<i>S</i>	<i>S</i>
153	<i>K</i>	<i>K</i>	<i>K</i>	<i>S</i>	<i>S</i>
154	<i>K</i>	<i>K</i>	<i>K</i>	<i>S</i>	<i>S</i>
155	<i>K</i>	<i>K</i>	<i>K</i>	<i>S</i>	<i>S</i>
156	<i>K</i>	<i>K</i>	<i>K</i>	<i>S</i>	<i>S</i>
157	<i>K</i>	<i>K</i>	<i>K</i>	<i>S</i>	<i>S</i>
158	<i>K</i>	<i>K</i>	<i>K</i>	<i>S</i>	<i>S</i>
159	<i>K</i>	<i>K</i>	<i>K</i>	<i>S</i>	<i>S</i>
160	<i>K</i>	<i>K</i>	<i>K</i>	<i>S</i>	<i>S</i>
161	<i>S</i>	<i>K</i>	<i>K</i>	<i>S</i>	<i>S</i>
162	<i>K</i>	<i>K</i>	<i>K</i>	<i>S</i>	<i>S</i>

TF ₁ : 07M5	Merkers				
	<i>Xcfa2219</i>	<i>Xgwm164</i>	<i>Xbarc83</i>	S15-T ₃ SCAR	<i>Lr59</i>
163	<i>K</i>	<i>K</i>	<i>K</i>	<i>S</i>	<i>S</i>
164	<i>S</i>	<i>S</i>	<i>S</i>	<i>S</i>	<i>S</i>
165	<i>K</i>	<i>K</i>	<i>K</i>	<i>S</i>	<i>S</i>
166	<i>K</i>	<i>K</i>	<i>K</i>	<i>S</i>	<i>S</i>
167	<i>K</i>	<i>K</i>	<i>K</i>	<i>S</i>	<i>S</i>
168	<i>S</i>	<i>S</i>	<i>S</i>	<i>S</i>	<i>S</i>
169	<i>K</i>	<i>K</i>	<i>K</i>	<i>S</i>	<i>S</i>
170	<i>K</i>	<i>K</i>	<i>K</i>	<i>S</i>	<i>S</i>

“K”= koring chromatien; “S”= spesiechromatien.

