

Krankheitsresistenz klimaangepasster Gerstensorten

Hückelhoven R., Heß M.

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

Hintergrund (allgemein)

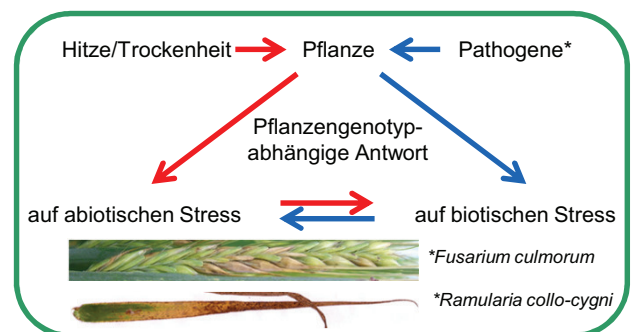
Die Interaktion von Klimafaktoren, Pflanze und Krankheitserregern bedingt den Ausbruch und die Schwere von Pflanzenkrankheiten⁷. In Modellpflanzen beeinflusst die Antwort auf Klimafaktoren die Immunantwort der Pflanze gegen Pathogene. In Kulturpflanzen sind genetische Kopplung, Pleiotropie und physiologische Wechselwirkungen von Faktoren der Klimaanpassung und Faktoren der natürlichen Immunität vorhanden aber wenig verstanden⁸.

Hintergrund (speziell)

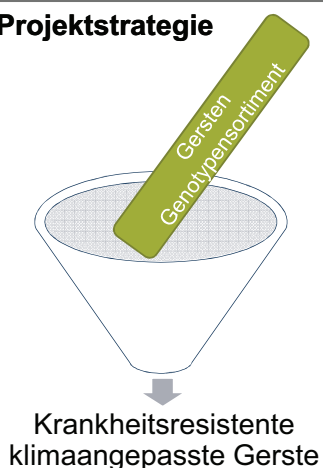
Der Schlauchpilz *Ramularia collo-cygni*² und Schlauchpilze der Gattung *Fusarium* sind wichtige Krankheitserreger der Gerste. Ihr Auftreten ist durch spezifische Klimafaktoren wie hohe Temperaturen und starke Sonneneinstrahlung begünstigt und verursacht Ertrags- und Qualitätsverluste¹⁻⁷. Die natürlichen Resistenzen gegen diese Erreger sind genetisch komplex und unvollständig^{5,6}. Die chemische Kontrolle ist lückenhaft und die Erreger entwickeln zunehmend Wirkstoffresistenzen.

Projekthalt

- Ein besseres Verständnis der Wechselwirkungen von Resistenz gegen biotische und abiotische Schadfaktoren ist notwendig, um nachhaltig klimaangepasste Gerste zu züchten.
- Die Erhöhung des Resistenzpotenzials von klimaangepasster Gerste könnte zum reduzierten Einsatz von Pflanzenschutzmitteln und zur Verringerung der Mykotoxinbelastung im Erntegut beitragen.
- Ein für die Pflanzenzüchtung relevantes Sortiment an Gerstengenotypen (erstellt durch bayerische Gerstenzüchter und die öffentlichen Forschungsstellen) steht für die Phänotypisierung der Krankheitsresistenz zur Verfügung.
- Resistente Genotypen werden selektiert, charakterisiert und dienen der Findung von Expressionsmarkern.



Projektstrategie



- Monitoring des (historischen und) aktuellen Gesundheitszustands
- Selektion extremer Phänotypen
- Bestätigung in Exaktversuchen
- Stresskombinationsexperimente
- Expressionsmarker
- Abgleich mit DNS-Polymorphismen
- Toolboxvalidierung

Literatur

- Habler et al. (2016) Fate of Fusarium Toxins during the Malting Process. J. Agric. Food Chem. 64:1377-1384.
- Havis et al. (2015) *Ramularia collo-cygni* - an emerging pathogen of barley crops. Phytopathol. 105 :895-904.
- Heiser et al. (2004) Fatty acid peroxidation by rubellin B, C and D, phytotoxins produced by *Ramularia collo-cygni* (Sutton et Waller). Physiol. Mol. Plant Pathol. 64: 135-143.
- Hofer et al. (in press) Influence of Fusarium isolates on the expression of barley genes related to plant defense and malting quality. Journal of Cereal Science. 69: 17-24
- Hofer et al. (2015) MILDEW LOCUS O mutation does not affect resistance to grain infections with Fusarium spp. and *Ramularia colly-cygni*. Phytopathol. 105: 1214-1219
- Linkmeyer et al. (2013) Assessment and introduction of quantitative resistance to Fusarium head blight in elite spring barley. Phytopathol. 103: 1252-1259.
- Linkmeyer et al. (2016) The influence of inoculum and climatic factors on the severity of Fusarium head blight in German spring and winter barley. Food Addit. Contam. Part A. 33: 489-499
- Schultheiss et al. (2005) Ectopic expression of constitutively activated RACB in barley enhances susceptibility to powdery mildew and abiotic stress. Plant Physiol. 139: 353-362