

---

## **Sektion 45**

### **Resistenzzüchtung / Widerstandsfähigkeit gegen Schadorganismen I**

---

#### **45-3 - Identifikation von enggekoppelten molekularen Markern für effektive Braun- und Gelbrostresistenzgene in Weizen**

*Identification of closely linked markers for wheat leaf and stripe rust resistance genes*

**Albrecht Serfling, Mathieu Deblieck, Frank Ordon**

Julius Kühn-Institut (JKI), Institut für Resistenzforschung und Stresstoleranz, Erwin-Baur-Str. 27, 06484 Quedlinburg

Durch Feldversuche mit naheisogenen Linien (NILs) des Weizens an verschiedenen Standorten in Deutschland und in Mexiko konnten effektive Lr- (Braunrostresistenz) und Yr- (Gelbrostresistenz)-Gene identifiziert und ein umfassendes Bild des Virulenzverhaltens innerhalb der Rostpopulationen gewonnen werden. Es wurde deutlich, dass die Nutzung einzelner effektiver Resistenzen bereits nach kurzer Zeit zur Selektion virulenter Rassen führt. NILs, die jeweils eine Braun- und Gelbrostresistenz ausprägen, wurden mit dem 90k iSelect Chip analysiert und vorhandene SNPs im Vergleich zur ursprünglichen anfälligen Ausgangslinie verglichen, sodass die chromosomale Region, in dem die jeweiligen Resistenzen lokalisiert sind, auf wenige/ einzelne SNPs reduziert werden konnte und von diesen KASP-Marker und in einzelnen Fällen Kandidatengene abgeleitet werden konnten. Mit Hilfe der auf diese Weise entwickelten KASP-Marker werden momentan verschiedene effektive Resistenzgene pyramidiert, um die Resistenz auf eine breitere genetische Basis zu stellen.

#### **45-4 - Identifikation von Resistenzen gegen Gelbrost, Braunrost und Septoria-Blattdürre in einer multiparentalen Weizenpopulation**

*Identification of resistance to stripe rust, leaf rust and Septoria tritici blotch in a multiparental wheat population*

**Sandra Rollar, Albrecht Serfling, Frank Ordon**

Julius Kühn-Institut (JKI), Institut für Resistenzforschung und Stresstoleranz, Erwin-Baur-Str. 27, 06484 Quedlinburg

Das Auftreten hochaggressiver Rassen des Gelbrosts (*Puccinia striiformis*) und des Braunrosts (*Puccinia triticina*) und die nachlassende Fungizidwirkung gegenüber der Septoria Blattdürre (STB) machen die Züchtung resistenter Weizensorten erforderlich. Vor diesem Hintergrund wurden mehrjährige Feldversuche an drei Standorten zur Phänotypisierung der multiparentalen Bayerischen Magic Weizen (BMW-) Population durchgeführt. Um einen sicheren und einheitlichen Befall zu gewährleisten, wurde eine künstliche Inokulation mit Braun- und Gelbrost an einem Standort, sowie mit STB an allen drei Standorten durchgeführt. Die Bonitur des Krankheitsverlaufs fand an zwei bis vier aufeinanderfolgenden Terminen statt, um die AUDPC (Fläche unter der Befallsverlaufskurve) und den AO (mittlere Befall je Teilstück) zu berechnen. Um Informationen zu erhalten, welche bereits bekannten Resistenzgene in der BMW-Population vorliegen, wurden die Elternlinien in Gewächshausuntersuchungen mit differenzierenden Sets von Isolaten der drei Pathogene in Blattsegmenttests (STB) und

Ganzpflanzentests (Roste) analysiert. Die Bonitur der Blattsegmente erfolgte durch Erfassung des prozentualen Blattbefalls, während der Befall mit Rosten nach McIntosh (1995) bonitiert wurde. Die Auswertung der Felddaten 2017 zeigte, dass signifikante Unterschiede im Befall zwischen den 400 Linien der BMW Population bei allen drei Pathogenen vorhanden sind ( $p < 0,0001$ ). Dabei entsprachen die Werte für den Braunrost- und STB-Befall annähernd einer Normalverteilung während gegenüber Gelbrost die meisten Genotypen resistent waren. Die statistische Auswertung der Blattsegmenttests zeigte, dass sowohl Genotyp ( $p < 0,0001$ ), Isolat ( $p < 0,0001$ ), als auch die Wechselwirkung beider Faktoren ( $p = 0,0120$ ) einen signifikanten Einfluss auf den Befall haben. So konnte zwischen hochaggressiven und weniger aggressiven Isolaten, die zwischen den Elternlinien deutlich differenzieren, unterschieden werden. Die Ergebnisse der Ganzpflanzentests mit Braunrostisolaten weisen darauf hin, dass mehrere effektive Braunrostresistenzen in den Elternlinien vorliegen, deren weiterer Nachweis derzeit ebenfalls mit bekannten molekularen Markern erfolgt. Mit den gesammelten phänotypischen Daten und der mit Hilfe des 20k iSelect Chip erfolgten Genotypisierung wird eine genomweite Assoziationsstudie der BMW-Population durchgeführt, um im Anschluss molekulare Marker zu entwickeln, die zur markergestützten Selektion auf entsprechende Resistenzen geeignet sind.

Literatur

McIntosh R. A., Wellings C.R., Park R. F. (1995), Wheat rusts - An atlas of resistance genes. Clayton, VIC, CSIRO Publications, 200

#### **45-5 - Genome-wide association study reveals genetic diversity against soil-borne pathogen resistance in wheat**

**Shree Pariyar, Gul Erginbas, Oyiga Chijioke Benedict, Abdelfattah A. Dababat, Jens Leon, Florian Grundler**

<sup>1</sup>Rheinische Friedrich-Wilhelms Universität Bonn, Institute of Crop Science and Resource Conservation (INRES), Molecular Phytomedicine

<sup>2</sup>International Maize and Wheat Improvement Centre (CIMMYT)

<sup>3</sup>Rheinische Friedrich-Wilhelms Universität Bonn, Institute of Crop Science and Resource Conservation (INRES), Plant Breeding

Soil-borne-pathogens (SBPs) such as *Heterodera filipjevi* and *Fusarium culmorum* pose a serious threat to global wheat production. Resistant cultivars are the most preferred method of controlling SBP's. In the past, conventional approaches were applied in resistance breeding; however, these approaches are labor intensive and time consuming. In recent years, there has been enormous progress in wheat genomics by high density molecular markers and genome wide association studies (GWAS). Association mapping is a powerful tool to detect associations between phenotypic variation and genetic polymorphisms; in this way favorable traits such as resistance to SBP's can be detected. In this study, 161 wheat accessions were screened for resistance against *H. filipjevi* and *F. culmorum* crown rot under growth room condition. Infection assay with *H. filipjevi* ranked 1 % of the wheat accessions as resistant, 16 % as moderately resistant, 41 % as moderately susceptible, 26 % as susceptible, and 15 % as highly susceptible. Similarly, crown rot score with *F. culmorum* ranked 1 % of wheat accessions as resistant, 15 % as moderately resistant, 24 % as moderately susceptible, 54 % as susceptible, and 6 % as highly susceptible. These accessions were genotyped with 90K iSelect SNP chip and subsequently correlated with phenotype for association analysis. GWAS identified 11 novel quantitative trait loci (QTLs) on chromosome 1AL, 2AS, 2BL, 3AL, 3BL, 4AS, 4AL, 5BL, and 7BL linked to *H. filipjevi*, while nine QTLs on chromosomes 1A, 1D, 3A, 5A, 5D and 7AL were found to be linked to *F. culmorum*. The phenotypic variation explained by the 11 QTLs linked to *H. filipjevi* was 44 %

while 59 % of phenotypic variation was explained by the 9 QTLs linked to *F. culmorum*. The details of GWAS, in-silico annotation of QTLs, underlying putative genes and their role in parasitism, and possible implication in wheat breeding will be discussed during the presentation.

#### **45-6 - Identifikation von *Wheat dwarf virus* (WDV) Resistenz/Toleranz in Gerste**

*Identification of Wheat dwarf virus (WDV) resistance/tolerance in barley*

**Sarah Trebing, Antje Habekuß, Frank Ordon**

Julius Kühn-Institut (JKI), Institut für Resistenzforschung und Stresstoleranz, Erwin-Baur-Str. 27, 06484 Quedlinburg

Das *Wheat dwarf virus* (WDV) gewinnt durch den Klimawandel zunehmend an Bedeutung und verursacht in Jahren mit starkem Befall hohe Ertragsverluste in Gerste und Weizen. Es wird durch die Zwergzikade *Psammotettix alienus* übertragen. Das Symptombild des WDV umfasst Chlorosen und Nekrosen an den Blättern sowie eine Verzweigung bis hin zum Absterben der Pflanze. Der Anbau von resistenten/toleranten Genotypen ist der einzige und zugleich umweltfreundlichste Weg zur Verhinderung dieser Ertragsverluste. Da bisher nur wenig über genetische Unterschiede in der Resistenz/Toleranz gegenüber WDV bekannt ist, werden ca. 500 Gerstengenotypen durch künstliche Infektion mit virustragenden Zikaden sowohl im Gazezelt als auch in Gewächshaus analysiert. Dabei konnten genotypische Unterschiede bezüglich der Reaktion auf eine WDV-Infektion identifiziert werden und im ersten Versuchsjahr erwiesen sich 14 Genotypen als tolerant. In einem nächsten Schritt werden diese Genotypen mit dem 50k iSelect Chip genotypisiert, um Quantitative Trait Loci (QTL) mittels einer genomweiten Assoziationsstudie (GWAS) zu identifizieren.

#### **45-7 - Kleistogamer Hafer zur nachhaltigen Vermeidung von Flugbrand (*Ustilago avenae* (Pers.) Jens.)**

*Cleistogamous flowering to prevent infection by loose smut (*Ustilago avenae* (Pers.) Jens.) in oat (*Avena sativa* L.).*

**Sophie Brodführer<sup>1</sup>, Ben Schmehe<sup>2</sup>, Matthias Herrmann<sup>1</sup>**

<sup>1</sup>Julius Kühn-Institut, Institut für Züchtungsforschung an landwirtschaftlichen Kulturen (ZL) Rudolf-Schick-Platz 3a, 18190 Sanitz OT Groß Lüsewitz

<sup>2</sup>Landbauschule Dottenfelderhof e.V., Forschung & Züchtung, 61118, Bad Vilbel, Deutschland

Der Haferflugbrand, hervorgerufen durch *Ustilago avenae* (Pers.) Jens., ist die wichtigste Pilzkrankheit in der ökologischen Saatgutproduktion und -züchtung. Aus den brandigen Rispen gelangen Sporen in die Luft und infizieren die Blütchen während der Blüte, woraufhin im folgenden Anbaujahr aus dem infizierten Saatgut erneute Brandrispen entstehen. In dem Projekt soll die Frage beantwortet werden, ob kleistogames Blühen das Infektionsniveau der Samenanlagen mit Flugbrand senken und so ein rassunenabhängiger Weg in der Resistenzzüchtung bei Hafer beschritten werden kann.

Das untersuchte Hafer-Sortiment besteht aus 540 aktuellen und historischen, hauptsächlich europäischen Saathafersorten und -stämmen (*Avena sativa* L.). Es wird an den Standorten Groß Lüsewitz, Quedlinburg und Bad Vilbel in mehrjährigen Feldversuchen hinsichtlich der Ausprägung verschiedener Blühmerkmale (Grad der Offenblütigkeit, Antherenextrusion und -retention) sowie hinsichtlich der

Flugbrandanfälligkeit der einzelnen Prüfglieder untersucht. Um einen hohen Infektionsdruck zu erreichen, wird das Saatgut wie bei Menzies et al. 2009 beschrieben unter Vakuum bei -850 hPa mit Flugbrandsporen inokuliert.

Mittels einer genomweiten Assoziationskartierung sollen Marker-Merkmal-Assoziationen für die Blühmerkmale und für das Merkmal Flugbrandanfälligkeit identifiziert werden. Die Genotypisierung hierfür erfolgt mittels *Genotyping-By-Sequencing* (GBS).

Im Versuchsjahr 2017 war eine starke Auffächerung in der Ausprägung der Blühmerkmale zu beobachten. Es konnten sowohl stark kleistogame als auch stark chasmogame Sorten identifiziert werden. Das Blühverhalten ist als quantitativ ausgeprägtes Merkmal anzusehen und ist stark von Umweltfaktoren, insbesondere der Lufttemperatur abhängig (Nishiyama, 1970). Auch für das Merkmal Flugbrandanfälligkeit zeigte sich im Sortiment eine starke Auffächerung, wobei 37% des Sortiments als resistent eingestuft wurden.

In einem ersten Versuch wurde festgestellt, dass bei anfälligen Sorten mit ausgeprägter Kleistogamie die Flugbrandinfektion in der Nachkommenschaft geringer ausfällt als bei offenblütigen Sorten. Wie wirksam geschlossenes Blühen den Flugbrand an einer Infektion der Samenanlage verhindern und so das Auftreten von Brandrispen im folgenden Anbaujahr eindämmen kann, muss nun in weiteren Versuchen ermittelt werden.

#### Literatur

Menzies, J. G., Turkington, T. K., Knox, R. E. 2009: Testing for resistance to smut diseases of barley, oats and wheat in western Canada. *Can. J. Plant Pathol.* Vol. 31 (3), 265-279.

Nishiyama I. 1970: Four types of flowering time in Avena. *Japan. J. Genetics.* Vol. 45 (5), 399–409.

### **45-8 - Reaktion verschiedener Hafersorten auf die Inokulation mit *Fusarium langsethiae*, *F. culmorum* und *F. sporotrichioides***

*Response of oat cultivars to inoculation with Fusarium langsethiae, F. culmorum, and F. sporotrichioides*

**Matthias Herrmann<sup>1</sup>, Paulina Georgieva<sup>2</sup>, Steffen Beuch<sup>3</sup>, Mark Winter<sup>2</sup>**

<sup>1</sup>Julius Kühn-Institut (JKI), Institut für Züchtungsforschung an landwirtschaftlichen Kulturen, Rudolf-Schick-Platz 3a, 18190 Sanitz, OT Groß Lüsewitz

<sup>2</sup>Georg-August-Universität Göttingen, Department für Nutzpflanzenwissenschaften, Abteilung Pflanzenpathologie und Pflanzenschutz, Grisebachstr. 6, 37077 Göttingen

<sup>3</sup>Nordsaat Saat-zucht GmbH, Granskevit-z 3, 18569 Granskevit-z/Rügen

Hafer besitzt als Rispengetreide zwar eine morphologisch bedingte Typ-II-Resistenz gegenüber Infektionen von Erregern aus der Gattung *Fusarium*; dennoch wird zunehmend insbesondere in Skandinavien und Großbritannien von T-2-, HT-2- oder Deoxynivalenol (DON)-belasteten Erntepartien berichtet. Da Hafer aus diesen Regionen ein wichtiges Exportgut ist, hat die Entwicklung resistenter Sorten bei europäischen Züchtern eine hohe Priorität. Das vorliegende Verbundprojekt sucht Antworten auf die Fragen, inwieweit es Sortenunterschiede im aktuellen Sortiment gibt, ob eine Kreuzresistenz gegenüber *Fusarium langsethiae*, *F. sporotrichioides* und *F. culmorum* existiert und ob Ertragsparameter durch eine Fusariuminfektion beeinträchtigt werden. Zudem wird die Antherenretention als möglicher Einflussfaktor auf die Resistenz untersucht. Als "Resistenz" wird in der vorliegenden Arbeit ein signifikant geringerer Mykotoxingehalt definiert.

Zur Beantwortung der Fragen wurden 25 ausgewählte Haferlinien (17 moderne Sorten und 8 Genbankakzessionen) in den Jahren 2016 und 2017 dreierlei und in dreifacher Wiederholung in Mikroplots mit jeweils vier Inokulumvarianten (*F. langsethiae*, *F. sporotrichioides*, *F. culmorum*, Mischung von *F. sporotrichioides* und *F. culmorum*; Wasserkontrolle) inokuliert. Erfasst wurden der DON- und T-2-Gehalt, die Wuchshöhe (WH),

Lager vor Ernte, die Tausendkornmasse, die Kornzahl je Rispe, der Spelzengehalt, das BBCH-Stadium und die Antherenretention (AR, mittlere Anzahl einbehaltener Antheren in den Blüten).

Die Toxindaten wiesen signifikante Resistenzunterschiede im Prüfsortiment nach. Als am stärksten anfällig (höchste DON- und T-2-Gehalte) erwies sich die Kurzstrohsorte 'Troll', gefolgt von 'Bessin' und 'Scorpion'. Die geringsten Toxingehalte wurden in den alten Landsorten 'Schenkenfeldener' und 'Puhti' gefunden. Unter den modernen Sorten waren 'Keely', 'Symphony' und 'Zorro' die resistenteren. Nach Inokulation mit *F. langsethiae* wurden deutlich geringere T-2-Gehalte im Vergleich zu *F. sporotrichioides* (60 µg/kg vs. 247 µg/kg) gemessen. Nach Mischinokulation lag der mittlere T-2-Gehalt unter jenem aus der Einzelinokulation mit *F. sporotrichioides* und der mittlere DON-Gehalt lag dagegen auf etwa gleichem Niveau wie nach Einzelinokulation mit *F. culmorum*. Im untersuchten Material wurde eine enge Korrelation ( $r = 0,85$ ) der DON- und T-2-Gehalte beobachtet. Dies könnte darauf hinweisen, dass es unter den erfassten Sorten und Herkünften eine gleichgerichtete Reaktion gegenüber verschiedenen Fusarium-Arten gibt. Zwischen Wuchshöhe und Resistenz wurden hochsignifikante Korrelationskoeffizienten mit  $r = -0,6$  für WH zu DON und  $r = -0,81$  für WH zu T-2 gefunden. Das stark differenzierend auftretende Lager hatte keinen nachweisbaren Effekt auf die Toxingehalte. In der Antherenretention waren die höchsten und niedrigsten Werte jeweils mit reduzierten Toxinwerten assoziiert, was in anderen Untersuchungen auch bei Weizen gefunden wurde. Das Korngewicht, die Kornzahl je Rispe und der Spelzengehalt wurden durch die Infektion deutlich weniger beeinflusst als durch Umweltfaktoren und durch den Genotyp. Die Ergebnisse dieser Arbeit unterstreichen die Bedeutung der Sortenwahl für eine Vermeidung hoher Gehalte an Fusariumtoxinen im Hafer.