

Flugbrand bei Gerste- wie kommt man zu resistenten Sorten?

Markus Herz¹, Annika Ebbighausen¹, Magdalena Hanusch¹, Bianca Büttner¹, Günther Schweizer¹, Karl-Josef Müller²

1) Bayerische Landesanstalt für Landwirtschaft, Institut für Pflanzenbau und Pflanzenzüchtung, Freising, 2) Cultivari Getreidezüchtungsforschung Darzau gGmbH

Keywords: Gerste, Flugbrand, Resistenz, Züchtung.

Abstract

The only way to reduce infestation of loose smut in barley is through the development of resistant varieties. Among the two resistance genes, UN 6 and UN 8, only UN 6 is present in a few varieties. Various monitoring efforts for variety tolerance have identified some varieties with a certain degree of resistance. Targeted selection is extremely labor-intensive, as the pathogen reacts differently to environmental conditions and requires quarantine measures within the greenhouse to detect infestations. However, most of the current varieties do not possess specific tolerance to loose smut. Results from previous projects and state of the development of tolerant varieties at the LfL is presented.

Einleitung und Zielsetzung

Als samenbürtige Krankheit hat der Flugbrand (*Ustilago nuda*) in Gerste nicht nur eine Bedeutung für Ertrag und Qualität, sondern spielt auch in der Saatgutvermehrung eine wichtige Rolle. Eine wirksame Saatgutbehandlung ist bis jetzt nicht möglich. Daher ist die einzige Möglichkeit, den Befall mit Flugbrand zu reduzieren die Entwicklung resistenter Sorten. Von den beiden am besten charakterisierten Resistenzgenen *UN 6* (Zang et al., 2015) und *UN 8* (Gabor et al., 1987) ist in nur *UN 6* in wenigen Sorten vertreten (Müller et al., 2006). Eine gezielte Selektion ist extrem aufwändig, da der Erreger auf die Umweltbedingungen unterschiedlich reagiert und auch im Gewächshaustest zwei Generationen notwendig sind, um den Befall feststellen zu können. Neuere Sorten tragen derzeit keine spezielle Toleranz gegenüber dem Flugbrand. In verschiedenen Forschungsprojekten und Zuchtprogrammen wurde an der LfL seit 2009 versucht, Methoden zur Selektion zu etablieren und Flugbrandtoleranz in Zuchtmaterial zu übertragen. Darüber hinaus sollte mittels qPCR die Entwicklung des Pilzes während des Pflanzenwachstums verfolgt werden.

Methoden

Untersucht wurde ein Sommergersten Sortiment aus 82 Resistenzdonoren sowohl im Feldversuch als auch mit künstlicher Inokulation im Gewächshaus. Die Infektion wurde mit Modifikationen nach Poehlmann (1945) durchgeführt. Das Donorensortiment wurde mit drei vorhandenen molekulargenetischen Markern untersucht. Zwei *Un8*-Marker wurden aus den von Zang et al. (2015) publizierten Sequenzen abgeleitet. Ein *Un6*-Marker wurde in früheren Projekten an der LfL entwickelt. Ein weiterer *Un6*-Marker, EBmac541 wurde mit einer anderen Population entwickelt und ist bislang noch nicht validiert. Darüber hinaus wurde das Donorensortiment auch mittels 50K Illumina Infinium Chip (Trait-Genetics GmbH) getestet und eine Genomweite Assoziationsstudie (GWAS) durchgeführt.

Der Befallsverlauf der Infektion wurde an einzelnen Pflanzen mittels quantitativer PCR (qPCR) nach der Methode von Wunderle et al. (2012) durchgeführt. Ziel war es, festzustellen, in welchen Pflanzenteilen die Anwesenheit des Pilzes feststellbar ist.

Ergebnisse und Diskussion

Die Selektion auf Flugbrandtoleranz in Gerste bleibt langwierig und kompliziert. Dies liegt zum einen daran, dass für eine Befallsbewertung zwei Generationen notwendig sind und zum anderen, dass sich der Pilz in den Pflanzen in Abhängigkeit von den Wachstumsbedingungen nicht immer gleich verhält.

Mehrere Sorten und Genbankakzessionen stehen als Donoren für die Nutzung in der Pflanzenzüchtung zur Verfügung. Die Ergebnisse der GWAS mit einer relativ kleinen Population geben gute Anhaltspunkte zu relevanten Genomregionen, müssen aber noch statistisch abgesichert werden. Mittels Experimentalpopulationen besteht die Möglichkeit, die Marker zu validieren und zusätzliche, enger gekoppelte Marker für das Resistenzgen *UN 6* zu identifizieren. Die an der LfL entwickelten Marker können für die Selektion innerhalb von speziellen Kreuzungsnachkommenschaften genutzt werden, sind aber nicht diagnostisch.

Die qPCR-Methode eignet sich gut, um den Befallsverlauf zu dokumentieren. Unterschiede im Befallsverlauf der eingesetzten Genotypen und Pilzherkünfte waren nicht detektierbar. Die Methode könnte eingesetzt werden, um den Befall im Feld oder im Gewächshautest frühzeitig festzustellen und damit Zeit und Ressourcen zu sparen.

Schlussfolgerungen

Es gibt Grund zu der Annahme, dass unterschiedliche Reaktionen der Genotypen auf die künstliche Infektion durch unterschiedliche Rassen des Flugbranderreger bedingt sind. Um in der Resistenzzüchtung Fortschritte zu erzielen, wäre es notwendig, die regionale Verteilung durch ein Screening der Verteilung verschiedener Pilzrassen über Deutschland hinweg zu untersuchen. Darüber hinaus könnten durch ein Screening weiterer Genbankherkünfte mehr Donoren für die Züchtung zugänglich gemacht werden.

Danksagung

Die Autoren bedanken sich für die hervorragende und engagierte technische Unterstützung bei Alfred Barth, Alexandra Jestadt und Joni-Anna Mierowski.

Literatur

- Gabor BK and Thomas PL (1987). Un8 allele for loose smut resistance associated with necrosis in embryos of infected barley. *Phytopathology*, 77(4), 533-538.
- Mueller KJ (2006). Susceptibility of German spring barley cultivars to loose smut populations from different European origins *Eur J Plant Pathol* 116: 145. <https://doi.org/10.1007/s10658-006-9049-9>
- Poehlmann JM (1945) A simple method of inoculating barley with loose smut. *Phytopathology* 35 (8). 640-644
- Wunderle JU, Leclercque A, Schaffrath U, Slusarenko A and Koch E (2012). Assessment of the loose smut fungi (*Ustilago nuda* and *U. tritici*) in tissues of barley and wheat by fluorescence microscopy and real-time PCR. *European journal of plant pathology*, 133(4), 865-875.
- Zang W, Eckstein PE, Colin M, Voth D, Himmelbach A, Beier, S., Stein, N., Scoles, G.J. & Beattie, A. D. (2015). Fine mapping and identification of a candidate gene for the barley Un8 true loose smut resistance gene. *Theoretical and applied genetics*, 128(7), 1343-1357.