

Unlocking the resistance to common bunt



THE EWG ON WHEAT PATHOGENS WEBINAR SERIES

November 23th, 2023

Anders Borgen and Dennis Kjær Christensen,



Aknowledgement

- Unpublished data, funding and invaluable support from
 - Uni. Idaho, NordGen, BOKU (AT), Uni Utah, KWS, SZ Donau (AT), Dottenfelder Hof (DE), Cultivari (DE), NIAB (UK), VURV (CZ)
- Guidance, financial and other support from
 - SZ Breun (DE), Nordic Seed (DK), Lantmännen (SE), JKI (DE), LfL (DE), Sacobra, SLU (SE), NARDI (RU), DSV (DE), WheatGateway (UK)
- Public funding received from:
 - BOOST project (Organic RDD), DIVERSILIENCE (CoreOrganic CoFund, ERA-NET), DK Foundation for Organic farming, LIVESEI 2017-20 (EU Horizon2020), COBRA project 2013-15 (CoreOrganic-II, ERA-NET)



Introduction to common bunt

- Two very different diseases:
 - common bunt (*Tilletia tritici* and *T.laevis*, mainly seed borne)
 - dwarf bunt *T.contraversa* (mainly soil borne and only in certain climatic zones)
- Taxonomically most likely only one species with three morphological subspecies
 - most likely governed by the same resistance genes

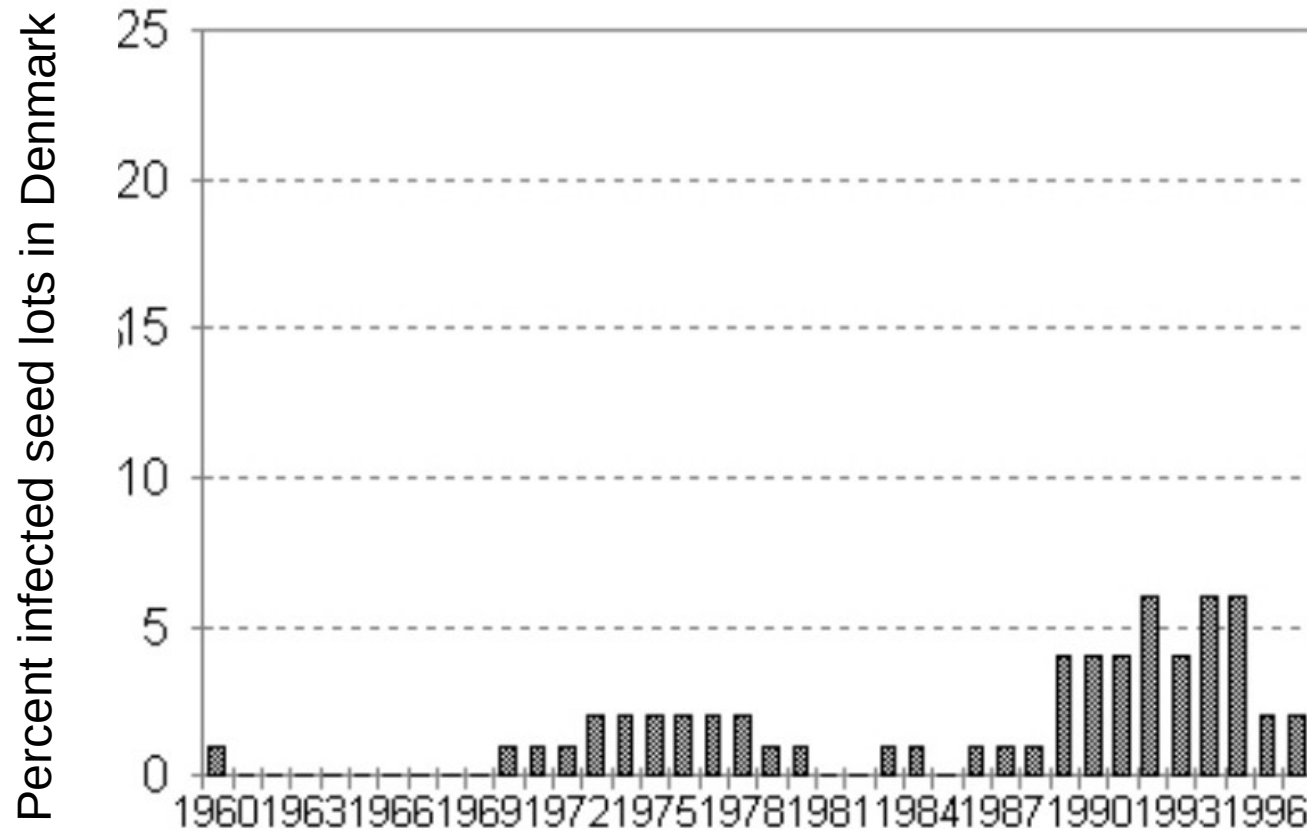
Introduction to common bunt

- Pathogenesis start with spores spread by contamination of soil, combine harvesters and other equipment
- ~100 fold multiplication from year to year
 - this means that we need 99% control to prevent multiplication
- **VERY** low threshold!

Introduction to common bunt

- Known since antiquity
 - Pliny the Elder: *Naturalis Historia* 77 AC
- Historically described as the worst of all cereal diseases:
 - Buttress and Dennis 1947: The early history of cereal seed treatment in England. *Agricultural History* 21:93-103
 - Woolman and Humphrey 1924: Summary of literature on bunt, or stinking smut, of wheat. United States Department of Agriculture, Department Bulletin No. 1210.
- Almost vanished when Mercury seed treatment was introduced in the 20th century

The re-emergence of bunt



Introduction to common bunt

- The forgotten diseases
 - Seed borne diseases re-emerged in 1980'ies when mercury seed treatment was banned, and wheat production in Northern Europe increased
- Equally frequent in organic and conventional certified seed lots
- Still pops up, whenever we forget to prevent it

Introduction to common bunt

- Easy to control:
 - with fungicides
 - discarding contaminated seed lots
-but with environmental costs or permanent surveillance
- Likely future restrictions on fungicide use
- Resistance breeding may be the future sustainable control measure

Resistance to common bunt

- First described in spelt by Tschaner in 1764
- 10 genes Bt1-10 described in 1971 and earlier by Rodenhiser, Hoffmann, Holden and Metzger a.o.
- Additional 6 genes and new races described by Metzger and Goates in 2012: Bt11-Bt15 +BtP
- Canadian resistance breeding based on Hope and Bt10
- European resistance breeding based on Stava (1990), Bussard, Zarya, Hereward, Tambor, Tommi with so far unknown resistances

My nursery



44 European bunt races

	Blizzard	Tilliko	Thule III	IFA-P106.30 NIL-12	P15541098	NIL-10 Tillexus	P15541099 NIL-9	Magnifik	P1554120	P1554100	Rio	Hohenheimer NIL-5	P1554115 Nepred	P1554121 Ridfit	Bussard	P15541097	PG3540 NIL-1	Creator								
	Bt3 +Bt6 +7A	BtZ	Bt13	Bt12	Bt11	Bt10	Bt9	?	Bt8	Bt7	Bt6	Bt5 +1B	Bt5	Bt4	Bt3	BtH	Bt2	Bt1	Bt0							
Pan-35, Germany	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	17							
Pan-9, Germany	0	0	3	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	9	0	3	0	83							
Vr-13, Denmark	2	0	2	0	0	0	4	0	0	0	0	0	0	2	0	0	0	0	avirulent							
Hansa, Sweden	0	0	19	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	3	3	0	5	0		50						
Vr-0, Denmark	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2	0	0	11	0	11	7	0		0						
Pan-34 Sweden	0	0	3	0	0	0	0	0	3	0	0	0	0	19	3	0	9	0		89						
Pan-19, Germany	0	0	9	0	0	0	0	0	0	0	3	0	0	33	31	17	0	12	14	0	0	33	Bt4			
Pan-24, Schweiz	0	0	9	0	0	0	0	9	0	0	33	20	9	0	0	9	9	50	9	17	12	0	0	33	Bt8 Bt3	
Pan-25, Italy	0	0	0	0	0	0	0	0	0	64	9	3	0	0	14	0	0	0	0	0	0	0	0	35		
Pan-26, Italy	0	0	3	0	0	0	0	0	0	23	27	0	0	0	9	0	0	11	0	0	0	0	0	67		
Pan-22, Germany	0	0	12	0	0	3	0	0	0	43	25	6	6	12	3	0	0	0	9	0	0	0	0	71	Bt7 Bt8	
Pan-23, Germany	0	0	24	0	0	0	0	0	0	77	29	0	3	7	0	0	0	5	0	0	0	0	0	60		
Wiik-Emmer	0	3	0	0	0	0	0	0	0	25	14	0	0	0	0	9	0	3	12	0	0	0	0	50		
Vr10, Denmark	0	43	0	###	0	0	38	98	0	0	0	0	0	22	2	0	2	2	0	0	0	7	0	0	BtZ Bt10 Bt7	
Pan-7, Germany	0	0	14	0	0	3	0	9	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	91	97	0	0	0	50	Bt2 Bt1???	
Pan-17, Germany	0	0	12	0	0	0	0	12	0	0	6	3	0	0	12	3	0	0	0	0	88	94	0	57	Bt1	
Vr-5, Denmark	0	0	2	2	0	0	0	0	0	0	2	2	17	83	20	0	0	0	75	2	4	4	0	0	Bt5 Bt2???	
Pan-1, Austria	0	0	0	0	0	0	0	0	3	0	3	3	0	3	23	0	3	0	86	60	0	0	0	40	Bt2 Bt4?	
Pan-6, Austria	0	0	0	6	0	0	0	9	0	0	23	0	0	0	6	0	0	50	14	0	0	0	0	50		
Vr-DOT, Denmark	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2	4	0	11	6	0	2	94	26	7	7	0	0	0		
Pan-18, Germany	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	3	3	0	60	50	0	0	0	0	75		
Pan-11, Germany	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	6	0	0	0	91	50	0	0	0	0	83		
Pan-21, Germany	0	5	0	0	0	0	0	0	0	0	0	3	0	0	0	0	0	88	33	0	0	0	0	50	Bt2	
Pan-4, Austria	0	0	0	0	0	0	0	0	0	9	0	0	3	14	0	0	0	86	91	0	0	0	0	67		
Pan-10, Germany	0	0	6	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	3	0	3	0	100	86	0	0	0	0	75		
Pan-20, Germany	0	0	33	0	0	0	0	0	6	6	0	0	0	0	0	3	0	86	97	0	0	0	0	75		
Pan-8, Germany	0	0	19	11	0	0	0	0	0	0	0	3	0	6	0	9	0	94	87	0	0	0	0	67		
Pan-13, Germany	0	0	25	0	0	0	0	6	0	0	0	0	0	3	0	0	0	97	87	0	0	0	0	50		
pan-Veron, Tjcek Rep.	0	0	11	0	0	0	0	6	0	0	3	50	23	0	0	0	83	0	3	60	0	0	0	67	Bt7 Bt4 Bt3?? Bt2?? Bt1???	
Pan-3, Austria	0	0	6	0	0	0	0	5	0	0	0	67	0	0	15	0	0	67	91	0	0	0	0	50		
Pan-Aros	0	0	12	0	0	0	0	0	2	57	0	0	6	14	3	0	3	86	86	0	24	0	0	57		
Pan-2, Austria	0	0	9	0	0	0	0	0	0	0	0	57	0	0	5	0	3	86	100	0	0	0	0	83	Bt7 Bt2	
Pan 30, Iran	0	0	17	0	0	0	0	0	0	0	57	6	0	6	0	6	6	94	100	0	0	0	0	67		
Pan-16, Germany	0	0	0	0	0	0	14	0	3	17	50	3	0	0	14	3	13	11	86	100	0	0	0	86		
Pan-29, Iran	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	9	0	0	50	3	0	0	97	98	0	0	0	0	50	Bt4 Bt2	
pan-31, Iran	0	0	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	30	2	0	7	95	100	0	0	0	0	94		
Pan-27, Latvia	0	6	0	0	0	0	0	0	0	0	14	12	0	0	6	###	0	0	83	67	50	44	0	0		
Vr-2, Denmark	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	14	2	0	8	0	0	0	94	91	60	75	0	0	0	Bt7 Bt2 Bt1	
Pan-Stava, Sweden	0	0	3	0	0	0	0	0	0	0	26	3	0	0	0	3	0	91	97	83	75	0	0	86		
Vr-3, Denmark	0	0	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	4	75	80	100	89	0	0	0	0	0	Bt3 Bt2	
VrZ, Denmark	0	57	6	0	0	0	38	50	0	0	0	0	0	75	26	0	0	4	0	0	0	0	0	0	BtZ Bt13 Bt10 Bt4 Bt6	
Pan-28, Iran	0	43	71	3	0	33	44	14	0	0	0	0	0	86	40	20	0	12	0	0	0	0	0	50		
Pan-32, Iran	0	0	86	0	0	0	0	0	0	0	0	50	0	0	94	81	67	89	88	50	0	0	0	26	Bt13 Bt6 Bt4	
Pan-33, Iran	0	2	91	0	0	0	0	0	0	0	3	50	0	0	91	71	67	83	83	67	0	0	0	83	Bt3 Bt2	

Conclusion on virulence

- Huge diversity in virulence in Europe
- There is a risk that all single genes can be infected in Europe.
- Markers are needed to pyramid genes for sustainable control

Starting up marker research

First crossings made in 2007

BIOBREED (2010-13)

- GWAS QTL mapping of 350 genebank accessions tested with mixed races. No success.
- 200 bi-parental lines with Bt9. Successful mapping

Conclusion from BIOBREED

- Single race phenotyping with a avirulent race can be used to analyse of single gene segregations
- To analyse unknown material, you need to include all differentials and many races with different virulences
- Special design is needed to analyse quantitative traits to avoid environmental impact and maskings from qualitative genes

Analysis of a bi-parental population

Selected lines from
Xenos*Weston(Bt10)

CCP27*Clave	24	Bt0
CCP27*Clave	22	
CCP27*Clave	19	
NIL-10		Bt10
Tillexus		
XeWes	5A	
XeWes	5B	
XeWes	m.stak	
XeWes	m.stak	
XeWes	7D	
XeWes	10	
XeWes	15	
XeWes	19	
XeWes	21	
XeWes	24	
XeWes	25	
XeWes	27	
XeWes	28	
XeWes	31	
XeWes	32	
XeWes	35	
XeWes	36	
XeWes	39	
XeWes	40	
XeWes	41	
XeWes	45	
XeWes	46	
XeWes	51	
XeWes	52	
XeWes	54	
XeWes	56	
XeWes	57	

Analysis of a bi-parental population

Race-1

CCP27*Clavez	24	37,5	Bt0
CCP27*Clavez	22	60,0	
CCP27*Clavez	19	25,0	
NIL-10		0,0	Bt10
Tillexus		0,0	
XeWes	5A	0,0	
XeWes	5B	0,0	
XeWes	m.stak	0,0	
XeWes	m.stak	0,0	
XeWes	7D	0,0	
XeWes	10	0,0	
XeWes	15	0,0	
XeWes	19	0,0	
XeWes	21	0,0	
XeWes	24	0,0	
XeWes	25	0,0	
XeWes	27	0,0	
XeWes	28	0,0	
XeWes	31	0,0	
XeWes	32	0,0	
XeWes	35	0,0	
XeWes	36	0,0	
XeWes	39	0,0	
XeWes	40	0,0	
XeWes	41	0,0	
XeWes	45	0,0	
XeWes	46	0,0	
XeWes	51	0,0	
XeWes	52	0,0	
XeWes	54	0,0	
XeWes	56	0,0	
XeWes	57	0,0	



Analysis of a bi-parental population

Race-1

CCP27*Clavez	24	37,5	Bt0
CCP27*Clavez	22	60,0	
CCP27*Clavez	19	25,0	
NIL-10		0,0	Bt10
Tillexus		0,0	
XeWes	5A	0,0	
XeWes	5B	0,0	
XeWes	m.stak	0,0	
XeWes	m.stak	0,0	
XeWes	7D	0,0	
XeWes	10	0,0	
XeWes	15	0,0	
XeWes	19	0,0	
XeWes	21	0,0	
XeWes	24	0,0	
XeWes	25	0,0	
XeWes	27	0,0	
XeWes	28	0,0	
XeWes	31	0,0	
XeWes	32	0,0	
XeWes	35	0,0	
XeWes	36	0,0	
XeWes	39	0,0	
XeWes	40	0,0	
XeWes	41	0,0	
XeWes	45	0,0	
XeWes	46	0,0	
XeWes	51	0,0	
XeWes	52	0,0	
XeWes	54	0,0	
XeWes	56	0,0	
XeWes	57	0,0	



but the problem is that the GWAS mapping for Bt10 fails
- maybe we need more data?

Analysis of a bi-parental population

Race-1
Race-2
Race-3

CCP27*Clavez	24	37,5	13,8	66,7	Bt0
CCP27*Clavez	22	60,0	20,0	9,1	
CCP27*Clavez	19	25,0	16,7	16,7	
NIL-10		0,0	0,0	0,0	Bt10
Tillexus		0,0	0,0	0,0	
XeWes	5A	0,0	0,0	0,0	
XeWes	5B	0,0	0,0	0,0	
XeWes	m.stak	0,0	0,0	2,0	
XeWes	m.stak	0,0	0,0	0,0	
XeWes	7D	0,0	0,0	0,0	
XeWes	10	0,0	0,0	2,0	
XeWes	15	0,0	0,0	0,0	
XeWes	19	0,0	0,0	0,0	
XeWes	21	0,0	0,0	0,0	
XeWes	24	0,0	0,0	0,0	
XeWes	25	0,0	0,0	0,0	
XeWes	27	0,0	0,0	0,0	
XeWes	28	0,0	0,0	0,0	
XeWes	31	0,0	0,0	0,0	
XeWes	32	0,0	0,0	0,0	
XeWes	35	0,0	0,0	0,0	
XeWes	36	0,0	0,0	0,0	
XeWes	39	0,0	0,0	0,0	
XeWes	40	0,0	0,0	0,0	
XeWes	41	0,0	0,0	0,0	
XeWes	45	0,0	0,0	0,0	
XeWes	46	0,0	0,0	0,0	
XeWes	51	0,0	0,0	0,0	
XeWes	52	0,0	0,0	0,0	
XeWes	54	0,0	0,0	0,0	
XeWes	56	0,0	0,0	0,0	
XeWes	57	0,0	0,0	0,0	



Analysis of a bi-parental population

Race-1
Race-2
Race-3
Race-4

	Race-1	Race-2	Race-3	Race-4	
CCP27*Clavez 24	37,5	13,8	66,7	100,0	Bt0
CCP27*Clavez 22	60,0	20,0	9,1	90,9	
CCP27*Clavez 19	25,0	16,7	16,7	96,2	
NIL-10	0,0	0,0	0,0	37,5	Bt10
Tillexus	0,0	0,0	0,0	98,0	
XeWes 5A	0,0	0,0	0,0	50,0	
XeWes 5B	0,0	0,0	0,0	57,1	
XeWes m.stak 1	0,0	0,0	2,0	66,7	
XeWes m.stak 2	0,0	0,0	0,0	66,7	
XeWes 7D	0,0	0,0	0,0	80,0	
XeWes 10	0,0	0,0	2,0	75,0	
XeWes 15	0,0	0,0	0,0	75,0	
XeWes 19	0,0	0,0	0,0	71,4	
XeWes 21	0,0	0,0	0,0	75,0	
XeWes 24	0,0	0,0	0,0	75,0	
XeWes 25	0,0	0,0	0,0	85,7	
XeWes 27	0,0	0,0	0,0	85,7	
XeWes 28	0,0	0,0	0,0	75,0	
XeWes 31	0,0	0,0	0,0	75,0	
XeWes 32	0,0	0,0	0,0	75,0	
XeWes 35	0,0	0,0	0,0	75,0	
XeWes 36	0,0	0,0	0,0	75,0	
XeWes 39	0,0	0,0	0,0	75,0	
XeWes 40	0,0	0,0	0,0	75,0	
XeWes 41	0,0	0,0	0,0	75,0	
XeWes 45	0,0	0,0	0,0	75,0	
XeWes 46	0,0	0,0	0,0	75,0	
XeWes 51	0,0	0,0	0,0	75,0	
XeWes 52	0,0	0,0	0,0	75,0	
XeWes 54	0,0	0,0	0,0	75,0	
XeWes 56	0,0	0,0	0,0	75,0	
XeWes 57	0,0	0,0	0,0	75,0	



Confirming race specificity

Analysis of a bi-parental population

Race-1
Race-2
Race-3
Race-4

CCP27*Clavez	24	37,5	13,8	66,7	100,0	Bt0
CCP27*Clavez	22	60,0	20,0	9,1	90,9	
CCP27*Clavez	19	25,0	16,7	16,7	96,2	
NIL-10		0,0	0,0	0,0	37,5	Bt10
Tillexus		0,0	0,0	0,0	98,0	
XeWes	5A	0,0	0,0	0,0	50,0	
XeWes	5B	0,0	0,0	0,0	57,1	
XeWes	m.stak	0,0	0,0	2,0	66,7	
XeWes	m.stak	0,0	0,0	0,0	66,7	
XeWes	7D	0,0	0,0	0,0	80,0	
XeWes	10	0,0	0,0	2,0	75,0	
XeWes	15	0,0	0,0	0,0	75,0	
XeWes	19	0,0	0,0	0,0	71,4	
XeWes	21	0,0	0,0	0,0	75,0	
XeWes	24	0,0	0,0	0,0	75,0	
XeWes	25	0,0	0,0	0,0	85,7	
XeWes	27	0,0	0,0	0,0	85,7	
XeWes	28	0,0	0,0	0,0	75,0	
XeWes	31	0,0	0,0	0,0	75,0	
XeWes	32	0,0	0,0	0,0	75,0	
XeWes	35	0,0	0,0	0,0	75,0	
XeWes	36	0,0	0,0	0,0	75,0	
XeWes	39	0,0	0,0	0,0	75,0	
XeWes	40	0,0	0,0	0,0	75,0	
XeWes	41	0,0	0,0	0,0	75,0	
XeWes	45	0,0	0,0	0,0	75,0	
XeWes	46	0,0	0,0	0,0	75,0	
XeWes	51	0,0	0,0	0,0	75,0	
XeWes	52	0,0	0,0	0,0	75,0	
XeWes	54	0,0	0,0	0,0	75,0	
XeWes	56	0,0	0,0	0,0	75,0	
XeWes	57	0,0	0,0	0,0	75,0	

....., but the GWAS mapping of Bt10 still fails
- we may need more data?

Analysis of a bi-parental population

Race-1
Race-2
Race-3
Race-4
Race-5

	Race-1	Race-2	Race-3	Race-4	Race-5	
CCP27*Ciavez 24	37,5	13,8	66,7	100,0	66,7	Bt0
CCP27*Ciavez 22	60,0	20,0	9,1	90,9	36,4	
CCP27*Ciavez 19	25,0	16,7	16,7	96,2	96,2	
NIL-10	0,0	0,0	0,0	37,5	0,0	Bt10
Tillexus	0,0	0,0	0,0	98,0	0,0	
XeWes 5A	0,0	0,0	0,0	50,0	0,0	
XeWes 5B	0,0	0,0	0,0	57,1	0,0	
XeWes m.stak 1	0,0	0,0	2,0	66,7	37,5	
XeWes m.stak 2	0,0	0,0	0,0	66,7	37,5	
XeWes 7D	0,0	0,0	0,0	80,0	37,5	
XeWes 10	0,0	0,0	2,0	75,0	0,0	
XeWes 15	0,0	0,0	0,0	75,0	0,0	
XeWes 19	0,0	0,0	0,0	71,4	0,0	
XeWes 21	0,0	0,0	0,0	75,0	0,0	
XeWes 24	0,0	0,0	0,0	75,0	0,0	
XeWes 25	0,0	0,0	0,0	85,7	0,0	
XeWes 27	0,0	0,0	0,0	85,7	0,0	
XeWes 28	0,0	0,0	0,0	75,0	0,0	
XeWes 31	0,0	0,0	0,0	75,0	0,0	
XeWes 32	0,0	0,0	0,0	75,0	0,0	
XeWes 35	0,0	0,0	0,0	75,0	0,0	
XeWes 36	0,0	0,0	0,0	75,0	0,0	
XeWes 39	0,0	0,0	0,0	75,0	0,0	
XeWes 40	0,0	0,0	0,0	75,0	0,0	
XeWes 41	0,0	0,0	0,0	75,0	0,0	
XeWes 45	0,0	0,0	0,0	75,0	0,0	
XeWes 46	0,0	0,0	0,0	75,0	3,8	
XeWes 51	0,0	0,0	0,0	75,0	3,8	
XeWes 52	0,0	0,0	0,0	75,0	2,0	
XeWes 54	0,0	0,0	0,0	75,0	0,0	
XeWes 56	0,0	0,0	0,0	75,0	0,0	
XeWes 57	0,0	0,0	0,0	75,0	0,0	



Analysis of a bi-parental population

Race-1
Race-2
Race-3
Race-4
Race-5
Race-6
Race-7

	Race-1	Race-2	Race-3	Race-4	Race-5	Race-6	Race-7	
CCP27*Clavez 24	37,5	13,8	66,7	100,0	66,7	96,8	90,9	Bt0
CCP27*Clavez 22	60,0	20,0	9,1	90,9	36,4	85,7	42,9	
CCP27*Clavez 19	25,0	16,7	16,7	96,2	96,2	80,0	71,4	
NIL-10	0,0	0,0	0,0	37,5	0,0	0,0	0,0	Bt10
Tillexus	0,0	0,0	0,0	98,0	0,0	0,0	0,0	
XeWes 5A	0,0	0,0	0,0	50,0	0,0	0,0	0,0	
XeWes 5B	0,0	0,0	0,0	57,1	0,0	75,0	40,0	
XeWes m.stak	0,0	0,0	2,0	66,7	37,5	33,3	2,0	
XeWes m.stak	0,0	0,0	0,0	66,7	37,5	20,0	50,0	
XeWes 7D	0,0	0,0	0,0	80,0	37,5	50,0	40,0	
XeWes 10	0,0	0,0	2,0	75,0	0,0	0,0	0,0	
XeWes 15	0,0	0,0	0,0	75,0	0,0	0,0	0,0	
XeWes 19	0,0	0,0	0,0	71,4	0,0	0,0	0,0	
XeWes 21	0,0	0,0	0,0	75,0	0,0	0,0	0,0	
XeWes 24	0,0	0,0	0,0	75,0	0,0	0,0	0,0	
XeWes 25	0,0	0,0	0,0	85,7	0,0	0,0	0,0	
XeWes 27	0,0	0,0	0,0	85,7	0,0	2,0	0,0	
XeWes 28	0,0	0,0	0,0	75,0	0,0	0,0	0,0	
XeWes 31	0,0	0,0	0,0	75,0	0,0	0,0	0,0	
XeWes 32	0,0	0,0	0,0	75,0	0,0	2,0	0,0	
XeWes 35	0,0	0,0	0,0	75,0	0,0	2,0	0,0	
XeWes 36	0,0	0,0	0,0	75,0	0,0	0,0	0,0	
XeWes 39	0,0	0,0	0,0	75,0	0,0	0,0	0,0	
XeWes 40	0,0	0,0	0,0	75,0	0,0	0,0	2,0	
XeWes 41	0,0	0,0	0,0	75,0	0,0	0,0	0,0	
XeWes 45	0,0	0,0	0,0	75,0	0,0	0,0	0,0	
XeWes 46	0,0	0,0	0,0	75,0	3,8	2,0	0,0	
XeWes 51	0,0	0,0	0,0	75,0	3,8	0,0	0,0	
XeWes 52	0,0	0,0	0,0	75,0	2,0	0,0	0,0	
XeWes 54	0,0	0,0	0,0	75,0	0,0	0,0	0,0	
XeWes 56	0,0	0,0	0,0	75,0	0,0	0,0	0,0	
XeWes 57	0,0	0,0	0,0	75,0	0,0	0,0	0,0	



Analysis of a bi-parental population

Race-1
Race-2
Race-3
Race-4
Race-5
Race-6
Race-7
Race-8

	Race-1	Race-2	Race-3	Race-4	Race-5	Race-6	Race-7	Race-8	
CCP27*Clavez 24	37,5	13,8	66,7	100,0	66,7	96,8	90,9	28,6	Bt0
CCP27*Clavez 22	60,0	20,0	9,1	90,9	36,4	85,7	42,9	60,0	
CCP27*Clavez 19	25,0	16,7	16,7	96,2	96,2	80,0	71,4	79,0	
NIL-10	0,0	0,0	0,0	37,5	0,0	0,0	0,0	37,5	Bt10
Tillexus	0,0	0,0	0,0	98,0	0,0	0,0	0,0	50,0	
XeWes 5A	0,0	0,0	0,0	50,0	0,0	0,0	0,0	0,0	
XeWes 5B	0,0	0,0	0,0	57,1	0,0	75,0	40,0	0,0	
XeWes m.stak 1	0,0	0,0	2,0	66,7	37,5	33,3	2,0	3,2	
XeWes m.stak 2	0,0	0,0	0,0	66,7	37,5	20,0	50,0	10,0	
XeWes 7D	0,0	0,0	0,0	80,0	37,5	50,0	40,0	0,0	
XeWes 10	0,0	0,0	2,0	75,0	0,0	0,0	0,0	0,0	
XeWes 15	0,0	0,0	0,0	75,0	0,0	0,0	0,0	0,0	
XeWes 19	0,0	0,0	0,0	71,4	0,0	0,0	0,0	0,0	
XeWes 21	0,0	0,0	0,0	75,0	0,0	0,0	0,0	0,0	
XeWes 24	0,0	0,0	0,0	75,0	0,0	0,0	0,0	0,0	
XeWes 25	0,0	0,0	0,0	85,7	0,0	0,0	0,0	0,0	
XeWes 27	0,0	0,0	0,0	85,7	0,0	2,0	0,0	0,0	
XeWes 28	0,0	0,0	0,0	75,0	0,0	0,0	0,0	0,0	
XeWes 31	0,0	0,0	0,0	75,0	0,0	0,0	0,0	0,0	
XeWes 32	0,0	0,0	0,0	75,0	0,0	2,0	0,0	0,0	
XeWes 35	0,0	0,0	0,0	75,0	0,0	2,0	0,0	0,0	
XeWes 36	0,0	0,0	0,0	75,0	0,0	0,0	0,0	0,0	
XeWes 39	0,0	0,0	0,0	75,0	0,0	0,0	0,0	0,0	
XeWes 40	0,0	0,0	0,0	75,0	0,0	0,0	2,0	0,0	
XeWes 41	0,0	0,0	0,0	75,0	0,0	0,0	0,0	0,0	
XeWes 45	0,0	0,0	0,0	75,0	0,0	0,0	0,0	0,0	
XeWes 46	0,0	0,0	0,0	75,0	3,8	2,0	0,0	0,0	
XeWes 51	0,0	0,0	0,0	75,0	3,8	0,0	0,0	0,0	
XeWes 52	0,0	0,0	0,0	75,0	2,0	0,0	0,0	0,0	
XeWes 54	0,0	0,0	0,0	75,0	0,0	0,0	0,0	0,0	
XeWes 56	0,0	0,0	0,0	75,0	0,0	0,0	0,0	0,0	
XeWes 57	0,0	0,0	0,0	75,0	0,0	0,0	0,0	0,0	



Analysis of a bi-parental population

		Race-1	Race-2	Race-3	Race-4	Race-5	Race-6	Race-7	Race-8	
Pi554100		0,0	0,0	0,0	21,9	14,3	2,0	2,0	0,0	Bt7
CCP27		0,0	0,0	77,8	94,3	96,2	98,0	75,0	2,0	
Q*CharD*Bt11	10	0,0	0,0	0,0	90,0	85,7	94,3	14,3	2,0	
Q*CharD*Bt11	9	0,0	0,0	40,0	98,0	85,1	98,0	14,3	0,0	
CCP27*Ciavez	24	37,5	13,8	66,7	100,0	66,7	96,8	90,9	28,6	Bt0
CCP27*Ciavez	22	60,0	20,0	9,1	90,9	36,4	85,7	42,9	60,0	
CCP27*Ciavez	19	25,0	16,7	16,7	96,2	96,2	80,0	71,4	75,0	
NIL-10		0,0	0,0	0,0	37,5	0,0	0,0	0,0	37,5	Bt10
Tillexus		0,0	0,0	0,0	98,0	0,0	0,0	0,0	50,0	
XeWes	5A	0,0	0,0	0,0	50,0	0,0	0,0	0,0	0,0	
XeWes	5B	0,0	0,0	0,0	57,1	0,0	75,0	40,0	0,0	
XeWes	m.stak	0,0	0,0	2,0	66,7	37,5	33,3	2,0	3,2	
XeWes	m.stak	0,0	0,0	0,0	66,7	37,5	20,0	50,0	10,0	
XeWes	7D	0,0	0,0	0,0	80,0	37,5	50,0	40,0	0,0	
XeWes	10	0,0	0,0	2,0	75,0	0,0	0,0	0,0	0,0	
XeWes	15	0,0	0,0	0,0	75,0	0,0	0,0	0,0	0,0	
XeWes	19	0,0	0,0	0,0	71,4	0,0	0,0	0,0	0,0	
XeWes	21	0,0	0,0	0,0	75,0	0,0	0,0	0,0	0,0	
XeWes	24	0,0	0,0	0,0	75,0	0,0	0,0	0,0	0,0	
XeWes	25	0,0	0,0	0,0	85,7	0,0	0,0	0,0	0,0	
XeWes	27	0,0	0,0	0,0	85,7	0,0	2,0	0,0	0,0	
XeWes	28	0,0	0,0	0,0	75,0	0,0	0,0	0,0	0,0	
XeWes	31	0,0	0,0	0,0	75,0	0,0	0,0	0,0	0,0	
XeWes	32	0,0	0,0	0,0	75,0	0,0	2,0	0,0	0,0	
XeWes	35	0,0	0,0	0,0	75,0	0,0	2,0	0,0	0,0	
XeWes	36	0,0	0,0	0,0	75,0	0,0	0,0	0,0	0,0	
XeWes	39	0,0	0,0	0,0	75,0	0,0	0,0	0,0	0,0	
XeWes	40	0,0	0,0	0,0	75,0	0,0	0,0	2,0	0,0	
XeWes	41	0,0	0,0	0,0	75,0	0,0	0,0	0,0	0,0	
XeWes	45	0,0	0,0	0,0	75,0	0,0	0,0	0,0	0,0	
XeWes	46	0,0	0,0	0,0	75,0	3,8	2,0	0,0	0,0	
XeWes	51	0,0	0,0	0,0	75,0	3,8	0,0	0,0	0,0	
XeWes	52	0,0	0,0	0,0	75,0	2,0	0,0	0,0	0,0	
XeWes	54	0,0	0,0	0,0	75,0	0,0	0,0	0,0	0,0	
XeWes	56	0,0	0,0	0,0	75,0	0,0	0,0	0,0	0,0	
XeWes	57	0,0	0,0	0,0	75,0	0,0	0,0	0,0	0,0	



Analysis of a bi-parental population

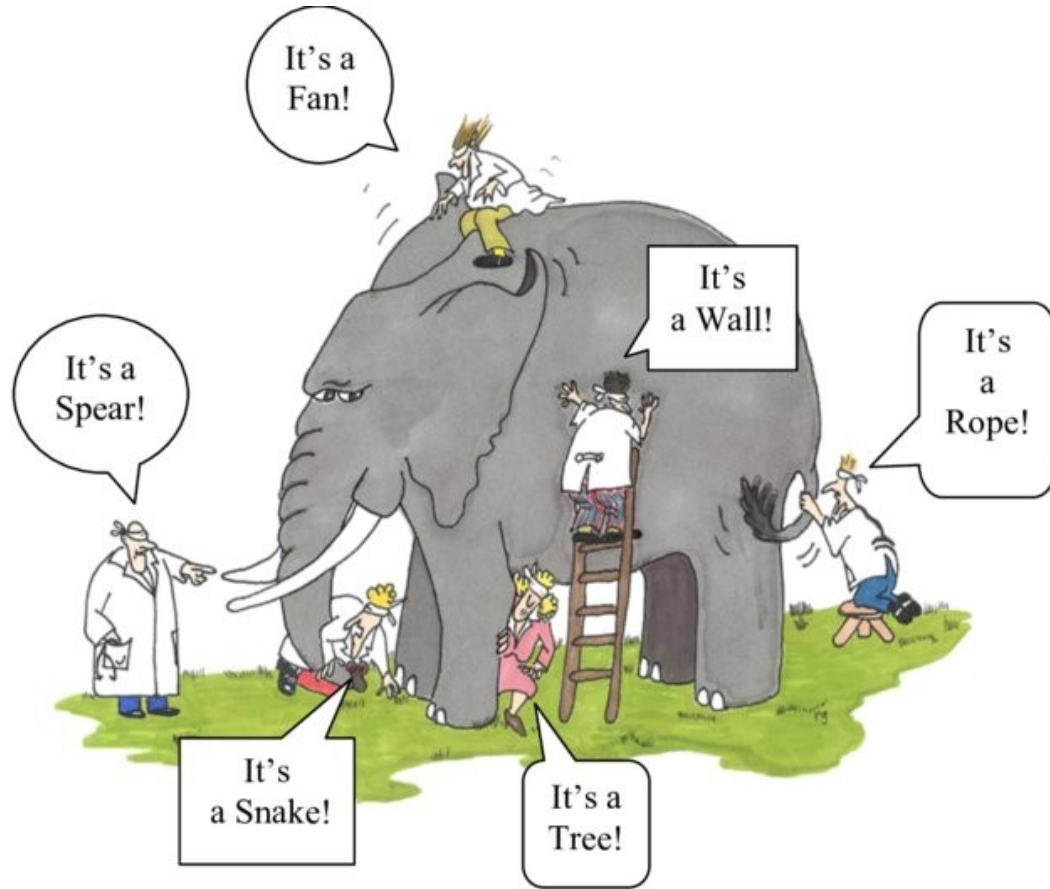
		Race-1	Race-2	Race-3	Race-4	Race-5	Race-6	Race-7	Race-8	
Pi554100		0,0	0,0	0,0	21,9	14,3	2,0	2,0	0,0	Bt7
CCP27		0,0	0,0	77,8	94,3	96,2	98,0	75,0	2,0	
Q*CharD*Bt11	10	0,0	0,0	0,0	90,0	85,7	94,3	14,3	2,0	
Q*CharD*Bt11	9	0,0	0,0	40,0	98,0	85,1	98,0	14,3	0,0	
CCP27*Ciavez	24	37,5	13,8	66,7	100,0	66,7	96,8	90,9	28,6	Bt0
CCP27*Ciavez	22	60,0	20,0	9,1	90,9	36,4	85,7	42,9	60,0	
CCP27*Ciavez	19	25,0	16,7	16,7	96,2	96,2	80,0	71,4	75,0	
NIL-10		0,0	0,0	0,0	37,5	0,0	0,0	0,0	37,5	Bt10
Tillexus		0,0	0,0	0,0	98,0	0,0	0,0	0,0	50,0	
XeWes	5A	0,0	0,0	0,0	50,0	0,0	0,0	0,0	0,0	Bt7
XeWes	5B	0,0	0,0	0,0	57,1	0,0	75,0	40,0	0,0	
XeWes	m.stak	0,0	0,0	2,0	66,7	37,5	33,3	2,0	3,2	
XeWes	m.stak	0,0	0,0	0,0	66,7	37,5	20,0	50,0	10,0	
XeWes	7D	0,0	0,0	0,0	80,0	37,5	50,0	40,0	0,0	
XeWes	10	0,0	0,0	2,0	75,0	0,0	0,0	0,0	0,0	Bt7 +Bt10
XeWes	15	0,0	0,0	0,0	75,0	0,0	0,0	0,0	0,0	
XeWes	19	0,0	0,0	0,0	71,4	0,0	0,0	0,0	0,0	
XeWes	21	0,0	0,0	0,0	75,0	0,0	0,0	0,0	0,0	
XeWes	24	0,0	0,0	0,0	75,0	0,0	0,0	0,0	0,0	
XeWes	25	0,0	0,0	0,0	85,7	0,0	0,0	0,0	0,0	
XeWes	27	0,0	0,0	0,0	85,7	0,0	2,0	0,0	0,0	
XeWes	28	0,0	0,0	0,0	75,0	0,0	0,0	0,0	0,0	
XeWes	31	0,0	0,0	0,0	75,0	0,0	0,0	0,0	0,0	
XeWes	32	0,0	0,0	0,0	75,0	0,0	2,0	0,0	0,0	
XeWes	35	0,0	0,0	0,0	75,0	0,0	2,0	0,0	0,0	
XeWes	36	0,0	0,0	0,0	75,0	0,0	0,0	0,0	0,0	
XeWes	39	0,0	0,0	0,0	75,0	0,0	0,0	0,0	0,0	
XeWes	40	0,0	0,0	0,0	75,0	0,0	0,0	2,0	0,0	
XeWes	41	0,0	0,0	0,0	75,0	0,0	0,0	0,0	0,0	
XeWes	45	0,0	0,0	0,0	75,0	0,0	0,0	0,0	0,0	
XeWes	46	0,0	0,0	0,0	75,0	3,8	2,0	0,0	0,0	
XeWes	51	0,0	0,0	0,0	75,0	3,8	0,0	0,0	0,0	
XeWes	52	0,0	0,0	0,0	75,0	2,0	0,0	0,0	0,0	
XeWes	54	0,0	0,0	0,0	75,0	0,0	0,0	0,0	0,0	
XeWes	56	0,0	0,0	0,0	75,0	0,0	0,0	0,0	0,0	
XeWes	57	0,0	0,0	0,0	75,0	0,0	0,0	0,0	0,0	

Now we can map both Bt10 and Bt7!

Phenotyping

- Mixed races are good for practical breeding, but for research, multiple purified races are needed to identify multi-gene resistances
- Good (and pure!) differential lines are needed to identify the virulence

Developing markers for MAS is all about associating different sources of information



- Phenotyping
 - avoid pseudo replicates
- Parental information
 - are they credible?
- Marker information
 - are the positions credible?
- Compare with differential lines

Gene postulation: BT7



			Bt	Bt	Bt	Vr-2	Vr10	Vr2	Vr-5	Vr-3	Vr-DOI	Vr-0	Vr-13	Bt	Bt	Bt	
			Revised Bt-gene postulation			Bt1	Bt2	Bt2	Bt1	Bt1	Bt1	Bt1	Bt1	Bt1	Expected Bt-genes		
						Bt1	Bt1	Bt1	Bt1	Bt1	Bt1	Bt1	Bt1				
Plot ID	Variety/cross	Selection no.															
1550	CCP27*Claveza	24	0			66.7	100.0	28.6	96.8	37.5	90.9	13.8	66.7	7			
1552	CCP27*Claveza	22	0			36.4	90.9	60.0	85.7	60.0	42.9	20.0	9.1	7			
1554	CCP27*Claveza	19	0			96.2	96.2	75.0	80.0	25.0	71.4	16.7	16.7	7			
1561	CCP27*Claveza	5	0			50.0	83.3	45.5	88.9	75.0	60.0	3.8	7.4	7			
1575	CCP26*Claveza	6	0			50.0	71.4	16.7	100.0	50.0	40.0	36.4	0.0	7			
1564	CCP27		7			96.2	94.3	2.0	98.0	0.0	75.0	0.0	77.8	7			
1584	CCP7*Claveza	4	7			60.0	96.2	0.0	93.0	0.0	3.8	0.0	24.2	7			
1560	CCP27*Claveza	10	7			55.6	95.2	0.0	88.9	0.0	50.0	0.0	60.0	7			
1551	CCP27*Claveza	23	7			72.7	94.3	0.0	85.7	0.0	42.9	2.4	10.7	7			
1559	CCP27*Claveza	11	7			66.7	98.0	0.0	85.7	0.0	66.7	0.0	40.0	7			
1562	CCP27*Claveza	3	7		hetero	37.5	90.9	0.0	85.7	0.0	80.0	0.0	33.3	7			
1556	CCP27*Claveza	15	7			50.0	96.2	0.0	80.0	0.0	40.0	0.0	9.1	7			
1553	CCP27*Claveza	21	7			77.8	88.9	0.0	75.0	0.0	22.2	0.0	12.3	7			
1558	CCP27*Claveza	13	7			75.0	98.0	0.0	75.0	0.0	50.0	0.0	50.0	7			
1563	CCP27*Claveza	1	7			33.3	96.2	0.0	75.0	0.0	40.0	0.0	60.0	7			
1555	CCP27*Claveza	16	7			72.7	96.2	0.0	71.4	0.0	66.7	0.0	13.8	7			
1549	CCP27*Claveza	26	7			83.3	90.9	0.0	60.0	0.0	50.0	2.0	50.0	7			
1576	CCP26*Claveza	5	7			50.0	100.0	0.0	60.0	0.0	5.7	0.0	2.0	7			
1582	CCP7*Claveza	6	7			66.7	88.9	0.0	42.9	0.0	15.1	0.0	12.3	7			
1583	CCP7*Claveza	5	7			66.7	88.9	0.0	42.9	0.0	5.7	0.0	10.7	7			
1586	CCP7*Claveza	2	7			55.6	36.4	0.0	42.9	0.0	0.0	0.0	7.4	7			
1578	CCP26*Claveza	3	7			42.9	75.0	2.0	33.3	0.0	9.1	0.0	5.7	7			
1574	CCP26*Claveza	7	7			42.3	66.7	0.0	13.8	0.0	0.0	0.0	2.0	7			
1548	CCP27*Claveza	27	7		hetero	83.3	88.9	0.0	11.8	0.0	5.7	0.0	40.0	7			
1571	CCP26*Claveza	10	7			90.9	66.7	0.0	11.8	0.0	2.0	0.0	2.0	7			
1577	CCP26*Claveza	4	7			40.0	62.5	2.0	11.1	0.0	2.0	0.0	0.0	7			
1573	CCP26*Claveza	8	7			50.0	50.0	0.0	9.1	0.0	0.0	0.0	2.0	7			
1580	CCP26*Claveza	1	7			28.6	42.9	0.0	7.4	0.0	2.0	0.0	2.0	7			
1566	CCP26*Claveza	15	7			87.0	60.0	0.0	2.4	0.0	0.0	0.0	0.0	7			
1587	CCP7*Claveza	1	2	+		40.0	2.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	7			
1568	CCP26*Claveza	13	7			50.0	75.0	0.0	0.0	0.0	7.4	0.0	2.0	7			
1581	CCP7*Claveza	7	7			75.0	80.0	0.0	88.9	2.0	25.0	0.0	13.8	7			
1585	CCP7*Claveza	3	7		hetero	40.0	88.9	0.0	60.0	2.0	5.7	0.0	10.7	7			
1579	CCP26*Claveza	2	7			50.0	28.6	3.8	33.3	4.8	2.4	0.0	2.0	7			
1557	CCP27*Claveza	14	7			60.0	94.3	5.7	85.7	5.7	60.0	3.8	54.5	7			
1569	CCP26*Claveza	12	7			23.1	25.0	0.0	10.7	66.7	30.0	3.2	2.0	7			
1565	CCP26*Claveza	16	?			42.9	16.7	2.0	57.1	80.0	33.3	0.0	0.0	7			
1572	CCP26*Claveza	9	?			0.0	0.0	0.0	22.2	40.0	30.0	9.1	0.0	7			

Bt0

error: Bt2

Gene postulation: BT2

			Bt	Bt	Bt		Vr-2	Vr10	VrZ	Vr-5	Vr-3	Vr-DO1	Vr-U	Vr-13	Bt	Bt	Bt
							0,0	BtZ	BtZ	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0			
							0,0	Bt10	Bt10	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0			
							Bt7	Bt7	0,0	Bt7	0,0	Bt7	0,0	0,0			
							0,0	0,0	Bt6	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0			
							0,0	0,0	0,0	Bt5	0,0	0,0	0,0	0,0			
							0,0	0,0	Bt4	20,0	0,0	0,0	0,0	0,0			
							0,0	0,0	0,0	0,0	Bt3	0,0	0,0	0,0			
							Bt2	Bt2	0,0	Bt2	Bt2	Bt2	Bt2	0,0			
							Bt1	Bt1	0,0	Bt1	0,0	Bt1	0,0	0,0			
Plot ID	Variety/cross	Self															
1706	Chile 17 Amy*CH13762*Skagen -15	0				hetero	88,9	96,2	80,0	80,0	98,0	55,6	60,0	50,0	2		
1714	Chile 17 Amy*CH13762*Skagen -23	0				hetero	88,9	92,6	50,0	50,0	83,3	70,0	60,0	13,0	2		
1720	Chile 17 Amy*CH13762*Skagen -31	2		+		hetero	11,1	16,7	0,0	4,3	0,0	0,0	0,0	4,8	2		
1696	Chile 17 Amy*CH13762*Skagen -	1	2				80,0	60,0	0,0	33,3	0,0	7,4	0,0	40,0	2		
1697	Chile 17 Amy*CH13762*Skagen -	2	2				80,0	75,0	0,0	70,0	0,0	7,4	0,0	3,8	2		
1698	Chile 17 Amy*CH13762*Skagen -	3	2				80,0	75,0	0,0	60,0	0,0	16,7	0,0	10,7	2		
1699	Chile 17 Amy*CH13762*Skagen -	4	2				62,5	80,0	0,0	2,8	0,0	16,7	2,0	5,7	2		
1700	Chile 17 Amy*CH13762*Skagen -	5	2			hetero	71,4	100,0	0,0	40,0	0,0	19,4	0,0	19,4	2		
1701	Chile 17 Amy*CH13762*Skagen -	6	2				77,8	88,9	0,0	66,7	0,0	16,7	0,0	40,0	2		
1702	Chile 17 Amy*CH13762*Skagen -	7	2				75,0	84,9	0,0	37,5	0,0	11,8	0,0	16,7	2		
1703	Chile 17 Amy*CH13762*Skagen -	8	2				88,9	87,5	0,0	50,0	0,0	42,9	0,0	33,3	2		
1704	Chile 17 Amy*CH13762*Skagen -	9	2			hetero	85,7	78,9	0,0	55,6	0,0	9,1	0,0	25,0	2		
1705	Chile 17 Amy*CH13762*Skagen -14	2					88,9	88,9	0,0	37,5	0,0	23,1	0,0	40,0	2		
1707	Chile 17 Amy*CH13762*Skagen -16	2				hetero	71,4	95,2	2,0	75,0	0,0	50,0	0,0	40,0	2		
1708	Chile 17 Amy*CH13762*Skagen -17	2					80,0	100,0	0,0	24,1	0,0	60,0	2,0	40,0	2		
1709	Chile 17 Amy*CH13762*Skagen -18	2					75,0	93,0	0,0	50,0	6,3	66,7	0,0	40,0	2		
1710	Chile 17 Amy*CH13762*Skagen -19	2				hetero	80,0	93,8	0,0	71,4	0,0	66,7	2,4	20,0	2		
1711	Chile 17 Amy*CH13762*Skagen -20	2				hetero	87,0	90,9	0,0	50,0	0,0	7,4	0,0	33,3	2		
1712	Chile 17 Amy*CH13762*Skagen -21	2				hetero	75,0	90,9	0,0	50,0	0,0	7,9	0,0	40,0	2		
1713	Chile 17 Amy*CH13762*Skagen -22	2				hetero	85,7	80,0	0,0	50,0	0,0	9,1	0,0	9,1	2		
1715	Chile 17 Amy*CH13762*Skagen -24	2					86,2	88,9	0,0	16,7	0,0	5,7	0,0	40,0	2		
1716	Chile 17 Amy*CH13762*Skagen -26	2					66,7	88,9	0,0	25,0	0,0	0,0	0,0	5,7	2		
1717	Chile 17 Amy*CH13762*Skagen -27	2					90,9	88,9	0,0	60,0	0,0	13,8	0,0	3,8	2		
1718	Chile 17 Amy*CH13762*Skagen -28	2					87,7	95,2	0,0	60,0	0,0	12,3	0,0	12,3	2		
1719	Chile 17 Amy*CH13762*Skagen -29	2					88,9	95,2	0,0	77,8	0,0	9,1	0,0	9,1	2		
1721	Chile 17 Amy*CH13762*Skagen -35	2				hetero	85,7	50,0	0,0	50,0	0,0	13,8	2,0	10,0	2		
1722	Chile 17 Amy*CH13762*Skagen -36	2					50,0	42,9	0,0	57,1	0,0	16,7	0,0	10,7	2		
1723	Chile 17 Amy*CH13762*Skagen -37	2					83,3	80,0	0,0	83,3	0,0	60,0	0,0	20,0	2		
1724	Chile 17 Amy*CH13762*Skagen -38	2					84,8	94,3	5,7	33,3	0,0	50,0	0,0	5,7	2		
1725	Chile 17 Amy*CH13762*Skagen -41	2					66,7	42,9	0,0	33,3	0,0	0,0	0,0	2,0	2		

Bt0

Bt2

Gene postulation

BT13

Plot ID	Variety/cross	Selection no.	Bt			Vr-2	Vr10	VrZ	Vr-5	Vr-3	Vr-DOI	Vr-0	Vr-13	Expected Bt-genes		
			Bt	Bt	Bt									Bt	Bt	Bt
						0,0	BtZ	BtZ	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0			
						0,0	Bt10	Bt10	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0			
						Bt7	Bt7	0,0	Bt7	0,0	Bt7	0,0	0,0			
						0,0	0,0	Bt6	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0			
						0,0	0,0	0,0	Bt5	0,0	0,0	0,0	0,0			
						0,0	0,0	Bt4	20,0	0,0	0,0	0,0	0,0			
						0,0	0,0	0,0	0,0	Bt3	0,0	0,0	0,0			
						BtZ	BtZ	0,0	BtZ	BtZ	BtZ	BtZ	0,0			
						Bt1	Bt1	0,0	Bt1	0,0	Bt1	0,0	0,0			
1539	S*Th*Cia purpur	10C	0			50,0	55,6	0,0	62,5	42,9	37,5	75,0	12,5	7	13	
1524	Segor*Thule-III*Ciaveza	27	7			75,0	80,0	0,0	0,0	0,0	2,0	0,0	7,4	7	13	
1525	Segor*Thule-III*Ciaveza	26	7			88,9	100,0	0,0	57,1	0,0	42,9	0,0	40,0	7	13	
1527	Segor*Thule-III*Ciaveza	23	7			75,0	100,0	0,0	4,8	0,0	9,1	0,0	0,0	7	13	
1528	Segor*Thule-III*Ciaveza	22	7		hetero	66,7	96,0	0,0	28,6	0,0	0,0	0,0	9,1	7	13	
1530	Segor*Thule-III*Ciaveza	20	7			66,7	100,0	0,0	75,0	0,0	7,4	0,0	9,1	7	13	
1531	Segor*Thule-III*Ciaveza	19	7			75,0	88,9	0,0	16,7	0,0	0,0	0,0	0,0	7	13	
1534	Segor*Thule-III*Ciaveza	16	7			33,3	66,7	0,0	3,2	0,0	0,0	0,0	3,8	7	13	
1536	Segor*Thule-III*Ciaveza	13	7			66,7	66,7	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	3,8	7	13	
1537	Segor*Thule-III*Ciaveza	12	7			50,0	66,7	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	4,8	7	13	
1538	Segor*Thule-III*Ciaveza	11	7			60,0	66,7	0,0	3,8	0,0	4,8	0,0	4,8	7	13	
1543	Segor*Thule-III*Ciaveza	5	7			83,3	85,7	0,0	11,8	0,0	0,0	0,0	16,7	7	13	
1532	Segor*Thule-III*Ciaveza	18	13	7	hetero	0,0	3,8	0,0	2,0	0,0	0,0	0,0	0,0	7	13	
1526	Segor*Thule-III*Ciaveza	24	13		hetero	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	16,7	7	13	
1529	Segor*Thule-III*Ciaveza	21	13			0,0	5,7	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	9,1	7	13	
1533	Segor*Thule-III*Ciaveza	17	13			0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	13,8	7	13	
1535	Segor*Thule-III*Ciaveza	14	13		hetero	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	12,3	7	13	
1540	S*Th*Cia hårde	10B	13			0,0	12,5	0,0	0,0	2,0	2,4	14,9	7	13		
1541	S*Th*Cia bløde	10A	13			0,0	3,2	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	9,1	7	13	
1542	Segor*Thule-III*Ciaveza	6	13			2,0	2,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	9,1	7	13	
1544	Segor*Thule-III*Ciaveza	4	13			0,0	2,0	0,0	0,0	0,0	3,8	0,0	23,1	7	13	
1545	Segor*Thule-III*Ciaveza	3	13			0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	4,8	7	13	
1546	Segor*Thule-III*Ciaveza	2	13			0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	16,7	7	13	
1547	Segor*Thule-III*Ciaveza	1	13			0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	2,0	0,0	8,2	7	13	

error: Bt0?

Bt7

Bt13

Plot ID	Variety/cross	Selection no.	Bt			Vr-2	Vr10	VrZ	Vr-5	Vr-3	Vr-DOI	Vr-0	Vr-13	Expected Bt-genes		
			Bt	Bt	Bt									Bt	Bt	Bt
						0,0	BtZ	BtZ	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0			
						0,0	Bt10	Bt10	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0			
						Bt7	Bt7	0,0	Bt7	0,0	Bt7	0,0	0,0			
						0,0	0,0	Bt6	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0			
						0,0	0,0	0,0	Bt5	0,0	0,0	0,0	0,0			
						0,0	0,0	Bt4	20,0	0,0	0,0	0,0	0,0			
						0,0	0,0	0,0	0,0	Bt3	0,0	0,0	0,0			
						BtZ	BtZ	0,0	BtZ	BtZ	BtZ	BtZ	0,0			
						Bt1	Bt1	0,0	Bt1	0,0	Bt1	0,0	0,0			
1624	Thule III* Tarso selektioner	E	2			0,0	0,0	0,0	62,5	0,0	34,2	0,0	0,0	13	2	
1625	Thule III* Tarso selektioner	D	2			0,0	2,0	0,0	75,0	0,0	40,0	0,0	0,0	13	2	
1628	Thule III* Tarso selektioner	A	2			0,0	0,0	0,0	83,3	0,0	50,0	0,0	0,0	13	2	
1626	Thule III* Tarso selektioner	C	2			0,0	0,0	0,0	71,4	0,0	11,1	0,0	0,0	13	2	
1621	Thule III* Tarso selektioner	H	13	7		0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	13	2	
1622	Thule III* Tarso selektioner	G	13	7		0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	13	2	
1623	Thule III* Tarso selektioner	F	13	7		0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	6,3	13	2	
1627	Thule III* Tarso selektioner	B	13	7	hetero	0,0	0,0	3,8	0,0	11,8	0,0	2,4	2,0	13	7	

Bt2

Bt13+Bt2

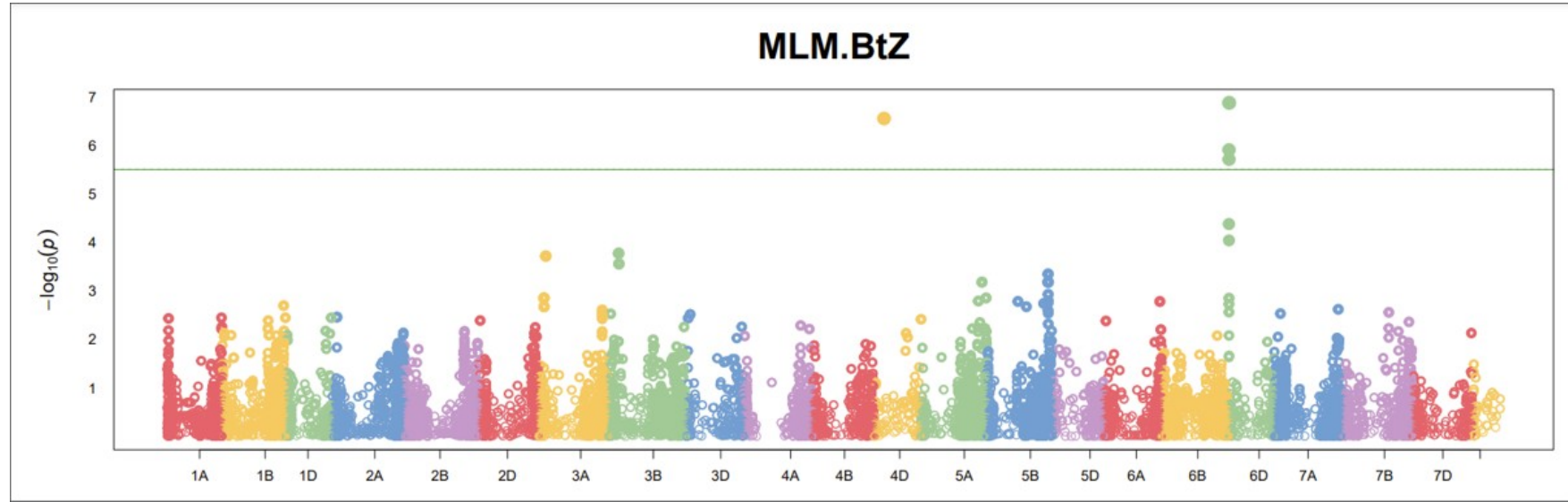
Conclusion on phenotyping

- R-genes can be identified by the reaction to virulent and avirulent races
- A few known genes are unintended present in commercial European germplasm (Bt2, Bt5, Bt7)
- Concluding gene postulation based on virulence pattern (and pedigree), and NOT by infection level

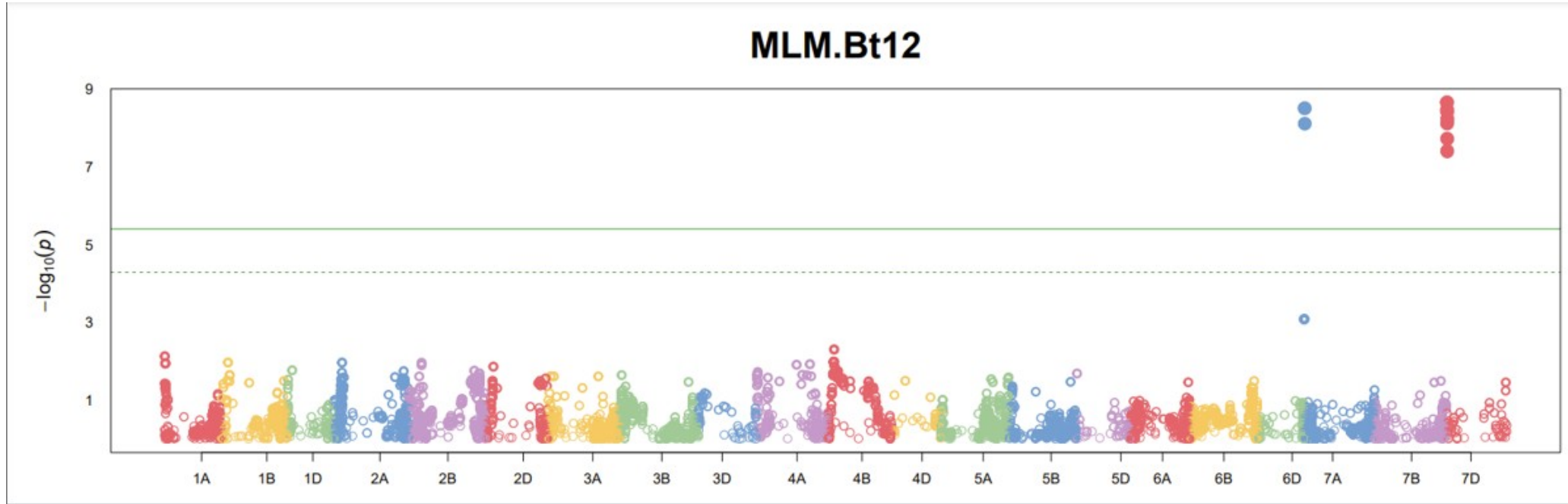
Statistical analysis

- Gene postulation based on phenotyping and parental information
- GWAS to identify an approximate position
- Critical analysis of physical positions of significant markers
- Fine mapping to identify recombination and decrease the interval
- Validating the markers in other more diverse material
- Revised gene postulation based on fine mapping results

Manhattan plot of lines postulated with BT-Z



Manhattan plot of lines postulated with BT12



Resistant parent
Offspring line
Susceptible parent

	6256 M	M72-1250	Awned Elgin 2	
Excalibur_c36630_2194	T	C	C	Awned Elgin 2
Tdurum_contig92931_882	T	T	T	Mono
BS00021986_51	G	G	G	Mono
BS00022047_51	A	A	A	Mono
GENE-2528_709	C	C	C	Mono
IAAV971	C	C	C	Mono
Tdurum_contig6153_192	C	C	C	Mono
Kukri_rep_c109150_333	C	C	C	Mono
GENE-2621_193	G	G	T	6256 M
w SNP_Ex_c8913_14881924	A	A	A	Mono
BobWhite_c44691_648	A	A	A	Mono
Tdurum_contig81797_369	C	C	C	Mono
BS00023431_51	G	G	G	Mono
Tdurum_contig32577_286	A	A	G	6256 M
Kukri_c23070_350	C	A	A	Awned Elgin 2

Bt8 flanking markers for gene identification

Bt8 haplotype markers

potential Bt8 KASP markers

Variety	Type	Breeder	Year of release	Seed Company	Resistance Gene(s)
Apostel	Winter	IG-Pflanzenzucht			Bt5
Aristaro	Winter	Landbauschule Dottenfelderhof eV	2016	Bioland Handelsgesellschaft	Bt9+
Axano JB Asano???	Winter	Saatzücht Donau	2020	RWA Austria	Bt5
Bosporus	Winter	Breun			Bt5
Brandex (OHM)	Winter	Landbauschule Dottenfelderhof eV	2022	Bioland Handelsgesellschaft	Bt7
Bussard	Winter	KWS	1990		Bt2
Butaro	Winter	Landbauschule Dottenfelderhof eV	2009	Bioland Handelsgesellschaft	Bt2
Curier	Winter	Landbauschule Dottenfelderhof eV	2019	Bioland Handelsgesellschaft	
Festival	Winter	Lantmännen			Bt8+Bt9?
Fiorina	Spring	Agroscope	2001	Delley Samen und Pflanzen AG	Bt7
Florian	Winter	SaatenUnion			??
Fritop	Winter	Cultivari		Nordic Seed	BtZ+?
Genius	Winter	SaatenUnion		Nordsaat Saatzüchtgesellschaft GmbH	Bt5
Grannosos	Winter	Landbauschule Dottenfelderhof eV	2020	Bioland Handelsgesellschaft	Bt2
Graziaro	Winter	Landbauschule Dottenfelderhof eV	2016	Bioland Handelsgesellschaft	BtZ
Hallfreda	Winter	Lantmännen			Bt8+Bt9?
LG Initial	Winter	Limagrain Europe S.A.			Bt5
Liocharls (OHM)	Winter	Landbauschule Dottenfelderhof eV	2022	Bioland Handelsgesellschaft	Bt7
Mariagertoba (OHM)	Spring	Agrologica	2022	Landsorten	Bt7
Popkorn (OHM)	Winter	Agrologica	2022	Landsorten	Mixed resistance
Quarna	Spring	Agroscope	2002	Delley Samen und Pflanzen AG	Bt7
Roderik	Winter	Cultivari		Oeko-Korn-Nord, Germany	Bt7
Sailor	Winter	Agroscope	2015	Delley Samen und Pflanzen AG	Bt7
Sarastro	Winter	Cultivari		Oeko-Korn-Nord, Germany	BtZ
Segor	Spring	Agroscope	2002	Delley Samen und Pflanzen AG	Bt7
Spontan	Winter	Limagrain Europe S.A.			Bt5
Stava	Winter	Lantmännen	1990		Bt8+Bt9
SW Magnifik	Winter	Lantmännen			??
Thomaro	Winter	Landbauschule Dottenfelderhof eV	2018	Bioland Handelsgesellschaft	Bt7
Tillexus	Winter	Saatzücht Donau	2018	Saatbau Linz	Bt10
Tilliko	Winter	Cultivari		RWA Austria	BtZ
Tillsano	Winter	Saatzücht Donau	2020	Probstdorfer Saatzücht	Bt5
Tillstop	Winter	Saatzücht Donau		Probstdorfer Saatzücht	Bt10
Trebelir	Winter	Cultivari		Oeko-Korn-Nord, Germany	Bt7
WPB Calgary	Winter	Wiersum PB			Bt5

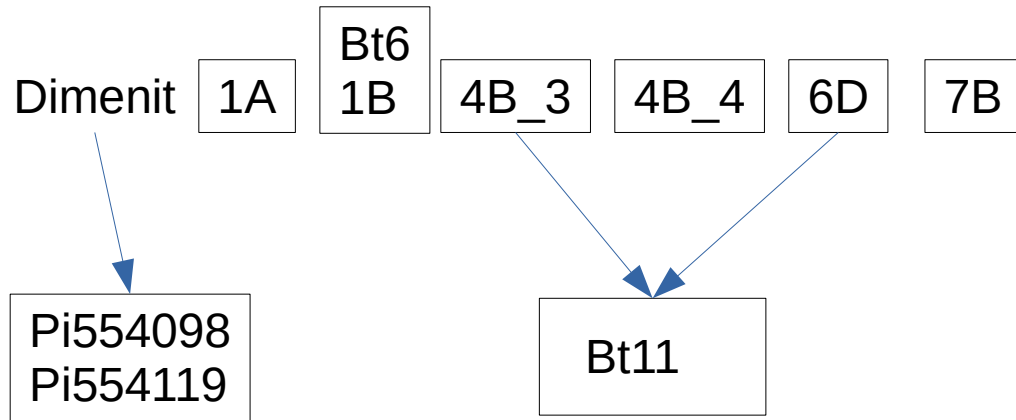
European resistance breeding

5-7 genes actively used:
Bt2, Bt5, Bt7, Bt9(+8?), Bt10/Z

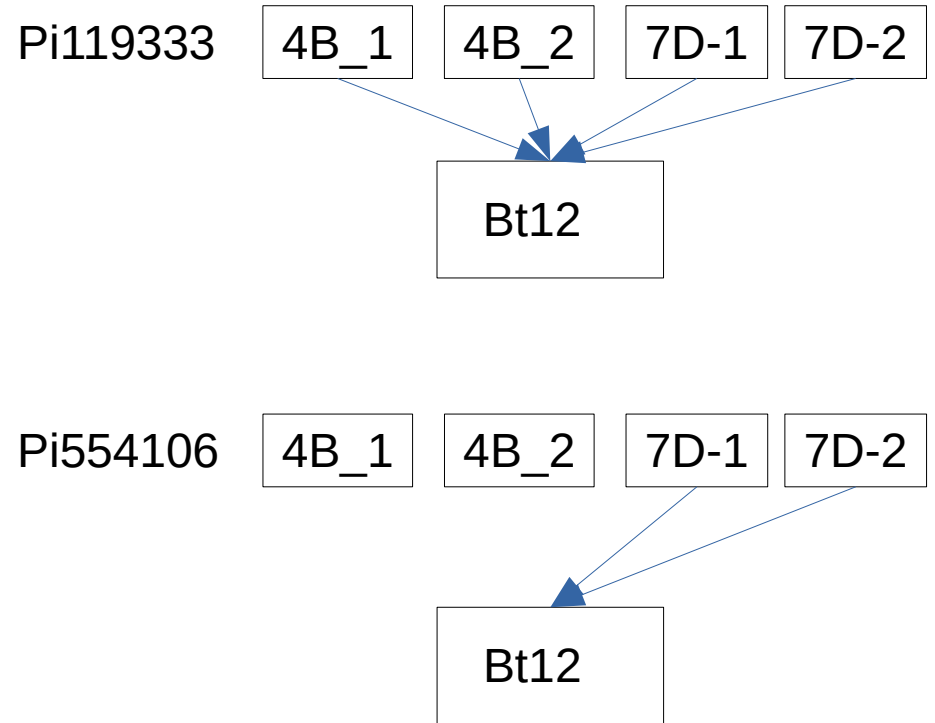
The good old genes...

Gene	Chromosome	Min [bp]	Max [bp]	Interval Size [bp]	Quality of Mapping
Bt1	2B	799.983.180	811.026.211	11.043.031	Medium
Bt2	1D	Unknown	Unknown	Unknown	Very Poor
NB: Maybe 2 genes at 1D. Phenotypic identical with BtQ at 7A					
Bt3	1A	498.451.021	506.854.738	8.403.717	Medium
Bt4	1B	21.384.123	28.019.546	6.635.423	Very Poor
NB: Bt4 maybe identical to Bt6					
Bt5	1B	123.383.762	265.108.595	141.724.833	Medium
NB: Diff. line Hohenheimer has two genes at 1B					
Bt6	1B	16.381.367	28.018.966	11.637.599	Good
Bt7	2D	621.068.156	624.830.049	3.761.893	Good
Bt8	4B	41.520.146	50.121.457	8.601.311	Poor
Bt9	6D	490.336.412	491.341.666	1.005.254	Good
Bt10	6D	1.769.916	3.642.206	1.872.290	Medium
NB: Bt10 maybe identical to BtZ					

Bt11



Bt12

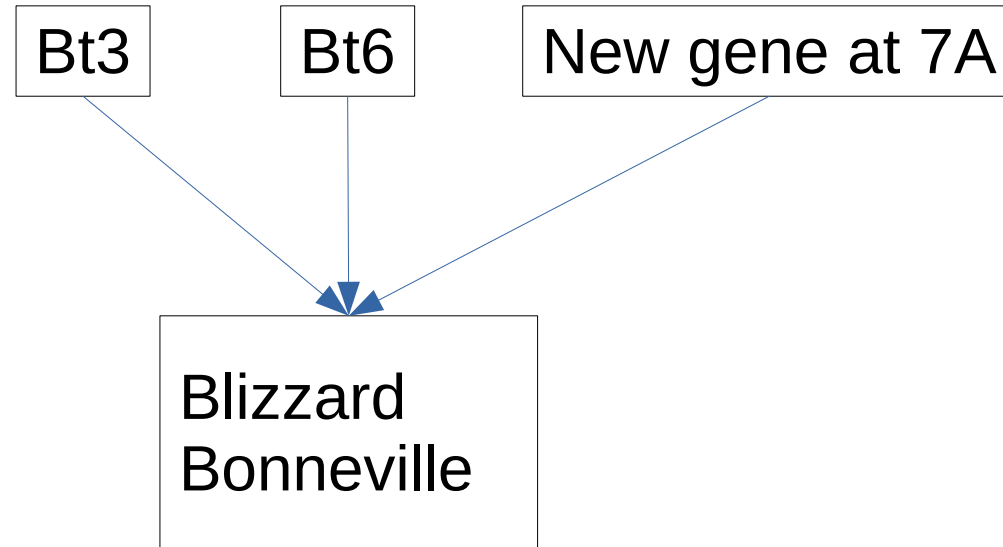


Bt13

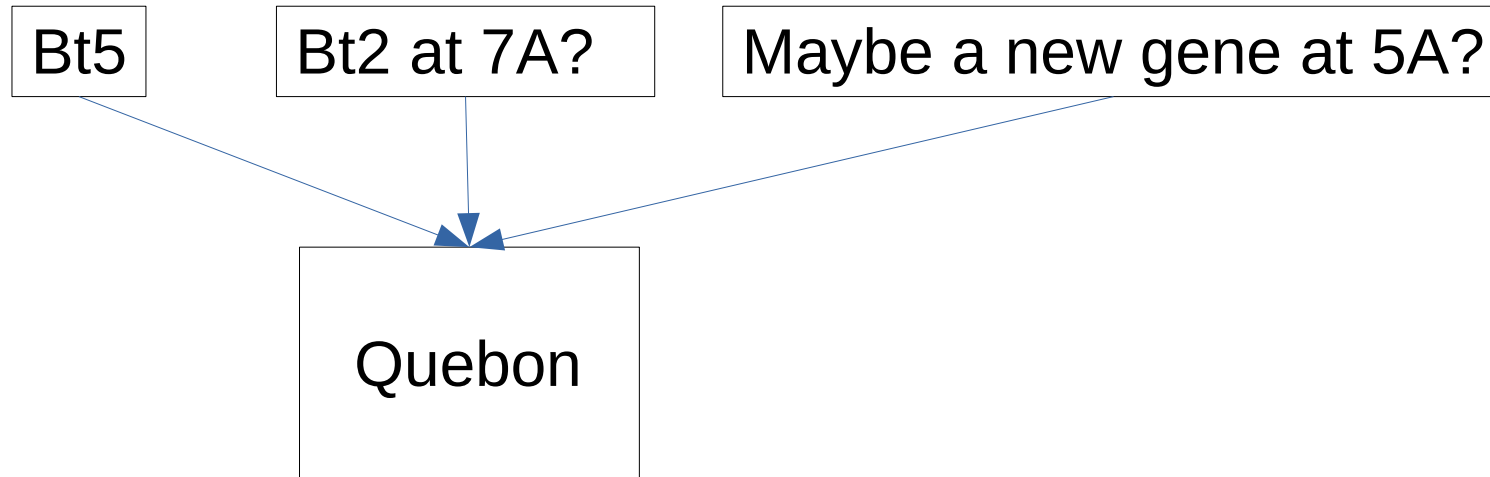
				Interval	
Gene	Chromosome	Min [bp]	Max [bp]	Size [bp]	Quality of Mapping
Bt13	7D	5.005.482	5.661.151	655.669	Medium

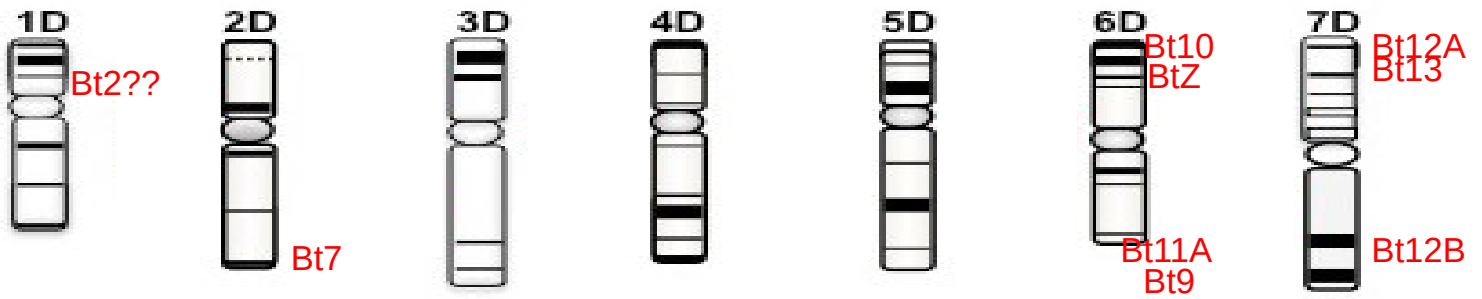
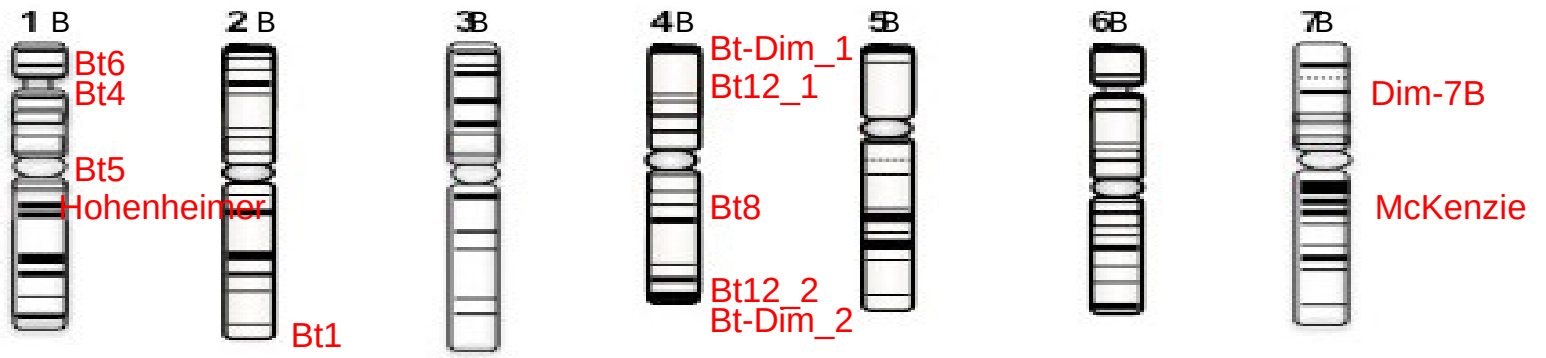
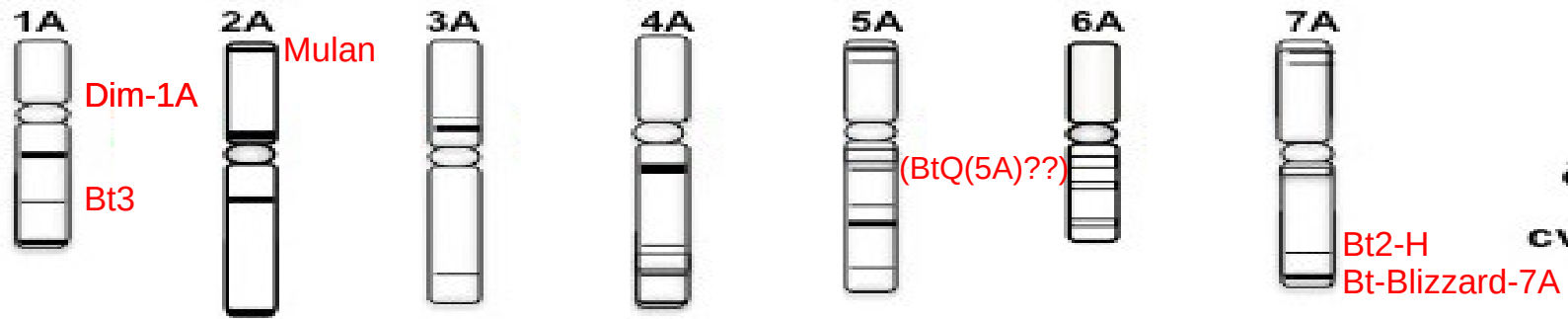
Differential line Thule III is a bad name

Blizzard resistance



Quebon resistance





BtP?
 Bt-Erythospermum?
 Bt-Lutescens?
 Bt-Carlton?
 Hope??
 Doubbi?

CV

Yet to be exploited

- Bt14 Carlton
- Bt15 Doubbi
- BtP
- Tranlocation Erythospermum 5221
- Tranlocation Lutescens 6028
- Tranlocation 1AL(1RS)
- Hope resistance
- CDC Go gene identified by Iqbal et al. at 1B
- Possible new genes in:
 - Mariboss
 - Konsul
 - Mariann -
 - Sigynn II

What about QTLs and genomic selection?

- Long time goal
- It may be possible if you have:
 - many virulence races to exclude all Bt-genes
 - different environmental conditions
 - lots of true replicates
 - in spore application
 - seed vitality
 - 100% pure lines

the way ahead

- Breeding:
 - Use a diversity of resistance genes to avoid future virulence
 - Pyramiding genes into commercial varieties can already start with current knowledge
- Research
 - Develop new RIL populations from parents with polymorphism in the target areas
 - Develop new races with specific virulence

New differential set

- Avoid lines with multiple resistance genes
 - ~~– Hohenheimer (Bt5)~~
 - ~~– Pi554098 and Pi554119 (Bt11)~~
 - ~~– Pi119333 and Pi554106 (Bt12)~~

Conclusion

- Maybe, no single genes are not 100% safe in Europe
- Pyramiding 2-3 selected genes are safe
- Many good genes are available for MAS breeding
 - (Bt1, Bt3, Bt6, Bt7, Bt8, Bt9, Bt10, Bt13, Bt11_4B, Bt11_6D)
 - in reasonable adapted material
 - genes can be tracked using haplotype analysis



UNITING
THE ORGANIC WORLD

Tank you for your attention
and please let us cooperate on this