

Krankheitsresistenz klimaangepasster Gerstensorten

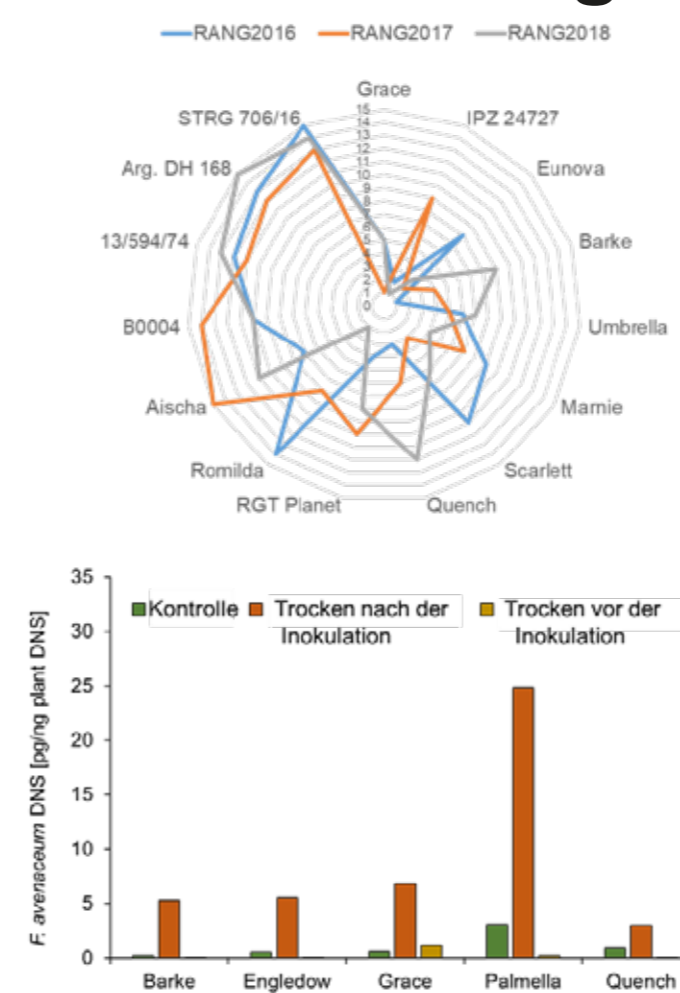
Hückelhoven R., Hoheneder F., Coleman A., Heß M.

Lehrstuhl für Phytopathologie, Wissenschaftszentrum Weihenstephan, Technische Universität München, 85354 Freising

Hintergrund und Zielstellung

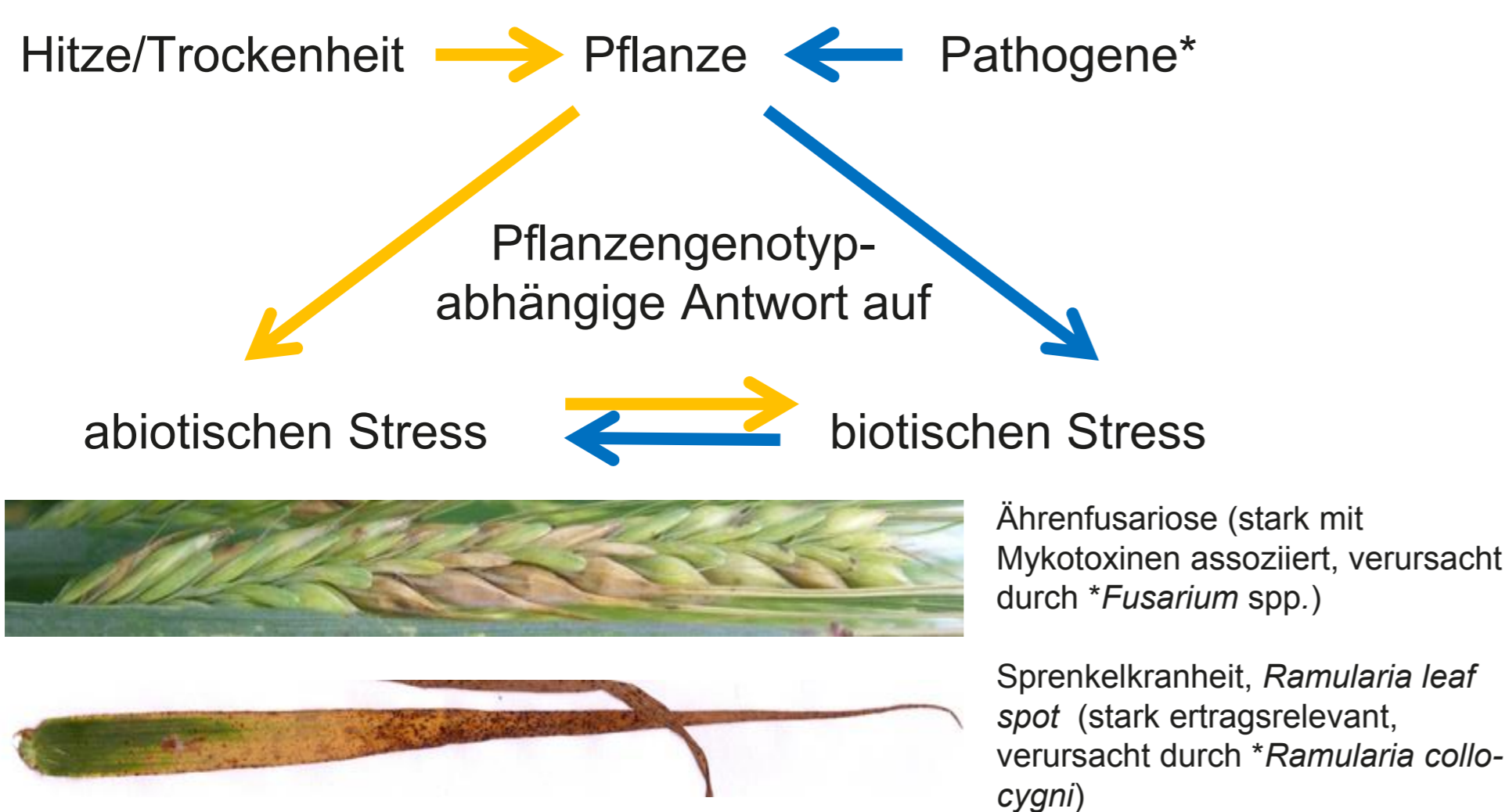
Der Klimawandel fördert abiotische Stressfaktoren, aber beeinflusst auch das Auftreten von herkömmlichen und neuartigen Krankheitserregern¹ (*Ramularia collo-cygni*², *Fusarium* spp.^{3,4,5}). Pflanzliche Antworten auf abiotische und biotische Stressfaktoren können gegenseitig unabhängig, förderlich oder gegenläufig sein. Ziel des Projekts ist es, klimaangepasste Gerstensorten auf ihre Widerstandsfähigkeit gegenüber pilzlichen Schadern zu überprüfen und der Pflanzenzüchtung Genotypen und Werkzeuge zur Optimierung von Züchtungsprozessen an die Hand zu geben.

Große Diversität im Fusariumbefall der Gerste und Beeinflussung durch Trockenstress



- Stabile Fusariumresistenzen (niedrige Ränge) über verschiedene Umwelten (Feld-daten 2016 - 2018)
- Trockenstress nach der Infektion erhöht die Anfälligkeit gegen *Fusarium* spp. im Gewächshaus.

Interaktion von Klima und biotischem Stress

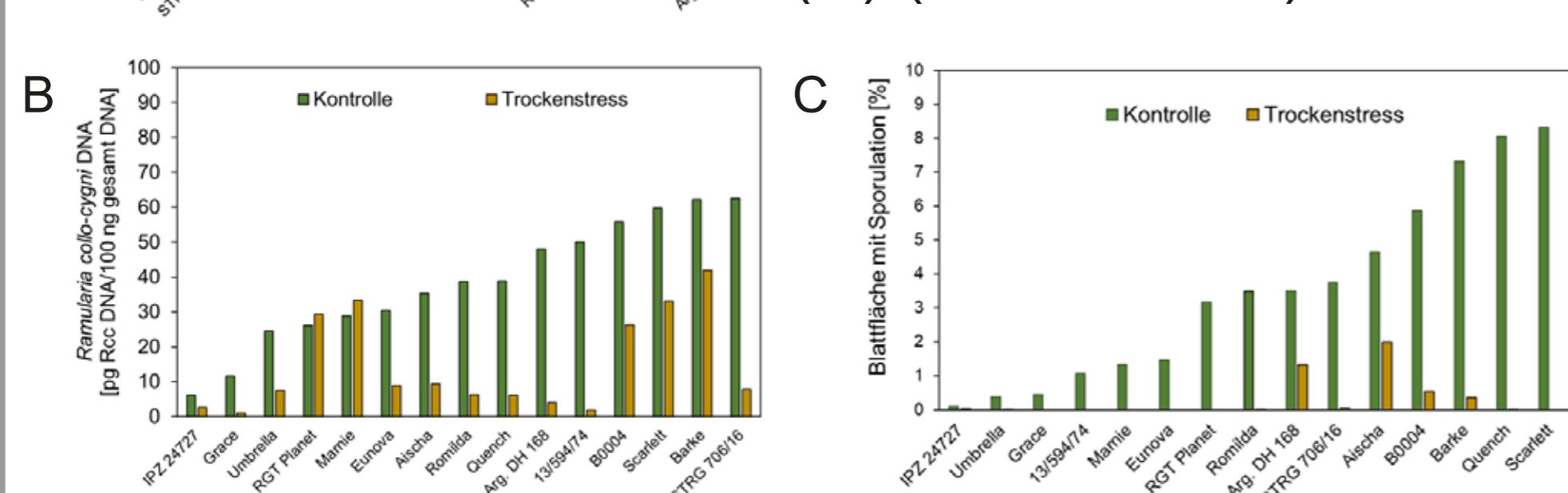


Die wichtigsten Ergebnisse und Fortschritte

- Die untersuchten Krankheiten nehmen in historischen Mustern aus den letzten 50 Jahren zu.⁵
- Verbesserte Methodik zur Erfassung der Krankheitsresistenz von Gerste in kontrollierter Umwelt und im Feld.⁴
- In einem bayerischen Gerstengenotypensortiment zeigt sich eine große Vielfalt an Krankheitsresistenzen.
- *Ramularia leaf spot* und Ährenfusariosen werden stark durch Klima-/Trockenstress beeinflusst.
- Die Gerste reagiert Sorten- / Genotypen-abhängig auf Trockenstress mit veränderter Krankheitsresistenz.
- Identifikation von Gerstensorten und aktuellen bayerischen Zuchtlinien mit guter Resistenz gegen abiotischen Stress und Krankheiten.

Große Diversität im Ramulariabefall der Gerstensorten und Beeinflussung durch Trockenstress

Dauerhafte Trockenheit im Feld/Rollgewächshaus (Lfl) unterdrückt *Ramularia leaf spot*: Symptome (A), der Pilz DNS (B) und der Sporulation (C) (2016 - 2018)



Literatur

- [1] Dresselhaus, T., Hückelhoven, R. (2018): Biotic and abiotic stress responses in crop plants. *Agronomy* 8, paper 267
- [2] Stam, R., Münsterkötter, M., Pophaly, S.D., Fokkens, L., Sghyer, H., Güldener, U., Hückelhoven, R., and Hess, M. (2018): A new reference genome shows the one-speed genome structure of the barley pathogen *Ramularia collo-cygni*. *Genome Biology and Evolution*, evy240, <https://doi.org/10.1093/gbe/evy240>
- [3] Hückelhoven, R., Hofer, K., Coleman, A., and Heß, M. (2018): Fusarium infection of malting barley has to be managed over the entire value chain. *Journal of Plant Diseases and Protection* 125, 1-4.
- [4] Hofer, K., Hess, M. (2017): Ährenfusariosen in der Braugerste – ein vielschichtiges Problem. *Getreidemagazin* 23, 14-17.
- [5] Hofer, K., Hückelhoven, R., Hess, M. (vorl. akzeptiert): Analysis of archive samples of spring and winter barley support an increase of individual *Fusarium* species in Bavarian barley grain over the last decades. *Journal of Plant Diseases and Protection*.