

Abschlussbericht Teilprojekt 10

Krankheitsresistenz von klimaangepassten Gerstensorten

Projektverbund BayKlimaFit

Strategien zur Anpassung von Kulturpflanzen an den
Klimawandel

Finanziert durch

Bayerisches Staatsministerium für
Umwelt und Verbraucherschutz
Rosenkavalierplatz 2
81925 München

Projektnehmer

Technische Universität München
Phytopathologie
Prof. Dr. Ralph Hückelhoven
Emil-Ramann-Straße 2, 85354 Freising
Tel.: +49 8161 713682
Fax: +49 8161 714538
E-Mail: hueckelhoven@wzw.tum.de
Web: <http://pp.wzw.tum.de/> und www.bayklimafit.de

Berichtszeitraum:

1. Februar 2016 bis 31. Januar 2019

Inhaltsverzeichnis

Inhaltsverzeichnis.....	3
1 Kurzzusammenfassung	3
2 Einführung.....	4
3 Zielstellung	5
4 Ergebnisse und Diskussion	5
4.1 Untersuchung von historischen Archivproben aus Bayern.....	5
4.1.1 Material und Methoden	6
4.1.2 Ergebnisse	6
4.1.3 Diskussion.....	9
4.2 Feld-, und Rainoutshelterexperimente.....	10
4.2.2 Ergebnisse der Feldbonitur ohne Inokulation und Trockenstress	10
4.2.3 Ergebnisse der Feldbonitur mit Inokulation ohne Trockenstress.....	11
4.2.4 Ergebnisse der Rainoutshelterexperimente.....	13
4.2.5 Diskussion der Freiland- und Rollgewächshausversuche.....	16
4.3 Die genetische Struktur des Blattpathogens <i>Rcc</i>	17
4.3.1 Diskussion: Genomstruktur und historische Epidemieentwicklung	19
4.4 Kombinationsstressexperimente unter kontrollierten Bedingungen.....	19
4.4.1 Diskussion der Kombinationsstressexperimente	21
4.5 Fusariumtoxine.....	21
4.6 Identifizierung von Genotypen mit multipler Stressresistenz.....	22
4.7 RNA Isolation und Sequenzierung aus Kombinationsstressexperimenten.....	23
5 Veröffentlichungen im Rahmen des Projekts	23
6 Vernetzungen	25
7 Bestehende und entstandene Industriebeteiligungen.....	25
8 Zusammenfassung	26
9 Ausblick.....	27
Literaturverzeichnis.....	28
Anhang	30

1 Kurzzusammenfassung

Ziel des Projektes war es, klimaangepasste Gerstensorten auf ihre Widerstandsfähigkeit gegenüber pilzlichen Krankheitserregern zu überprüfen und der Pflanzenzüchtung für Bayern Pflanzen und Werkzeuge zur Optimierung von Züchtungsprozessen an die Hand zu geben. Dazu wurde ein Gerstengenotypensortiment genutzt, das zum Teil auf Resistenz gegenüber sogenannten abiotischen Schadfaktoren in Form von extremen Wetter-/Klimabedingungen vorgetestet war. Unter den getesteten Gersten finden sich solche, die wiederholt im Freiland besonders resistent oder besonders anfällig gegenüber verschiedenen Krankheitserregern sind. Ausgesuchte Gerstengenotypen zeigen auch unter kontrollierten Bedingungen ein vergleichbares Resistenzverhalten, das sich zusätzlich durch Trockenstress beeinflussen lässt. Das so identifizierte genetische Material kann direkt im Anbau oder in der Pflanzenzüchtung klimaangepasster krankheitsresistenter Sorten verwendet werden. Parallel dazu wurden historische Gerstenmuster auf Krankheitserreger und daraufhin untersucht, ob ein Zusammenhang mit der Klimaentwicklung besteht. Für ausgesuchte Krankheitserreger wird eine Korrelation zum allgemeinen Temperaturanstieg festgestellt, es zeigt sich aber kein signifikanter Zusammenhang zwischen den Jahreswetterdaten und Jahreserregerabundanz.

Abkürzungen: Desoxyribonukleinsäure, **DNS**; Bayerische Landesanstalt für Landwirtschaft, **LfL**; *Fusarium*, **F.**; *Fusarium culmorum*, **Fc**; *Fusarium avenaceum*, **Fa**; Mehltairesistenz Locus O, **mlo**; Physiologische (nicht parasitäre) Blattflecken, **PLS**; *Ramularia collo-cygni*, **Rcc**; Ribonukleinsäure, **RNS**; Sommergerste, **SG**; Spezies **spp.**; Technische Universität München, **TUM**; Teilprojekt, **TP**; quantitative Polymerase-Kettenreaktion, **qPCR**; Wintergerste, **WG**; Wissenschaftszentrum Weihenstephan, **WZW**; *Ramularia* Blattflecken (*Ramularia* Leaf Spot), **RLS**

2 Einführung

Im Zuge des Klimawandels und der damit einhergehenden Extremwetterereignisse gilt die landwirtschaftliche Produktion von pflanzlichen Rohstoffen als besonders verletzlich. Pflanzen sind in ihrer Eigenschaft als ortsgebundene Lebewesen sehr plastisch in ihrer Reaktion auf sich verändernde Umweltbedingungen. In extremeren Situationen und insbesondere, wenn lokal angepasste Genotypen neuen Herausforderungen durch die Umwelt ausgesetzt sind, erschöpft sich aber das Anpassungspotenzial der Pflanze und starke Ertragsverluste sind die Folge. Die Situation ist dann besonders schwerwiegend und wenig vorhersehbar, wenn mehrere Stressfaktoren gleichzeitig oder nacheinander auf die Pflanze einwirken. Die Erforschung der Resistenz gegen komplexe Stresssituationen in Pflanzen beschränkt sich weitgehend auf die Modellpflanze *Arabidopsis thaliana* und die Rolle von Pflanzenhormonen [1]. Trotz des zunehmenden Verständnisses der molekularen Komponenten von simultanen Pflanzenantworten auf verschiedene Stressfaktoren ist die Applikation dieses Wissens im Bereich der Kulturpflanzenforschung noch perspektivisch zu nennen [2].

Der Klimawandel hat neben den direkten Einflüssen auf die Stressphysiologie unserer Kulturpflanzen vermutlich auch einen Einfluss auf das Spektrum der dominierenden Pathogene. In Gerste sind hier besonders der Blattfleckenkomplex, verursacht durch den Erreger *Ramularia collo-cygni* (*Rcc*) [3], und der Fusariumkomplex an der Ähre zu nennen [4]. Beide stellen ein erhebliches Risiko bezüglich Qualität und Quantität des Ertrages dar und sind in ihrem Schadpotenzial stark durch Klimafaktoren beeinflusst [3, 4]. Die Resistenzzüchtung als wichtiger Bestandteil einer integrierten Pflanzenproduktion muss dementsprechend nicht nur eine erhöhte Toleranz gegenüber Stressfaktoren wie Hitze, Kälte und Trockenheit erreichen, sondern auch neue, wirksame Resistenzen gegenüber dem sich wandelnden Pathogendruck finden. Hier gibt es laut gezielten Untersuchungen zu einzelnen Faktoren sowohl positive als auch negative Wechselwirkungen zwischen Resistenzen gegen biotischen und Klimastress. Während für ein Gen, welches zur Trockentoleranz beiträgt, auch eine verminderte Anfälligkeit gegenüber *Ramularia* Blattflecken (RLS) beschrieben ist [5], sind für die durch den rezessiven Mehltaresistenz Locus O (*mlo*) vermittelte Mehltaresistenz erhöhte Anfälligkeiten gegenüber abiotischen Stressfaktoren und einigen nekrotrophen Schaderregern beschrieben [6]. Daten aus bayerischen Feldexperimenten zur Funktion von *mlo* stehen dazu teilweise im Widerspruch [7]. Insgesamt ist die Sommergerste anfällig gegenüber biotischen Schadfaktoren des Fusariumkomplexes und es fehlen genetische Ressourcen zur Anpassung der Gerstenproduktion an Klima und Schaderreger [8]. Die mangelnde Resistenz der Sommergerste gegenüber abiotischen Schadfaktoren und insbesondere Trockenheit wird als globaler Treiber der Preise von Gerstenmalzrohstoffen gesehen [9].

Insgesamt fehlen eine breitere und solide Datengrundlage zur Stressresistenz der Gersten gegen biotische und abiotische Stressfaktoren. Zur Reaktion der Gersten auf mehrere oder sukzessive Stressbedingungen ist nichts bekannt. Außerdem fehlt ein Vergleich von Ergebnissen aus dem Freiland mit solchen aus gezielten Stressexperimenten in kontrollierten Umwelten. Hier setzte dieses Projekt an, um erste Einblicke in das genetische und physiologische Stressresistenzpotenzial der Sommergerste zu gewinnen und

Gerstengenotypen zu identifizieren, die die Anpassung an widrige Klimabedingungen mit Krankheitsresistenz kombinieren.

3 Zielstellung

Ziel des Projekts war es, mit Hilfe molekularer und epidemiologischer Methoden klimaangepasste Gerstensorten auf ihre Widerstandsfähigkeit gegenüber pilzlichen Schaderregern zu überprüfen und der Pflanzenzüchtung für Bayern Genotypen und Werkzeuge zur Optimierung von Züchtungsprozessen an die Hand zu geben. Dabei wurden in Zwischenzielen, besonders stressresistente Genotypen i.) selektiert, ii.) validiert und iii.) in Stresskombinationsexperimenten herausgefordert sowie iv.) auf ihre physiologische Antwort auf Pathogenstress untersucht.

Insgesamt wurden folgende Untersuchungen durchgeführt:

1. Untersuchung historischer Gerstenmuster auf DNS von *Fusarium* spp. und *Rcc* und mögliche Korrelation zu Jahreswetterdaten.
2. Feld-, und Rainoutshelterexperimente mit Untersuchungen zur Wechselwirkung zwischen abiotischem Stress, basaler Stressresistenz, und dem Auftreten von Schaderregern unter natürlichen Bedingungen mit und ohne gezielte Infektion.
3. Durchführung gezielter Kombinationsstressexperimente unter kontrollierten Bedingungen im Gewächshaus mit ausgesuchten Genotypen
4. Messung der Fusarientoxine aus Versuchen unter kontrollierten und Feldbedingungen
5. Identifizierung von Genotypen mit multipler Stressresistenz
6. RNA Isolation und Sequenzierung aus Kombinationsstressexperimenten mit ausgesuchten Genotypen aus der Phänotypisierung in Jahr 1 und 2

4 Ergebnisse und Diskussion

4.1 Untersuchung von historischen Archivproben aus Bayern

Die Untersuchung von historischen Archivproben aus Bayern bezüglich der Kontamination der Ernteproben über molekulare Methoden zusammen mit dem Abgleich mit Wetter- und Klimadaten ermöglicht einen Einblick, inwieweit vermehrt auftretende Schaderreger schon früher aufgetreten sind ohne ausreichend detektiert zu werden, oder ob die klimatischen Veränderungen in bestimmten Zeiträumen das starke Ansteigen verursacht haben könnten. Für *Rcc* haben Untersuchungen das rapide Ansteigen seit den 1980er Jahren gezeigt, doch für *Fusarium* Arten fehlten diesbezüglich differenzierte Untersuchungen [3].

4.1.1 Material und Methoden

Die analysierten Archivproben stammen aus den Landessortenversuchen der LfL. Insgesamt wurden 65 Proben von Sommergerste (SG) und 61 Proben von Wintergerste (WG), die den Zeitraum von 1965 - 2010 (SG) bzw. 1958 - 2010 (WG, 1976 und 2001 fehlen) abdecken, untersucht. Der Produktionsstandort der Proben ist z. T. bekannt, Informationen über Anbaubedingungen wie Düngung, Bodenbearbeitung, Sorte und Pflanzenschutz oder auch Lagerbedingungen sind nicht vorhanden, da das Material ursprünglich zur Beobachtung von Radioaktivität gesammelt und archiviert wurde. Trotz dieser Einschränkung handelt es sich um eine einzigartige Ressource zur Beobachtung des Erregeraufkommens über historische Zeiträume.

4.1.1.1 Isolierung von genomischer DNS aus Kornmaterial

Die Isolierung der genomischen DNS aus Kornproben wurde auf der Basis von [7] vollzogen: Nach dem Vermahlen der entsprechenden Kornproben wurde Extraktionspuffer dem Mehl zugegeben, der eine Lyse der Zellen (Pilz und Pflanze) bewirkt, sodass die darin enthaltene DNS freigegeben wird. Durch mehrere Waschschriffe wurden ebenfalls vorhandene, aber für die weitere Verarbeitung störende Proteine und Polysaccharide entfernt. Es folgte die Fällung der DNS durch einen entsprechenden Präzipitationspuffer sowie weitere Wasch- und Verdünnungsschriffe, bis DNS-Lösungen einzelner Muster in geeigneter Menge und Qualität für weitere Analysen vorlagen.

4.1.1.2 Quantifizierung von genomischer DNS

Die Quantifizierung der genomischen DNS erfolgte mittels quantitativer Polymerasen-Kettenreaktion (qPCR), bei der mit Hilfe spezifischer Primer die entsprechenden DNS-Gehalte von Gerste sowie *F. culmorum*, *F. graminearum*, *F. avenaceum*, *F. tricinctum*, *F. sporotrichioides*, *F. langsethiae* und *F. poae* der Proben gemessen und ins Verhältnis gesetzt werden [4]. Die Menge an *Fusarium* DNS in der jeweiligen Probe wird als pg pro ng Gersten DNS angegeben.

Die Quantifizierung der genomischen DNS von *Ramularia collo-cygni* erfolgte analog zu den *Fusarium* Arten mittels qPCR auf der Basis von [7]. Die Menge an *Ramularia collo-cygni* DNS in der jeweiligen Probe wird als pg pro 100 ng Gesamt-DNS angegeben.

Die dargestellten Werte sind die Mittelwerte von technischen Duplikaten.

4.1.2 Ergebnisse

4.1.2.1 Auftreten verschiedener *Fusarium* Arten in bayerischen Archivproben

Die molekulare Analyse bayerischer Archivproben von Winter- und Sommergerste mittels qPCR ergab jährlich stark variierende DNS Gehalte im Korn für alle untersuchten *Fusarium* Arten (siehe Anhang Abbildung A1), jedoch einen tendenziellen Anstieg im Besatz bei der Betrachtung entsprechender Summenwerte (siehe Abbildung 1). Dieser Anstieg ist vor allem auf den steigenden Besatz mit *F. graminearum* zurückzuführen (vgl. Abbildung 2) und in der Sommergerste deutlicher als in der Wintergerste.

4.1.2.2 Zusammensetzung des Fusarium Komplexes in bayerischen Archivproben

Die Betrachtung des Fusarium Komplexes an Winter- und Sommergerste (für prozentuale Werte, siehe Abbildung 2) zeigt trotz Heterogenität eine Dominanz von *F. graminearum* (\bar{x} 3,43 und 2,05 pg/(ng Gersten DNS)), gefolgt von *F. avenaceum* (\bar{x} 1,35 und 0,56 pg/(ng Gersten DNS)). Der durchschnittliche Besatz mit *F. culmorum* war in WG 0,13 und in SG 0,05 pg/(ng Gersten DNS), mit *F. tricinctum* 0,08 und 0,38 pg/(ng Gersten DNS), mit *F. langsethiae* 0,04 und 0,08 pg/(ng Gersten DNS) und mit *F. poae* 0,01 und 0,15 pg/(ng Gersten DNS).

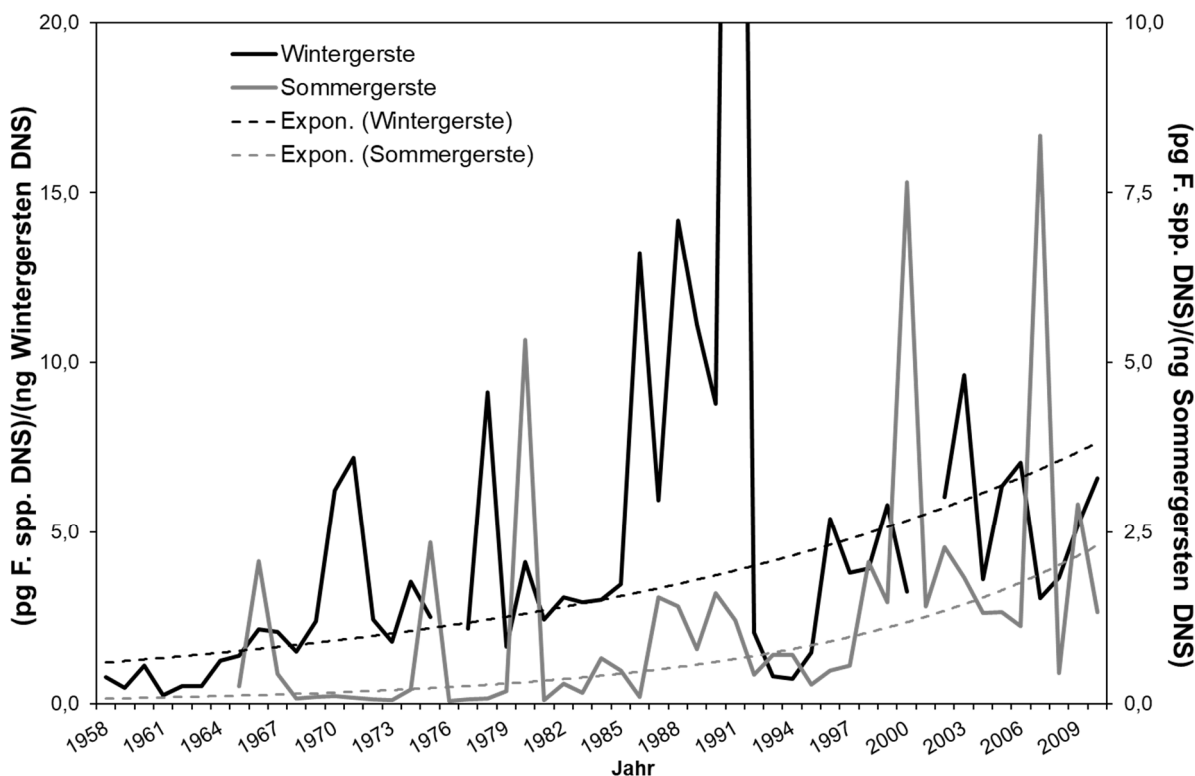


Abbildung 1: *Fusarium* Spezies (*F. spp.*) DNS in bayerischen Archivproben von Winter- und Sommergerste. Summenwerte der durchschnittlichen DNS-Gehalte von *F. culmorum*, *F. graminearum*, *F. avenaceum*, *F. tricinctum*, *F. sporotrichioides*, *F. langsethiae* und *F. poae* in bayerischen Archivproben von Winter- bzw. Sommergerste der Jahre 1958 - 2010 bzw. 1965 - 2010, bestimmt mittels qPCR (pg *Fusarium* DNS)/(ng Gersten DNS). Abkürzung: Expon.: Trendlinie der exponentiellen Regression (Berechnet Punkte nach der Methode der kleinsten Quadrate mit Hilfe der folgenden Gleichung: $y = ce^{bx}$). Darin sind c und b Konstanten; e ist die Basis des natürlichen Logarithmus. (Sommergerste: $y = 0,0668e^{0,0668x}$; Wintergerste: $y = 1,1523e^{0,0357x}$).

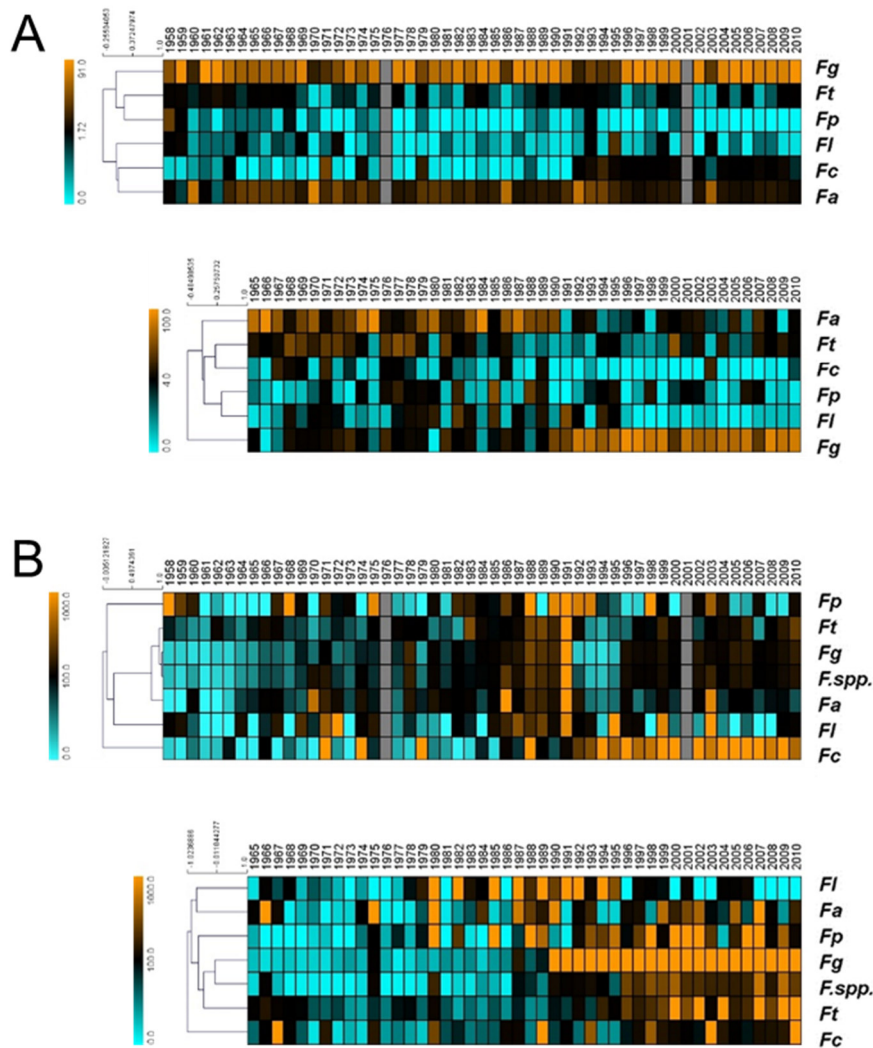


Abbildung 2: Dominanzstrukturen verschiedener *Fusarium* Spezies in bayerischen Archivproben. A) Farbkodierung von Prozentanteilen der DNS individueller *Fusarium* spp. an der Gesamt *Fusarium* DNS (100%) in den Gerstenproben. (*F. graminearum*, *Fg*; *F. culmorum*, *Fc*; *F. avenaceum*, *Fa*; *F. tricinctum*, *Ft*; *F. langsethiae*, *Fl* und *F. poae*, *Fp*) Wintergerste (oben) und Sommergerste (unten). B) Darstellung des Trends für individuelle Erreger durch Farbkodierung von (reihenweise) Median-normalisierten Abundanzen von speziesspezifischen bzw. gesamt (*Fusarium* spp.) DNS Gehalten (Prozent des Medians, der als 100% gesetzt wurde). Werte über 1000% wurden als 1000% dargestellt. Wintergerste (oben) und Sommergerste (unten). Die Reihen wurden einer hierarchischen Clusteranalyse unterzogen, um ähnliche Muster zu gruppieren. Daten der Jahre 1958 - 2010 (Wintergerste) bzw. 1965 - 2010 (Sommergerste), bestimmt mittels qPCR.

Zudem ist festzustellen, dass sich die Dominanzstrukturen vor allem in SG über die Zeit verändert haben (vergleiche Abbildung 2). Während *F. avenaceum* von 1965 - 1989 die dominierende Art war (\bar{X} 0,55 pg/(ng Gersten DNA)) und sich der Besatz mit *F. graminearum* (\bar{X} 0,02 pg/(ng Gersten DNA)) vergleichsweise gering darstellte, kam es ab dem Jahr 1990 (bis 2010) zu einer deutlichen Verschiebung in Richtung *F. graminearum*. Der durchschnittliche Besatz betrug 4,47 pg/(ng Gersten DNA), während der Besatz mit *F. avenaceum* (\bar{X} 0,64 pg/(ng Gersten DNA)) und allen weiteren untersuchten Arten deutlich geringer ausfiel. Im Gegensatz zu sich verändernden Dominanzstrukturen in SG waren *F. graminearum* und *F. avenaceum* bis auf wenige Jahre die dominantesten Arten auf Wintergerstenproben (siehe Abbildung 2).

4.1.3 Diskussion

Die artspezifische molekulare Analyse von Archivproben aus Bayern resultierte in jährlich variierendem Besatz mit bestimmten *Fusarium* Arten (siehe Abbildung 2) und einem generellen Trend der ansteigenden Fusariumproblematik in den letzten 60 Jahren. Zum einen können dafür veränderte oder standortspezifische Anbaupraktiken und zum anderen auch jahres- und standortspezifische klimatische Bedingungen zu verändertem Auftreten von *Fusarium* beigetragen haben [4, 7, 8, 10].

In einer parallelen Analyse konnte auch das starke Ansteigen der Kontamination mit *Ramularia collo-cygni* DNS bestätigt und präzisiert werden [11] (siehe Abbildung A2, Anhang). Dies diente neben der Bestätigung einer Projekthypothese auch als Referenz für die Untersuchung der *Fusarium* Arten.

Insgesamt konnte ein Anstieg im *Fusarium*-Gesamtbefall von WG und SG festgestellt werden (vergleiche Abbildung 1), der in SG vor allem auf den Anstieg im Besatz mit *F. graminearum* (siehe Abbildungen A1 und 2) zurückgeführt werden kann. Da für die analysierten Archivproben keine genauen Angaben in Bezug auf Anbaubedingungen existieren, kann über deren Beitrag zum steigenden *Fusarium* Befall lediglich spekuliert werden. Auch zu vorherrschenden klimatischen Bedingungen sind keine probenspezifischen Aufzeichnungen verfügbar, jedoch kann ein allgemeiner Anstieg der Temperatur in Bayern verzeichnet werden (Quelle: Deutscher Wetterdienst, Agrarmeteorologische Forschung und Beratung, Niederlassung Weihenstephan, Alte Akademie 16, 85354 Freising). Dieser zeigt sich auch zu Zeitabschnitten (Mai - Juli), die wichtig für Blüteninfektion durch *Fusarium* sind (Abbildung A3, Anhang). Es konnte in vergleichbaren Studien bereits gezeigt werden, dass die Temperatur Einfluss auf die Etablierung, die Inokulumproduktion und das Infektionsgeschehen von *Fusarium* Spezies hat [4, 8]. Eine genauere Betrachtung der Wetterdaten zeigte eine Korrelationsanalyse des allgemeinen Temperaturanstiegs in Bayern mit zunehmenden DNS-Gehalten von *Fusarium* spp. (so korrelierte die Temperatur in Mai und Juni mit der DNS von Fg und Fc in SG, Pearson Werte über 0,4) aber sonst kaum jahresspezifische Assoziation von Niederschlägen oder Temperatur in der Anbauperiode mit Ausschlägen in der Infektionsstärke. Auch waren die Bestimmtheitsmaße verschiedener Regressionsmodelle von Jahreswetterdaten und *Fusarium* DNS Gehalten generell gering. Insgesamt kann der Anstieg der *Fusarium* DNS Gehalte also nicht sicher auf die beobachtete Klimaveränderung zurückgeführt werden. Gleiches gilt für Rcc.

4.2 Feld-, und Rainoutshelterexperimente

Untersuchungen unter natürlichen Bedingungen mit und ohne gezielte Infektion zur Wechselwirkung zwischen abiotischem Stress, basaler Resistenz, und dem Auftreten von Schaderregern.

4.2.1 Material und Methoden

Insgesamt wurden 59 Genotypen zusammengestellt und in Feldversuchen hinsichtlich ihrer Krankheitstoleranz charakterisiert.

Am Wissenschaftszentrum Weihenstephan (WZW) der Technischen Universität München (TUM) wurden die ausgewählten Genotypen in Feldversuchen in Kleinparzellen (9 m²) und in Mikroparzellen (Doppelreihen) kultiviert. Dünge- und Pflanzenschutzmaßnahmen erfolgten nach Bedarf. Durch Einstreuen von mit *F. culmorum* und *F. avenaceum* infiziertem Kornschrot bzw. einer Mischung während des Schossens zum 2 - Knoten - Stadium wurde der Pathogendruck gegenüber der nicht inokulierten Wiederholung erhöht [10]. Etwa zehn bis 14 Tage später wurde erneut Kornschrot ausgebracht, um einen konstant hohen Infektionsdruck während der Ährenentwicklung und Blüte aufrecht zu halten. Somit konnten die Genotypen unter Bedingungen mit natürlichem und starkem Krankheitsdruck verglichen werden. Der Blattbefall wurde während der Abreife zum Zeitpunkt der stärksten Differenzierung visuell bonitiert und in Prozentwerten festgehalten. Nach Abreife der Pflanzen wurde manuell geerntet und gedroschen. Isolierung und Quantifizierung von genomischer DNS erfolgte wie unter 4.1, um die Vergleichbarkeit der Ergebnisse zu gewährleisten. Da der Fokus der Arbeiten auf den oberen Blättern und der Ährengesundheit lag, wurde zu BBCH 37-39 eine Deckspritzung mit dem Fungizid Prosaro (Aufwandmenge 0,8 L/ha) vorgenommen.

Die Sorten und Linien wurden entsprechend der DNS-Gehalte aufgelistet, um sie hinsichtlich ihrer Anfälligkeit oder Resistenz einzustufen und vergleichen zu können.

4.2.2 Ergebnisse der Feldbonitur ohne Inokulation und Trockenstress

In Feldversuchen wurde eine Charakterisierung eines projektübergreifenden Gerstengenotypensortiments bezüglich des natürlich auftretenden Erregerspektrums durchgeführt. Da genügend Kapazitäten und Saatgut vorhanden waren, konnte das Sortiment mit 59 Linien in Mikroparzellenexperimenten (TUM, Kleinparzellen) in drei aufeinanderfolgenden Jahren von 2016 - 2018 untersucht werden. Die Daten dienen zum Vergleich mit den auftretenden Resistenzen gegen abiotischen Stress in den Versuchen der LfL in Feld und Rainoutshelter (LfL, TP 6).

Die oberen Blättern (Fahnenblatt und Fahnenblatt-1) wurden in allen drei Versuchsjahren um das Entwicklungsstadium BBCH-Stadium 85-90 auf sichtbare Krankheitssymptome, nekrotisierte Blattfläche und physiologische Blattflecken bonitiert. Zum Zeitpunkt der Blattbonitur waren die oberen Blättern durch fortgeschrittene Reife der Pflanzen stark seneszent. Am häufigsten konnten Blattflecken (PLS und RLS) an den Blättern bonitiert werden. Zu einem geringeren Teil und mit geringer Differenzierung traten Netzflecken, Braunrost und Mehltau auf.

Insgesamt ergab sich eine gute Differenzierung des Krankheitsauftretens innerhalb des Sortiments. Insbesondere bei Blattflecken, die laut Literatur starke Interaktionen mit dem Wetter zeigen, ergab sich eine Spreizung von etwa 10 bis über 50% befallener Blattfläche (Abbildung 3).

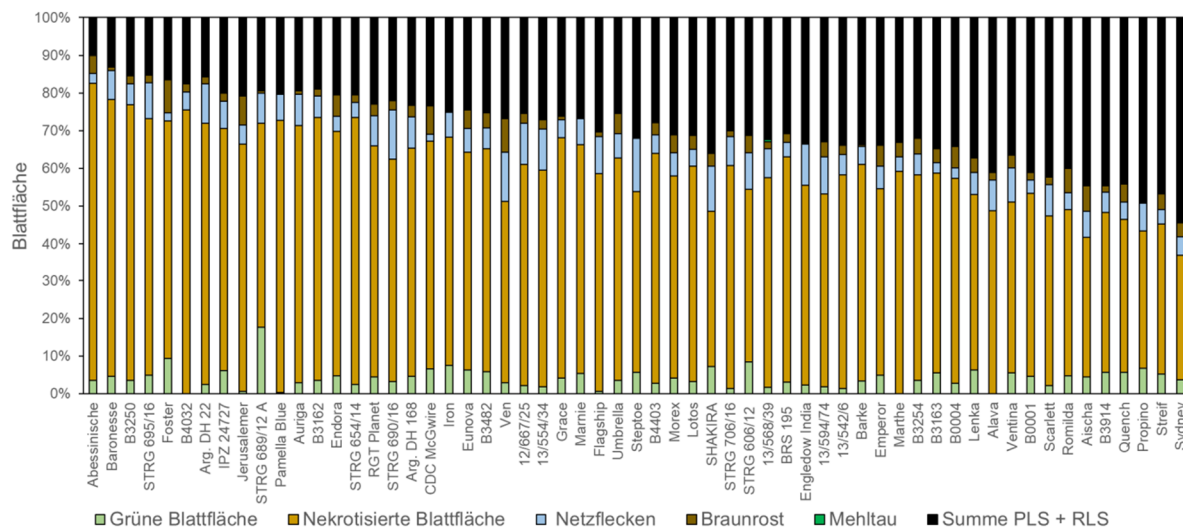


Abbildung 3: Mittlere Befallswerte aus der Blattbonitur des gesamten Gerstengenotypensortiments aus den drei Versuchsjahren 2016, 2017 und 2018 unter natürlichen Bedingungen am Standort Campus Weihenstephan (TUM). Die oberen Blattetagen (Fahnenblatt und Fahnenblatt-1) wurden in allen drei Versuchsjahren um das BBCH-Stadium 85-90 auf sichtbare Krankheitssymptome, nekrotisierte Blattfläche und physiologische Blattflecken bonitiert. Die Werte sind als Median der prozentualen Blattfläche dargestellt. Die nekrotisierte Blattfläche ist bereinigt um eindeutig von pilzlichen Schaderregern hervorgerufene nekrotische Blattflecken. Physiologische Blattflecken (PLS) und Ramularia-Blattflecken (RLS) wurden als ein Wert verrechnet. Die Genotypen sind nach den Boniturwerten für den Blattfleckenkomplex an Gerste aufsteigend sortiert. Zum Zeitpunkt der Blattbonitur waren die oberen Blattetagen durch fortgeschrittene Reife der Pflanzen stark seneszent. Am häufigsten konnten Blattflecken (PLS und RLS) an den Blättern bonitiert werden. Zu einem geringeren Teil und mit geringer Differenzierung traten Netzflecken, Braunrost und Mehltau auf.

4.2.3 Ergebnisse der Feldbonitur mit Inokulation ohne Trockenstress

Im Laufe des Projektfortschritts wurde unter den Gerstenprojektleitern eine Fokussierung auf 15 Gerstengenotypen erzielt, die ähnliche agronomische Eigenschaften aufweisen, zweizeilig sind und für Trockenstressresistenz differenzieren. Im Weiteren, erfolgt die Darstellung der Ergebnisse nur für diese 15 Genotypen. Durch gezieltes Einbringen von Fusariuminokulum wurde der Infektionsdruck für bestimmte Erreger erhöht, um eine stärkere

Differenzierung

zu

erhalten.

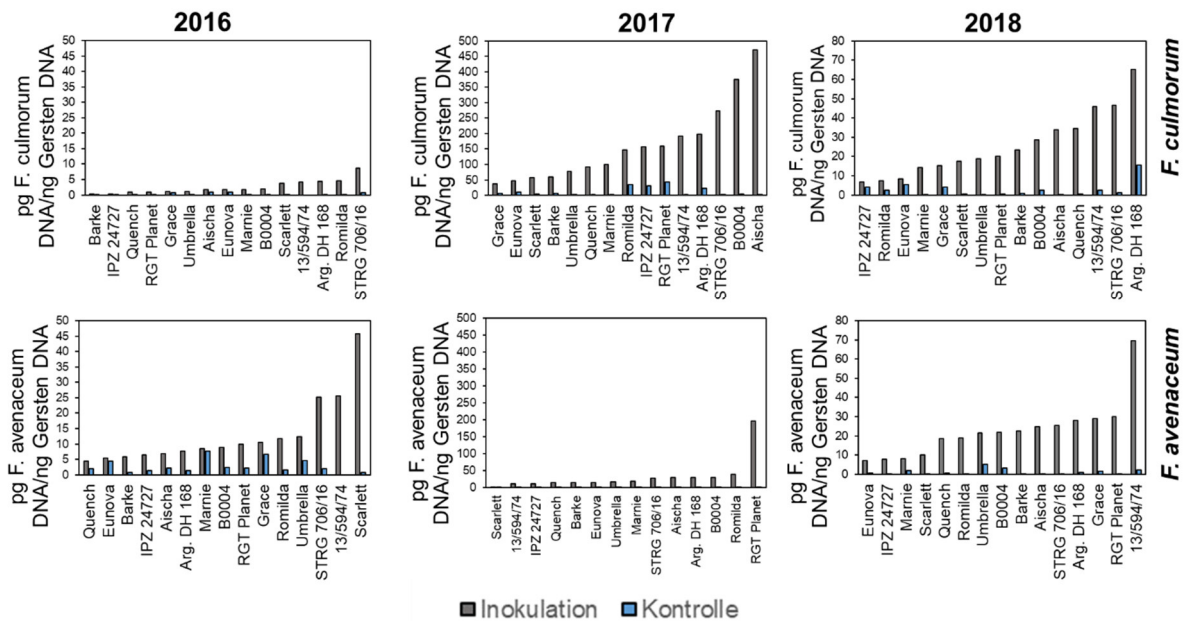


Abbildung 4: *Fusarium*-DNS-Gehalte für *F. culmorum* und *F. avenaceum* nach natürlicher Infektion bzw. nach künstlicher Inokulation der auf 15 Genotypen eingegrenzten Kandidaten in den Jahren 2016, 2017 und 2018. Die Quantifizierung der pilzlichen DNS (DNA in der Abbildung) im geernteten Kornmaterial erfolgte mittels speziesspezifischer DNS-Primer und quantitativer PCR (qPCR). Die Genotypen sind nach ihrer Befallshöhe nach künstlicher Inokulation aufsteigend sortiert. Die künstliche Inokulation der Genotypen durch das Einstreuen von mit *Fusarium* spp. infiziertem Kornmaterial in Mikroparzellen konnte den jeweiligen Befallsdruck in allen drei Versuchsjahren gegenüber der Kontrolle deutlich erhöhen. Der erhöhte Pathogendruck führte zu einer Differenzierung der Kandidaten im Befall. Insgesamt zeigen sich große Schwankungen der DNS-Gehalte zwischen den einzelnen Jahren und für beide *Fusarium*-Spezies.

Bei den Untersuchungen zur *Fusarium*-Anfälligkeit in den Mikroparzellen konnte durch die Inokulation das natürliche Befallsniveau stark angehoben werden, so dass die Genotypen bezüglich der Anfälligkeit sehr gut differenzierten. Es gab starke Jahreseffekte in Bezug auf die Gesamtstärke des Fusariumbefalls, die vermutlich witterungsabhängig war. Insgesamt zeigen sich phänotypische Extreme, die über drei Versuchsjahre hinweg relativ stabil sind. Demgegenüber kam es ohne Inokulation zu kaum nachweisbarem Befall und keiner klaren Differenzierung (Abbildung 4). Die Daten weisen die Eignung der Inokulationsmethode nach, um krankheitsresistente Gerstengenotypen unter relevanten Freilandbedingungen zu identifizieren. Die höchsten absoluten DNS-Werte konnten in 2016 nach Inokulation mit *F. avenaceum* und in 2017 nach Inokulation mit *F. culmorum* detektiert werden. In 2018 erreichten die absoluten DNS-Gehalte für beide *Fusarium*-Spezies eine ähnliche Höhe.

Innerhalb des eingegrenzten Sortiments zeigt sich über alle drei Versuchsjahre stabile Resistenz gegenüber beiden *Fusarium*-Spezies beim Genotyp Eunova und eine relativ einheitliche Anfälligkeit bei 13/594/74. Eine stabile Feldresistenz gegenüber *F. culmorum* allein zeigt Grace, hohe Anfälligkeit zeigen Arg. DH 168 und STRG 706/16. Eine stabile Resistenz gegenüber *F. avenaceum* allein zeigen IPZ 24727 und Quench. Die Daten wurden auch über Rangsummenanalyse bewertet (theoretische Minimalwerte-Maximalwerte: 5 - 75 für 5 Inokulationsexperimente, in denen alle Genotypen enthalten waren). Über beide Fusariuminokulationen und drei Jahre hinweg zeigten die Genotypen Eunova (16) und IPZ 24727 (18) die geringsten Rangsummenwerte (höchsten Resistenzen), während STRG 706/16 (66) und 13/594/74 (65) die höchsten Rangsummenwerte (höchsten Anfälligkeiten) zeigten.

In Zusammenarbeit mit der LfL (TP 6) wurden die *Fusarium* DNS-Gehalte im Erntegut auch mit Daten genetischer Marker verrechnet. Dabei zeigte sich eine signifikante Assoziation der Marker HVB005_H4, HVB064_H1H2 und HVB143_H1 mit den Fc DNS Gehalten im Versuchsjahr 2016.

Die LfL hat außerdem Daten zur Wuchshöhe der Gerstenpflanzen zur Verfügung gestellt (Werte aus drei Versuchsjahren und von bis zu drei Versuchsstandorten). Die lineare Regression und Korrelationsanalyse der Mediane von Wuchshöhe und *Fusarium* DNS Gehalten erbrachte dabei, dass die Wuchshöhe der 15 Gerstenkultivare der engeren Auswahl stark negativ mit der Menge an Fc und Fa DNS im Erntegut korreliert (Berechnet in IBM SPSS 24).

Für Fc ergab sich:

y (Fc DNS/Pflanzen DNS) = $-2,1378x$ (Wuchshöhe) + 159,5; $R^2 = 0,412$, Pearson Korrelationskoeffizient = $-0,642$, $p=0,009$.

Für Fa ergab sich:

y (Fa DNS/Pflanzen DNS) = $-1,3456x$ (Wuchshöhe) + 103,94; $R^2 = 0,404$, Pearson Korrelationskoeffizient = $-0,635$, $p=0,008$.

4.2.4 Ergebnisse der Rainoutshelterexperimente

Die Untersuchungen zum Befallsniveau von *Ramularia collo-cygni* unter Trockenstress im Rainoutshelter (Rollgewächshaus) haben sich als ein geeignetes Stresskombinationsexperiment herausgestellt. Die Blattbonitur über drei Jahre ergab eine gute Differenzierung der Genotypen unter bewässerten und trockenen Bedingungen für den Blattfleckenkomplex (Abbildung 5). Andere Krankheiten haben im Rainoutshelter kaum Differenzierung im Genotypensortiment gezeigt.

Die Differenzierung der Blattfleckensymptomatik ist unter bewässerten Bedingungen stärker und die Symptomatik generell durch Trockenheit weniger stark ausgeprägt. Die Genotypen IPZ 24727, STRG 706/16 zeigten die geringste Anfälligkeit für Blattfleckenkrankheiten, die Genotypen B0004 und Arg. DH 168 die höchste. Für IPZ 24727 und B0004 wurden am TUM Standort ähnliche Anfälligkeiten/Resistenzen dokumentiert (Abbildung 3). Im Mittel über die

Projektjahre 2016 und 2017 zeigten sich ebenfalls geringere *Rcc* DNS Gehalte nach Trockenstressapplikation (Abbildung 6, Die Werte für 2018 stehen noch aus). Dabei zeigten sich aber zum Teil starke Unterschiede im Vergleich der Blattfleckensymptomatik und der DNS Gehalte von *Rcc*. So zeigte STRG 706/16 kaum Blattfleckensymptome aber hohe *Rcc* DNS Gehalte. Die Genotypen IPZ 24727, Grace und Umbrella waren hingegen in beiden Assays wenig anfällig gegen *Rcc*. Auch die *Rcc*-typische Sporulation, die unter dem Binokular ausgewertet wurde, war durchgehend über drei Versuchsjahre in den trockengestressten Pflanzen vermindert (Abbildung 7). Unter Trockenstress zeigt sich ein insgesamt verändertes Bild. Einige RLS/PLS anfällige Genotypen, wie zum Beispiel Quench und Romilda profitieren besonders stark unter Trockenstress, und zeigen kaum noch Blattfleckensymptomatik. Andere recht resistente Genotypen, wie Eunova und Umbrella, profitieren kaum vom Trockenstress und sind unter Trockenstress dann bei den anfälligsten Genotypen. IPZ 24727 war unter Bewässerung und Trockenstress wenig anfällig.

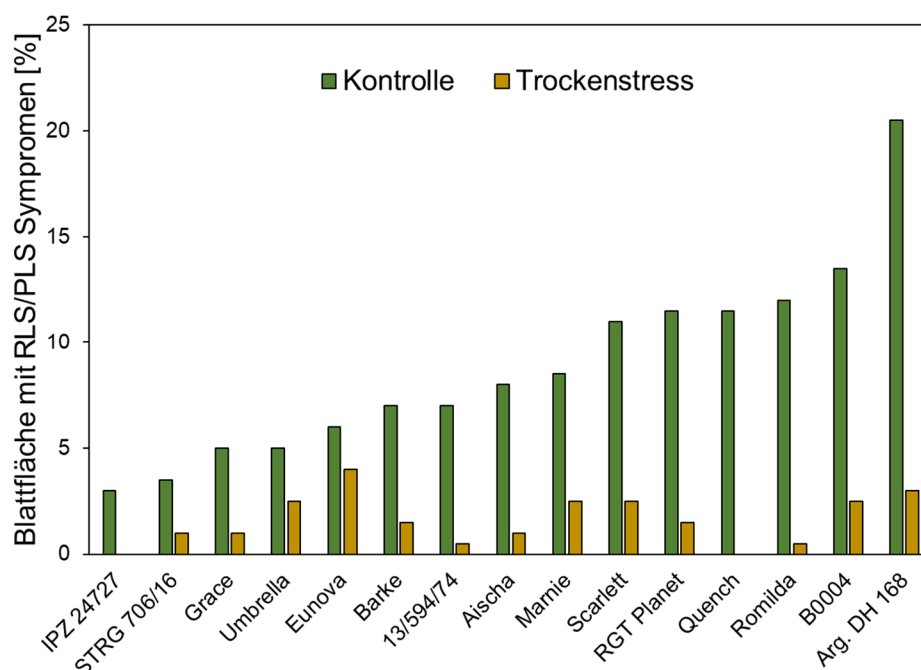


Abbildung 5: Mittlere Summe der Blattfläche (2016-2018), die im Rainoutshelter mit *Ramularia collo-cygni* oder physiologischen Blattflecken-symptomen bedeckt war. Mittlere Befallswerte aus der Blattbonitur des eingegrenzten Sortiments aus den drei Versuchsjahren 2016, 2017 und 2018 unter Trockenstress und in der bewässerten Kontrolle im Rollgewächshaus der Bayerischen Landesanstalt für Landwirtschaft (LfL). Die oberen Blattetagen (Fahnenblatt und Fahnenblatt-1) wurden in allen drei Versuchsjahren um das BBCH-Stadium 85 - 90 auf sichtbare Krankheitssymptome und physiologische Blattflecken bonitiert. Die Werte sind als Median der prozentualen Blattfläche dargestellt. Physiologische Blattflecken (PLS) und *Ramularia*-Blattflecken (RLS) wurden als ein Wert verrechnet, da sie im Feld nicht klar zu differenzieren sind. Die Genotypen sind nach ihrer Befallshöhe in der Kontrolle aufsteigend sortiert.

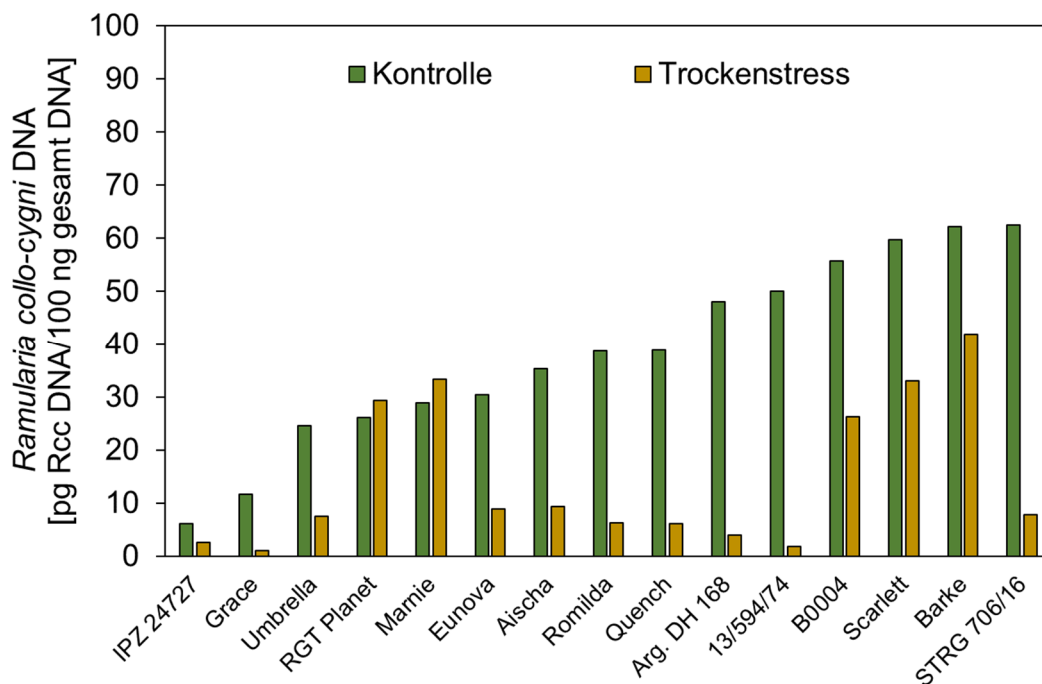


Abbildung 6: Mittlere Befallswerte mit *Ramularia collo-cygni* DNS im auf 15 Genotypen eingegrenzten Sortiment unter Trockenstress und in der bewässerten Kontrolle (2016 + 2017). Die Befallsdaten wurden als Median aus den einzelnen absoluten Befallswerten aus den Jahren 2016 und 2017 berechnet. Die Genotypen sind nach ihrer Befallshöhe in der Kontrolle aufsteigend sortiert. Die Befallswerte wurden aus den Einzelwerten von zwei Wiederholungen im Rollgewächshaus der Bayerischen Landesanstalt für Landwirtschaft (LfL) berechnet. Insgesamt stehen vier Einzelwerte aus zwei Jahren als Datengrundlage zur Verfügung. Die Auswertung der Befallsstärke zeigt Unterschiede im Befall zwischen trocken gestresster Gerste und den bewässerten Kontrollpflanzen im eingegrenzten Sortiment, wobei unter Trockenstress die Kandidaten überwiegend weniger stark befallen wurden. (DNS=DNA in der Abbildung)

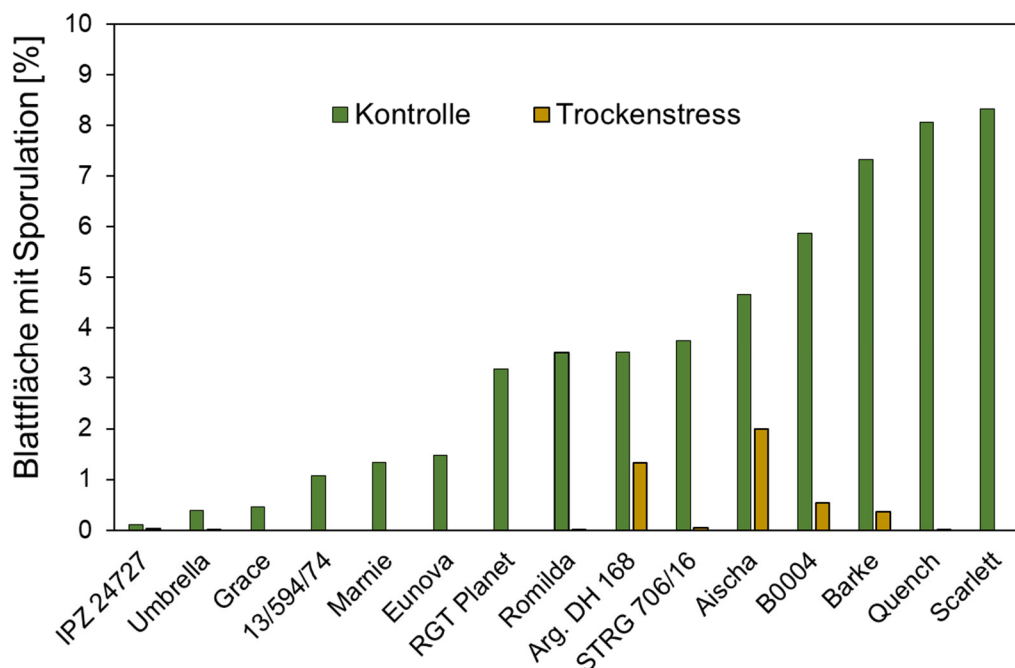


Abbildung 7: Mittlere Sporulationsstärke von *Ramularia collo-cygni* auf Blättern von 15 ausgesuchten Genotypen (2016 + 2017 + 2018). Die Befallsdaten wurden als Median aus den einzelnen Sporulationsdaten aus den Jahren 2016 bis 2018 berechnet. Die arithmetischen Mittelwerte ergaben ein sehr ähnliches Bild. Die Genotypen sind nach ihrer Sporulationsstärke in der Kontrolle aufsteigend sortiert. Die Sporulationsstärke wurde aus den Einzelwerten von zwei Wiederholungen im Rollgewächshaus der Bayerischen Landesanstalt für Landwirtschaft (LfL) berechnet. Insgesamt stehen fünf Einzelwerte aus drei Jahren als Datengrundlage zur Verfügung. Es wurde das Fahnenblatt und das darunter gelegene F-1 Blatt mikroskopisch auf *Rcc*-typische Sporulation untersucht. Die Auswertung der Befallswerte zeigt extreme Unterschiede im Befall zwischen trockengestresster Gerste und den bewässerten Kontrollpflanzen im eingegrenzten Sortiment, wobei unter Trockenstress die Kandidaten überwiegend weniger stark befallen wurden. Besonders gering anfällig – unabhängig von Trockenstress oder Bewässerung – sind die Kandidaten IPZ 24727 und Grace.

4.2.5 Diskussion der Freiland- und Rollgewächshausversuche

Die Untersuchungen zu den Pathophänotypen über drei Versuchsjahre bestätigen, dass sich die getesteten Genotypen hinsichtlich ihrer Krankheitsresistenz gegenüber *F. culmorum* und *F. avenaceum* unterscheiden. Einige Genotypen zeigen auch über die Versuchsjahre hinweg eine stabil geringe oder hohe Anfälligkeit. Für alle Genotypen stehen zusätzlich Daten zur Resistenz gegenüber anderen Krankheiten zur Verfügung (Abbildung 3). Gemessen am Mangel an genetischen Ressourcen für Fusariumresistenz im Europäischem Sortenmaterial sind die identifizierten wenig anfälligen Genotypen (z.B. Eunova und IPZ 24727 [12]) von unmittelbarem und hohem Wert für die Sommergerstenpflanzenzüchtung und die Anbauer

[8]. Die Versuchssysteme und Inokulationsmethoden haben sich für die Selektion differenzierender Genotypen in Bezug auf die Fusariumresistenz bewährt. Ohne künstliche Inokulation war eine differenzierende Sortenbeschreibung bisher kaum möglich. Die Inokulation durch Einstreuen des Inokulums auf den Boden ist als Erhöhung des natürlichen bodenbürtigen Inokulums zu betrachten und ist somit nah am natürlichen Infektionsprozess. Somit ist es erstmalig gelungen, unter bayerischen Bedingungen ein für Züchtung und Anbau relevantes Gerstengenotypensortiment in Bezug auf seine Fusariumresistenz zu bewerten [13]. Außerdem konnten erste genetische Marker identifiziert werden, die dem DNS Gehalt von *Fusarium culmorum* im Versuchsjahr 2016 assoziiert waren. Diese müssen weiter validiert werden. In Weizen und Gerste ist Kurzstrohigkeit in vielen Fällen mit erhöhter Anfälligkeit gegen Ährenfusariosen assoziiert [14]. Unsere Daten zeigen nun, dass das gleichermaßen für die Europäischen Gersten in bayerischer Umwelt gilt. Man geht davon aus, dass Regenspritzer-verbreitetes, bodenbürtiges Inokulum leichter auf die Ähre gelangt, wenn die Pflanze von geringer Wuchshöhe ist. Alternativ könnten die Kurzstrohigkeitgene die Blütenarchitektur der Pflanze oder ihre physiologische Anfälligkeit beeinflussen. Alternative Modelle schlagen vor, dass die Kurzstrohigkeitgene mit der Anfälligkeit genetisch gekoppelt aber nicht ursächlich sind. Unabhängig vom Mechanismus konnte hier aber gezeigt werden, dass kurzstrohige Gerstenkultivare anfälliger für Fusariuminfektionen der Ähre sind als langstrohige.

Im Rollgewächshaus war der Krankheitsdruck generell geringer und für Fusariuminfektionen zu gering, um bewertet werden zu können. Für RLS und PLS konnten aber im Rollgewächshaus Stresskombinationsexperimente etabliert und ausgewertet werden. Dabei zeigte sich, dass die unbewässerten, trockengestressten Gersten generell weniger Blattfleckensymptome, *Rcc* Sporulation und *Rcc* DNS Gehalte aufwiesen. Damit bestätigen sich vorhergehende Vermutungen, dass *Rcc* Blattnässe benötigt, um voll virulent zu sein [3]. Da RLS unter kontrollierten Bedingungen im Gewächshaus nicht zuverlässig auftritt und künstliche Inokulation mit *Rcc* schwierig ist, ist somit erstmalig gelungen, die Umweltabhängigkeit dieser Krankheit direkt und im Freiland nachzuweisen. Es bleibt unklar, ob Pflanzenstress-assoziierte Prozesse (Pflanzeninhaltsstoffe, Signalprozesse) zur geringeren Anfälligkeit der Pflanzen beigetragen haben. Es ist aber festzuhalten, dass sich genotypabhängige Reaktionen der Ramulariaresistenz zeigen, was unterstreicht, dass die Züchtung auf Ramulariaresistenz in verschiedenen Umwelten durchgeführt werden muss.

Ähnlich wie für die Fusariumpilze konnte auch für *Rcc* und Blattfleckenkrankheiten (RLS und PLS) eine Bewertung der Resistenz im Gerstengenotypensortiment vorgenommen werden. Es wurden Genotypen identifiziert, die über mehrere Versuchsjahre hinweg im Durchschnitt wenig Krankheitssymptome zeigten und wenig *Rcc*-DNS aufwiesen. Diese stehen direkt der Züchtung und dem Anbauer zur Verfügung [15]. Als wenig anfällig können gelten: IPZ 24727, Grace und Umbrella.

4.3 Die genetische Struktur des Blattpathogens *Rcc*

Rcc ist ein erst seit etwa 40 Jahren relevantes Pathogen in der Gerstenproduktion und daher wurde sein vermehrtes Auftreten mit der globalen Erwärmung in Zusammenhang gebracht [3]. Um das Pathogen besser zu verstehen, wurde parallel, finanziert aus anderen Quellen,

die Genomstruktur von *Rcc* und einer Kollektion von 19 weltweiten Isolaten analysiert. Der Pilz zeigt eine genomweit einheitliche Evolutionsgeschwindigkeit (*one-speed genome*) und Ähnlichkeit zu bekannten Weizenpathogenen wie *Zymoseptoria tritici*. Im Vergleich zu diesem Weizenpathogen und innerhalb der Spezies zeigt *Rcc* wenig Anzeichen für eine kürzliche Evolution von Virulenzfaktoren [11, 16].

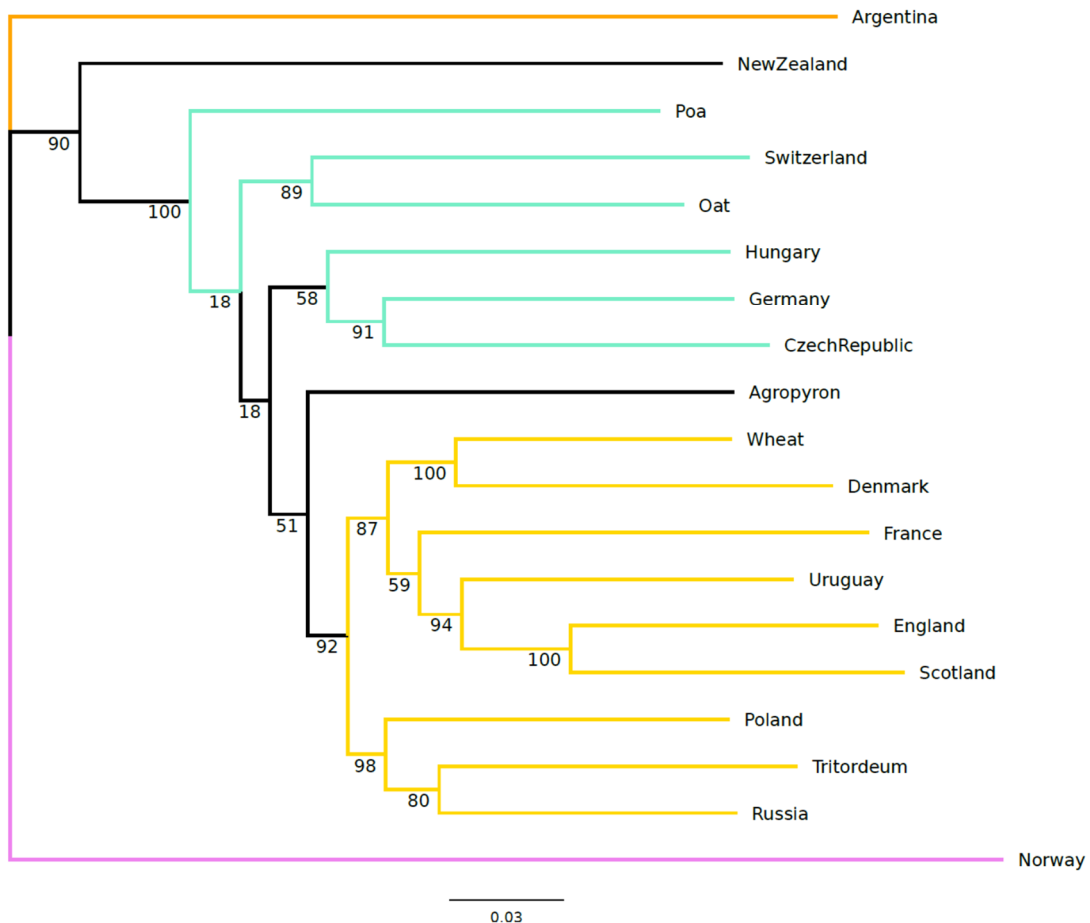


Abbildung 8: *Rcc* Isolate zeigen wenig Substruktur in einer globalen Isolatkollektion. 19 Isolate aus unterschiedlichen globalen Herkunftsregionen und unterschiedlichen Wirtspflanzen wurden sequenziert und auf genomische Unterschiede untersucht. Die phylogenetische Rekonstruktion der Isolate zeigt wenig geographische oder biologische Struktur. Zwei Ausreißer werden beobachtet. Ansonsten sind die *bootstrap* Unterstützungen der Verzweigung des Stammbaums oft gering, was wahrscheinlich durch genetische Durchmischung der Population zu erklären ist. Die Hauptcluster sind farblich abgegrenzt [11].

Im Rahmen dieses Projektes konnte dann untersucht werden, ob die geographische Herkunft der Isolate und damit ihre klimatische Anpassung mit ihrer Genomstruktur zu assoziieren ist. Insgesamt wurde im Gesamtgenomvergleich, basierend auf 162.045 zuverlässigen Einzelnukleotidpolymorphismen, wenig Substruktur in den 19 Isolaten gefunden, die sich über die geografische Herkunft oder die Wirtspflanze, aus der die Isolate

gewonnen wurden, erklärt (Abbildung 8). Allerdings bildeten die Isolate aus den nördlichsten und südlichsten Herkunftsregionen Gruppen, die vom Rest der globalen Kollektion getrennt zu sein scheinen (Abbildung 8).

4.3.1 Diskussion: Genomstruktur und historische Epidemieentwicklung

Rcc scheint sich von anderen Pilzen der gleichen Pilzfamilie (Dothideomyceten) und innerhalb der Spezies kürzlich nicht sehr stark evolutiv entwickelt zu haben. Somit ist die kürzlich auftretende Problematik mit diesem Erreger vermutlich nicht durch die Evolution neuer Virulenzeigenschaften zu erklären. Das deutet auf Umweltfaktoren oder eine erhöhte Anfälligkeit der modernen Gerstenkultivare hin. In der Population gab es wenig klar geographisch erklärte Substrukturen aber zwei Ausreißer, so dass eine geographische Anpassung (ggf. auch an das lokale Klima) nicht ausgeschlossen werden kann. Die Vergleiche der jahresspezifischen Wetterdaten und der DNS-Gehalte in den historischen Proben (Anhang Abbildung A2) ergaben aber keine starke Assoziation. Es bestand nur eine generelle Korrelation zwischen ansteigenden Temperaturen im Mai/Juni und erhöhten DNS Gehalten im Erntegut der Wintergerste aber nicht der Sommergerste. Wegen der fehlenden jahresspezifischen Assoziation der Effekte, kann die Temperatur auf dieser Grundlage aber nicht als ursächlich angesehen werden.

4.4 Kombinationsstressexperimente unter kontrollierten Bedingungen

Mit ausgesuchten Gerstengenotypen mit in den Versuchsjahren 2016 und 2017 vergleichsweise hoher oder niedriger Fusariumanfälligkeit im Feld wurden Stresskombinationsexperimente im Gewächshaus durchgeführt, um festzustellen, ob sich Trockenstress auf die Pathogenese von *Fusarium* spp. auswirkt und ob Genotyp-Umweltinteraktionen festzustellen sind. Dazu wurde die Methodik der Trockenstressapplikation im Gewächshaus entwickelt. Generell reagierten die Genotypen mit unterschiedlich schneller Abreife und Chlorophyllabbau auf den Trockenstress, der entweder vor oder nach der Blüte appliziert wurde. In wiederholten Experimenten erhöhte Trockenheit nach der Blüte und Inokulation der Ähre tendenziell die Anfälligkeit gegen *Fusarium culmorum* und *Fusarium avenaceum* (Abbildung 9). Trockenstress, der vor der Blüte und Blüteninokulation appliziert wurde, reduzierte in den meisten Fällen die Anfälligkeit. Es zeigten sich aber auch Genotyp-Umweltinteraktionen, in denen besonders die anfälligsten Genotypen stark vom Trockenstress profitieren konnten (Abbildung 10). Für das Kultivar Palmella Blue wurde dieser Effekt in vier unabhängigen Inokulationsexperimenten bestätigt. Der Trockenstress wirkte sich auch genotypenabhängig auf die Entwicklung von symptomatischen Körnern aus (Anhang, Abbildung A4).

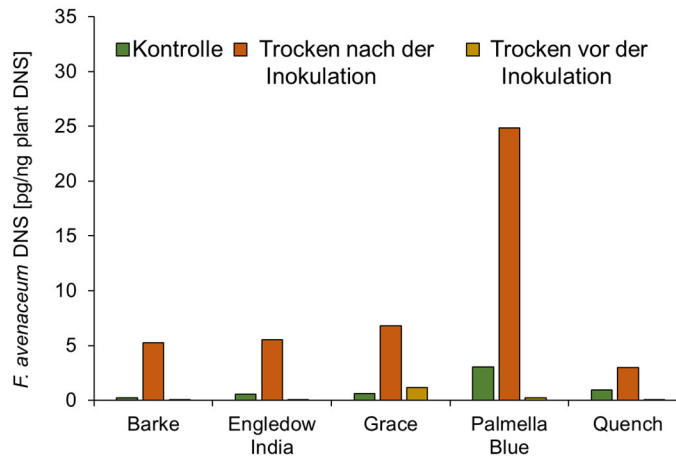


Abbildung 9: *Fusarium avenaceum* DNS Gehalte im Erntegut nach Trockenstressapplikation und künstlicher Inokulation. Fünf Gerstenkultivare wurden zum Beginn der Blüte Trockenstress durch Gießstop ausgesetzt und 7 Tage später die offene Blüte mit einer Sporensuspension von *Fa* inokuliert. Alternativ wurde der Gießstop 1 Woche nach der Inokulation appliziert oder durchgehend bewässert (Kontrolle). Die abgereiften Körner wurden als Proben für die DNS Extraktion genutzt, um den Inokulationserfolg und die Anfälligkeit der Pflanzen zu bestimmen. Unabhängige Wiederholungen der Experimente führten zu ähnlichen Ergebnissen.

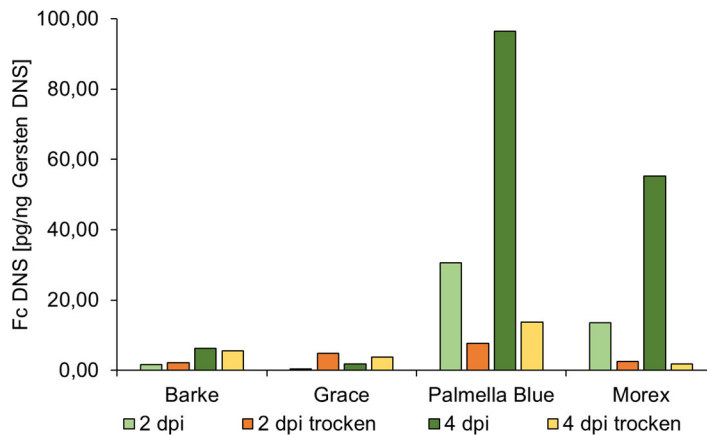


Abbildung 10: *Fusarium culmorum* DNS Gehalte in der Ähre nach Trockenstressapplikation und künstlicher Inokulation. Vier Gerstenkultivare wurden zum Beginn der Blüte Trockenstress durch Gießstop ausgesetzt und 7 Tage später die offene Blüte mit einer Sporensuspension von *Fc* inokuliert. 2 und 4 Tage post Inokulation (dpi) wurden Proben für die DNS Extraktion genommen, um den Inokulationserfolg und die Anfälligkeit der Pflanzen zu bestimmen. Eine unabhängig wiederholte DNS Extraktion bestätigte die Ergebnisse.

4.4.1 Diskussion der Kombinationsstressexperimente

Es konnten experimentelle Versuchsdesigns entworfen werden, unter denen zuverlässig und kontrolliert Trockenstress im Gewächshaus an Gerste appliziert werden konnte, welcher dann reproduzierbar die Anfälligkeit gegen *Fusarium* spp. beeinflusste. Als generelle Beobachtung kann festgehalten werden, dass sowohl der Zeitpunkt der Trockenstressapplikation vor oder nach der Inokulation als auch die basale Anfälligkeit der Gerste entscheidend bewirkten, ob und in welcher Weise der Trockenstress die Anfälligkeit gegenüber *Fusarium* spp. beeinflusste. So verringerte Trockenstress vor dem Pathogenkontakt die Anfälligkeit, was insbesondere in hoch anfälligen Genotypen deutlich war. Im Gegensatz dazu erhöhte Trockenstress die Anfälligkeit gegen Fusariuminfektion in allen Genotypen, aber auch hier waren die Effekte am deutlichsten in schon basal anfälligen Genotypen. Für die Praxis könnte das bedeuten, dass die basale Fusariumresistenz auch in Trockenstresssituationen einen Teil ihrer Wirkung behält, während anfällige Genotypen je nach Zeitpunkt der eintretenden Trockenheit sogar superanfällig werden können. Das betont insgesamt die Notwendigkeit, eine basale Fusariumresistenz auch in Sorten zu etablieren, die auf trockenen Standorten angebaut werden sollen.

4.5 Fusariumtoxine

Aus den Feldversuchen der TUM mit Fusariuminokulation wurden Proben für die Mykotoxinbestimmung genommen und dem Analytiklabor zur Analyse von Trichothecenen und Enniatinen übergeben. Die Ergebnisse sollen klären, ob die für Verbraucher und Tierwohl wichtigen Toxindaten mit den DNS-Gehalten der Pilze und den Resistenzen der Gerstengenotypen korreliert werden können. Unsere Vorarbeiten haben bereits gezeigt, dass die *Fusarium* DNS Gehalte gut mit den Toxingehalten korrelieren [17].

4.6 Identifizierung von Genotypen mit multipler Stressresistenz

Tabelle 1: Kategorisierung der Krankheitsresistenz klimaangepasster Gerstensorten*

Gerstensorte	Stabilitätsindex (LFL)**	Fusariumresistenz		RLS-Resistenz
		F _c	F _a	
STRG690/16	A	C	A	A
B0001	A	B	B	B
STRG695/16	A	A	B	A
B0004	A	B	B	C
B3162	A	B	A	A
STRG689/12	A	A	B	A
Propino	A	A	A	B
12/667/25	A	B	B	A
Aischa	A	C	B	C
B3914	A	B	A	C
Shakira	A	B	A	B
Marnie	A	A	A	B
B3482	A	A	B	A
Eunova	B	A	A	B
Iron	B	A	A	A
IPZ 24727	B	A	A	A
Umbrella	B	A	A	A
Barke	C	A	A	C
STRG706/16	C	C	C	B

* beruht auf Daten aus ein bis drei unabhängigen Versuchen in den Jahren 2016 - 2018 mit Inokulation der *Fusarium* spp. und natürlicher Infektion durch *Rcc*. A, erstes Drittel der getesteten Genotypen; B, mittleres Drittel; C, letztes Drittel. ** beruht auf Daten zur Stabilität von mehreren Ertragsparametern (Ertrag, Sortierung über 2,5 mm (Vollgerstenanteil), Tausendkorngewicht, Sortierung über 2,8 mm) über mehrere Standorte und Versuchsjahre (zur Verfügung gestellt von Dr. J. Groth, Bayerische Landesanstalt für Landwirtschaft, TP6).

Basierend auf Ertragsparametern, die von der LfL, privaten Züchtern und der TUM erhoben wurden, hat der Projektpartner LfL einen Stabilitätsindex errechnet, der die 59 getesteten Genotypen nach ihrer Ertragsstabilität einordnet (siehe Bericht der LfL TP6). Ziel dieses Teilprojektes war es, die Krankheitsresistenz klimaangepasster Gerstengenotypen zu bewerten. Dabei sollten multiresistente Genotypen identifiziert werden aber auch Vergleichsvarianten, die in Versuchen in Zukunft als anfällige Kontrollen dienen können. Daher haben wir die zehn ertragsstabilsten Gerstengenotypen (Kategorie A in Tabelle 1) und weitere ausgesuchte stabile und instabile Genotypen nach ihrer Krankheitsresistenz gegen

Ährenfusariosen und RLS bewertet und diese Bewertung in Tabelle 1 zusammengefasst. Die Übersicht zeigt, dass einige der ertragsstabilsten (klimaangepassten) Gersten außerdem gegen Krankheiten moderat (Kategorie B) oder gut resistent waren (Kategorie A). Nur wenige ertragsstabile Genotypen zeigen geringe Resistenz gegen einzelne Krankheiten (Kategorie C). Es existieren aber auch einzelne Genotypen, die wenig ertragsstabil (Kategorie C) und hoch anfällig gegen zumindest 2 von 3 Pathogenen sind.

4.7 RNA Isolation und Sequenzierung aus Kombinationsstressexperimenten

Um zu verstehen, wie sich die physiologische Antwort von resistenten und anfälligen Gersten auf Trockenstress, Fusariuminfektion oder beide Stressfaktoren gestaltet, ob die Stressantworten genotypabhängig sind und ob sich die Stressantworten gegenseitig beeinflussen, sollte die globale Genexpressionsantwort der Gerste untersucht werden. Die in 4.4 beschriebenen Experimente wurden wie geplant genutzt, um parallel Proben für die RNS-Extraktion zu gewinnen. Die RNS wird zurzeit aus drei unabhängigen Wiederholungen isoliert [18] und soll an den RNS Sequenzierservice der TUM übergeben werden. Wir erwarten erste Ergebnisse bis zur Abschlussveranstaltung Ende Januar 2019. Die exakte Auswertung der Ergebnisse wird über den Projektzeitraum hinaus bis zur Publikation andauern und mit Mitteln des Lehrstuhls weiter finanziert.

5 Veröffentlichungen im Rahmen des Projekts

Im Rahmen dieses Projekts wurde ein begutachteter Opinion-Artikel publiziert, eine begutachtete Originalarbeit (*open access*), ein einleitender Übersichtsartikel über eine von Thomas Dresselhaus und Ralph Hückelhoven herausgegebene Sonderausgabe des *open access Journals Agronomy*, ein Magazinbeitrag, ein Tagungsabstract sowie eine zitierfähige Vorveröffentlichung (*preprint, open access*).

Außerdem wurden Teile der Arbeiten in 9 Postern und Vorträgen präsentiert. Eine weitere Originalarbeit ist zur Veröffentlichung eingereicht und weitere sind geplant.

Opinion-Artikel:

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.

Begutachtete Originalarbeit:

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*, 10, 3243-3249.

Editorial zu einer Sonderausgabe des *open access Journals Agronomy*:

Dresselhaus, T., Hückelhoven, R. (2018): Biotic and Abiotic Stress Responses in Crop Plants. *Agronomy* 8, 267 (6 Seiten)

Magazinbeitrag:

Hofer, K., Hess, M. (2017): Ährenfusariosen in der Braugerste – ein vielschichtiges Problem. *Getreidemagazin* 23, 14-17.

Publizierter Tagungsbeitrag:

Hoheneder F., Hess M., Herz M., Hückelhoven R. (2017): Krankheitsresistenz klimaangepasster Gerstensorten. *Journal für Kulturpflanzen* 69, 213-214.

Zitierfähige Vorveröffentlichung (preprint):

Stam, R., Sghyer, H., Münsterkötter, M., Pophaly, S., Tellier, A., Güldener, U., Hückelhoven, R., and Hess, M. (2017): The evolutionary history of the current global *Ramularia collo-cygni* epidemic. *bioRxiv*, 215418. (Preprint, 36 Seiten)

Ein weiteres Manuskript ist zur Publikation eingereicht:

Hofer, K., Hückelhoven, R., Hess, M. (unter Revision): Analysis of archive samples of spring and winter barley support an increase of individual *Fusarium* species in Bavarian barley grain over the last decades.

Vorträge:

Felix Hoheneder; Ralph Hückelhoven & Michael Heß; 30./31.01.2017, "Krankheitsresistenz von klimangepassten Gerstensorten". DPG Arbeitskreis Getreidekrankheiten: JKI/Braunschweig,

Felix Hoheneder, Ralph Hückelhoven & Michael Heß; 29./30.01.2018, "Aktuelle Ergebnisse zur Krankheitsresistenz klimaangepasster Gerstensorten". DPG Arbeitskreis Getreidekrankheiten, JKI/Braunschweig,

Remco Stam and Michael Heß; 25.2.2018, "Insight into the unique biology of *Ramularia collo-cygni* by the full genome analysis of 19 isolates from a worldwide collection" *Dothideomycetes Comparative Genomics workshop ECFG14 - The 14th European Conference on Fungal Genetics*, to be held on February 25-28, 2018, in Haifa, Israel

Remco Stam, Hind Sghyer, Martin Münsterkötter, Aurelien Tellier, Ralph Hückelhoven, Ulrich Güldener, Michael Heß; 28.2.2018, "The evolutionary history of global *Ramularia collo-cygni* epidemics" CS11, *EVOLUTION AND TAXONOMY, ECFG14 - The 14th European Conference on Fungal Genetics*, to be held on February 25-28, 2018, in Haifa, Israel

Felix Hoheneder, Ralph Hückelhoven & Michael Heß; 11.09.2018, Krankheitsresistenz klimaangepasster Gerstensorten. Deutsche Pflanzenschutztagung, Hohenheim

Michael Heß, Remco Stam, Ralph Hückelhoven; 11.9.2018, "Populationsgenetische Studien des Gerstenpathogens *Ramularia collo-cygni* als Grundlage für das Verständnis der weltweiten Epidemie und Ausblick auf alternative Kontrollmöglichkeiten" 61. DEUTSCHE PFLANZENSCHUTZTAGUNG, 11. bis 14. September 2018 Universität Hohenheim, Stuttgart

Michael Heß; 4.10.2018, "A population genetic approach gives new insights into the epidemiology and control of *Ramularia collo-cygni*". AHDB Cereals & Oilseeds, Ramularia Workshop, Wednesday 3rd and Thursday 4th October 2018, Stansted, United Kingdom

Felix Hoheneder; 27.11.2018 (geplant), "Krankheitsresistenz klimaangepasster Gerstensorten gegenüber *Fusarium* spp. und *Ramularia collo-cygni*". Österreichische Pflanzenschutztagung, Ossiach

Poster:

Felix Hoheneder, Michael Heß & Ralph Hückelhoven; 8.-11. April 2018; "Interaction between spring barley genotypes and *Fusarium* spp. under drought stress.14th European Fusarium Seminar" in Tulln, Österreich

In allen Beiträgen wurde, wie im Bewilligungsschreiben erklärt, auf die Finanzierung durch das StMUV hingewiesen.

6 Vernetzungen

In allen Projektjahren konnten wichtige Daten zur Pathophänotypisierung erhoben werden und Ergebnisse zur Auswahl von Genotypen für die weiteren Untersuchungen abgesichert werden. Das erlaubte einen engen Austausch mit den anderen Gerstenarbeitsgruppen aus dem BayKlimaFit Verbund. Die Ergebnisse wurden bei zwei zentralen Projekttreffen an der Universität Erlangen und an der TUM in Freising vorgestellt und die Daten auf einem Datenserver den Projektpartnern der Universitäten und der Landesanstalt zur Verfügung gestellt. Nach der Verknüpfung mit den Ergebnissen der anderen Arbeitsgruppen wurden relevante Genotypen für das weitere Arbeitsprogramm ausgewählt. Ein Tagungsbeitrag wurde bereits mit der LfL (Dr. Herz) publiziert und mindestens eine weitere Publikation zu den Daten aus dem Rollgewächshaus ist geplant.

7 Bestehende und entstandene Industriebeteiligungen

Aktuelles bayerisches Gerstenzüchtungsmaterial (Sorten und Linien) wurde von den mit dem Projekt assoziierten bayerischen Züchtern zur Verfügung gestellt und in unseren Untersuchungen charakterisiert. Einzelne Züchter haben ihre Versuchsstandorte genutzt, um das Sommergersten-Genotypensortiment unabhängig anzubauen und haben Ertragsdaten zur Verfügung gestellt. Darüber hinaus, hat die TUM einzelnen Züchtern, *Fusarium* spp. Inokulum und Protokolle zur Verfügung gestellt, um ihr Zuchtmaterial zu phänotypisieren. Die Ergebnisse wurden bei den Projekttreffen an die Züchter kommuniziert und können unmittelbar in Entscheidungsprozesse zur Veredelung des Zuchtmaterials mit einfließen.

8 Zusammenfassung

Im Zuge des Klimawandels und der damit einhergehenden Extremwetterereignisse gilt die landwirtschaftliche Produktion von pflanzlichen Rohstoffen als besonders verletzlich. Pflanzen sind in ihrer Eigenschaft als ortsgebundene Lebewesen sehr plastisch in ihrer Reaktion auf sich verändernde Umweltbedingungen. In extremeren Situationen und insbesondere, wenn lokal angepasste Genotypen neuen Herausforderungen durch die Umwelt ausgesetzt sind, erschöpft sich aber das Anpassungspotenzial der Pflanze und starke Ertragsverluste sind die Folge. Die Situation ist dann besonders schwerwiegend und wenig vorhersehbar, wenn mehrere Stressfaktoren gleichzeitig oder nacheinander auf die Pflanze einwirken. Ziel dieses Teilprojektes war es, die Krankheitsresistenz potenziell klimaangepasster Gerstengenotypen zu bewerten und zu verstehen. Dabei fokussierten sich die Versuchsansätze auf zwei schwer zu kontrollierende Krankheiten der Gerste, die *Ramularia leaf spot* Krankheit (RLS, *Ramularia* Sprengelkrankheit, *Ramularia* Blattflecken, verursacht durch den Schlauchpilz *Ramularia collo-cygni*) und Ährenfusariosen (verursacht durch mykotoxinbildende Schlauchpilze der Gattung *Fusarium*).

Um Hinweise auf eine ursächliche Verknüpfung zwischen Klimaerwärmung und dem Auftreten der Krankheiten zu erlangen, wurden bayerische Archivkörnerproben aus den letzten sechs Jahrzehnten untersucht. Das zeigte ein sich über die Jahre veränderndes Spektrum an *Fusarium* spp. in der Gerste und insgesamt ein Ansteigen der *Fusarium*- und *R. collo-cygni* Gehalte in den Ernteproben. Der Trend war insgesamt mit den ansteigenden Temperaturen zur Anbauzeit in Bayern korreliert aber die Assoziation zu den Jahreseinzelwetterdaten war nicht stark, so dass man zurzeit keine kausalen Zusammenhänge zwischen den Klimadaten und dem Anstieg der Krankheitsproblematik postulieren kann.

Ein von mehreren Gerstenteilprojekten genutztes Sommergersten-Genotypensortiment wurde in drei aufeinanderfolgenden Jahren in Feldversuchen angebaut und in Bezug auf seine allgemeine Blattgesundheit und im Speziellen auf RLS am Blattapparat und Fusariumgehalte im Korn/Erntegut untersucht. Die etablierten Inokulations- und Pathophänotypisierungsprotokolle ermöglichten es dabei, innerhalb des Sortiments von 59 Genotypen eine starke Differenzierung zu dokumentieren, so dass die basale Krankheitsresistenz dieser Genotypen gut charakterisiert werden konnte. Es stehen den Anbauern und Züchtern damit nun krankheitsresistente Sommergerstengenotypen für den Anbau oder die züchterische Verwertung zur Verfügung.

In Kleinstparzellen (2016, 2017; 59 Genotypen) und Kleinparzellen (2018, 15 aufgrund von Daten aus 2016 und 2017 ausgesuchte Genotypen) wurden Trockenstressexperimente im Rollgewächshaus der LfL (Teilprojekt 6) durchgeführt. Dabei ergab sich über drei Jahre das klare Bild, dass RLS durch Trockenstress der Gerste stark unterdrückt wird. Es zeigte sich aber auch eine Genotyp x Trockenstressinteraktion in Bezug auf die Resistenzausprägung unter Feldbedingungen.

Kombinationsstressexperimente im Gewächshaus mit ausgesuchten hoch oder wenig anfälligen Gerstengenotypen erbrachten, abhängig vom Applikationszeitpunkt von

Trockenstress, eine Erhöhung oder Erniedrigung der Anfälligkeit gegenüber Ährenfusariosen. Dabei waren die Trends in den basal hoch anfälligen Sorten jeweils besonders ausgeprägt, d. h. sie profitierten beziehungsweise litten am stärksten unter dem Trockenstress. Insgesamt empfehlen wir den Anbau hier identifizierter basal resistenter Sorten, um das Gesamtrisiko einer Fusariuminfektion auch an Trockenstandorten zu senken.

Eine Synopsis unserer Daten, derer der LfL und derer von beteiligten Pflanzenzüchtern erlaubte einen von der LfL entwickelten Stabilitätsindex (beurteilt die Stabilität des Ertrages über verschiedene Umwelten und Versuchsjahre) zu nutzen, um klimaangepasste und gleichzeitig krankheitsresistente Gerstensorten und Züchtungsgenotypen zu identifizieren. Tatsächlich waren unter den zehn ertragsstabilsten Sorten und Genotypen die meisten moderat oder gut krankheitsresistent. Darüber hinaus wurden gut krankheitsresistente Gersten mit moderater Ertragsstabilität identifiziert.

Insgesamt zeigte sich eine starke Interaktion zwischen Trockenstress und dem Auftreten und der Schwere von Pflanzenkrankheiten. Es wurden krankheitsresistente Gerstengenotypen identifiziert, die über viele Umwelten ertragsstabil sind und somit eine gute Grundlage für den Anbau unter veränderlichen Umweltbedingungen darstellen. Die Daten liefern auch eine Grundlage zur weiteren Verbesserung des Stressresistenzpotenzials der Sommergerste.

9 Ausblick

Die hier gewonnenen Erkenntnisse sind von unmittelbarem Nutzen für den Anbau und die Züchtung von klimaangepassten Sommergerstengenotypen mit guter Resistenz gegen wichtige Gerstenkrankheiten. Ähnliche Untersuchungen sollten auch für die Wintergerste etabliert werden, wo die Fusariumproblematik wenig bearbeitet ist. Darüber hinaus besteht großer weiterer Forschungsbedarf und das Potenzial, die gewonnenen Erkenntnisse weiter züchterisch und wissenschaftlich zu nutzen: Mit Hilfe einer globalen molekularen DNS-Markeranalyse unterstützt durch die LfL (genomweite Assoziationsstudie, vorläufige Ergebnisse liegen vor) könnten wir untersuchen, in wieweit sich bekannte oder neue genetische Loci für Krankheitsresistenz in unserem Genotypensortiment finden lassen. Wir werden unsere Genexpressionsdaten unterstützt durch das HelmholtzZentrum München im Detail auswerten und könnten dann die physikalische Position differenziell exprimierter Gene überprüfen. Das kann Hinweise auf eine Kolo-kalisation mit genomischen Markern für Krankheitsresistenz und damit auf Kausalität der Gene geben. Die von uns ermittelten Krankheitsphänotypen sind so stark differenziell, dass es möglich wäre, auch biparentale Kreuzungen zu etablieren und die Nachkommen einer DNS-Markeranalyse und einer Phänotypisierung zu unterziehen, um Anzahl und Stärke einzelner genetischer Resistenzloci zu bestimmen und molekulare Marker für die praktische Pflanzenzüchtung zu etablieren. Unsere Daten zeigen eine genotypabhängige Interaktion von Trockenstress und Krankheitsstress in Gerste. Wir erwarten, dass sich das in der Genexpressionsantwort der Gerste widerspiegelt, sodass wir erstmalig einen Einblick in die Anpassungsstrategie der Gersten an multiplen Stress erhalten. Diese Ergebnisse sollten in unabhängigen Exakt- und Feldversuchen bestätigt werden. Abhängig von den Details dieser Ergebnisse könnten wir grundlegende Forschungsansätze zur multiplen Stressresistenz in Kulturpflanzen entwickeln.

Literaturverzeichnis

- [1] Fujita, M., Y. Fujita, Y. Noutoshi, F. Takahashi, Y. Narusaka, K. Yamaguchi-Shinozaki, and K. Shinozaki (2006). Crosstalk between abiotic and biotic stress responses: a current view from the points of convergence in the stress signaling networks. *Current opinion in plant biology* 9: 436-442.
- [2] Atkinson, N.J. and P.E. Urwin (2012). The interaction of plant biotic and abiotic stresses: from genes to the field. *J Exp Bot* 63: 3523-43.
- [3] Havis, N.D., J.K. Brown, G. Clemente, P. Frei, M. Jedryczka, J. Kaczmarek, M. Kaczmarek, P. Matusinsky, G.R. McGrann, S. Pereyra, M. Piotrowska, H. Sghyer, A. Tellier, and M. Hess (2015). *Ramularia collo-cygni*-An Emerging Pathogen of Barley Crops. *Phytopathology* 105: 895-904.
- [4] Linkmeyer, A., K. Hofer, M. Rychlik, M. Herz, H. Hausladen, R. Huckelhoven, and M. Hess (2016). Influence of inoculum and climatic factors on the severity of Fusarium head blight in German spring and winter barley. *Food Addit Contam Part A Chem Anal Control Expo Risk Assess* 33: 489-99.
- [5] McGrann, G.R., A. Steed, C. Burt, R. Goddard, C. Lachaux, A. Bansal, M. Corbitt, K. Gorniak, P. Nicholson, and J.K. Brown (2015). Contribution of the drought tolerance-related stress-responsive NAC1 transcription factor to resistance of barley to *Ramularia* leaf spot. *Mol Plant Pathol* 16: 201-9.
- [6] Brown, J. and J. Rant (2013). Fitness costs and trade-offs of disease resistance and their consequences for breeding arable crops. *Plant Pathology* 62: 83-95.
- [7] Hofer, K., A. Linkmeyer, K. Textor, R. Huckelhoven, and M. Hess (2015). MILDEW LOCUS O Mutation Does Not Affect Resistance to Grain Infections with *Fusarium* spp. and *Ramularia collo-cygni*. *Phytopathology* 105: 1214-9.
- [8] Hückelhoven, R., K. Hofer, A. Coleman, and M. Heß (2018). Fusarium infection of malting barley has to be managed over the entire value chain. *Journal of Plant Diseases and Protection* 125: 1-4.
- [9] Xie, W., W. Xiong, J. Pan, T. Ali, Q. Cui, D. Guan, J. Meng, N.D. Mueller, E. Lin, and S.J. Davis (2018). Decreases in global beer supply due to extreme drought and heat. *Nat Plants* 4: 964-973.
- [10] Hofer, K., G. Barmeier, U. Schmidhalter, K. Habler, M. Rychlik, R. Huckelhoven, and M. Hess (2016). Effect of nitrogen fertilization on Fusarium head blight in spring barley. *Crop Protection* 88: 18-27.
- [11] Stam, R., H. Sghyer, M. Münsterkötter, S. Pophaly, A. Tellier, U. Güldener, R. Hückelhoven, and M. Heß (2017). The evolutionary history of the current global *Ramularia collo-cygni* epidemic. *bioRxiv*: 215418.
- [12] Behn, A., L. Hartl, G. Schweizer, and M. Baumer (2005). Molecular mapping of QTLs for non-parasitic leaf spot resistance and comparison of half-sib DH populations in spring barley. *Euphytica* 141: 291-299.
- [13] Hofer, K. and M. Hess (2017). Ährenfusariosen in der Braugerste – ein vielschichtiges Problem. *Getreidemagazin* 23: 14-17.
- [14] Buerstmayr, H. and M. Lemmens (2015). Breeding healthy cereals: genetic improvement of Fusarium resistance and consequences for mycotoxins. *World Mycotoxin Journal* 8: 591-602.
- [15] Hoheneder, F., M. Hess, M. Herz, and R. Hückelhoven (2017). Barley_Fit, Krankheitsresistenz klimaangepasster Gerstensorten. *Journal für Kulturpflanzen* 69: 213-214.
- [16] Stam, R., M. Münsterkötter, S.D. Pophaly, L. Fokkens, H. Sghyer, U. Güldener, R. Hückelhoven, and M. Hess (2018). A new reference genome shows the one-speed genome structure of the barley pathogen *Ramularia collo-cygni*. *Genome biology and evolution*.

-
- [17] Linkmeyer, A., M. Goetz, L. Hu, S. Asam, M. Rychlik, H. Hausladen, M. Hess, and R. Hüchelhoven (2013). Assessment and Introduction of Quantitative Resistance to Fusarium Head Blight in Elite Spring Barley. *Phytopathology* 103: 1252-1259.
- [18] Hofer, K., C. Geißinger, C. König, M. Gastl, R. Hüchelhoven, M. Heß, and A.D. Coleman (2016). Influence of Fusarium isolates on the expression of barley genes related to plant defense and malting quality. *Journal of Cereal Science* 69: 17-24.

Anhang

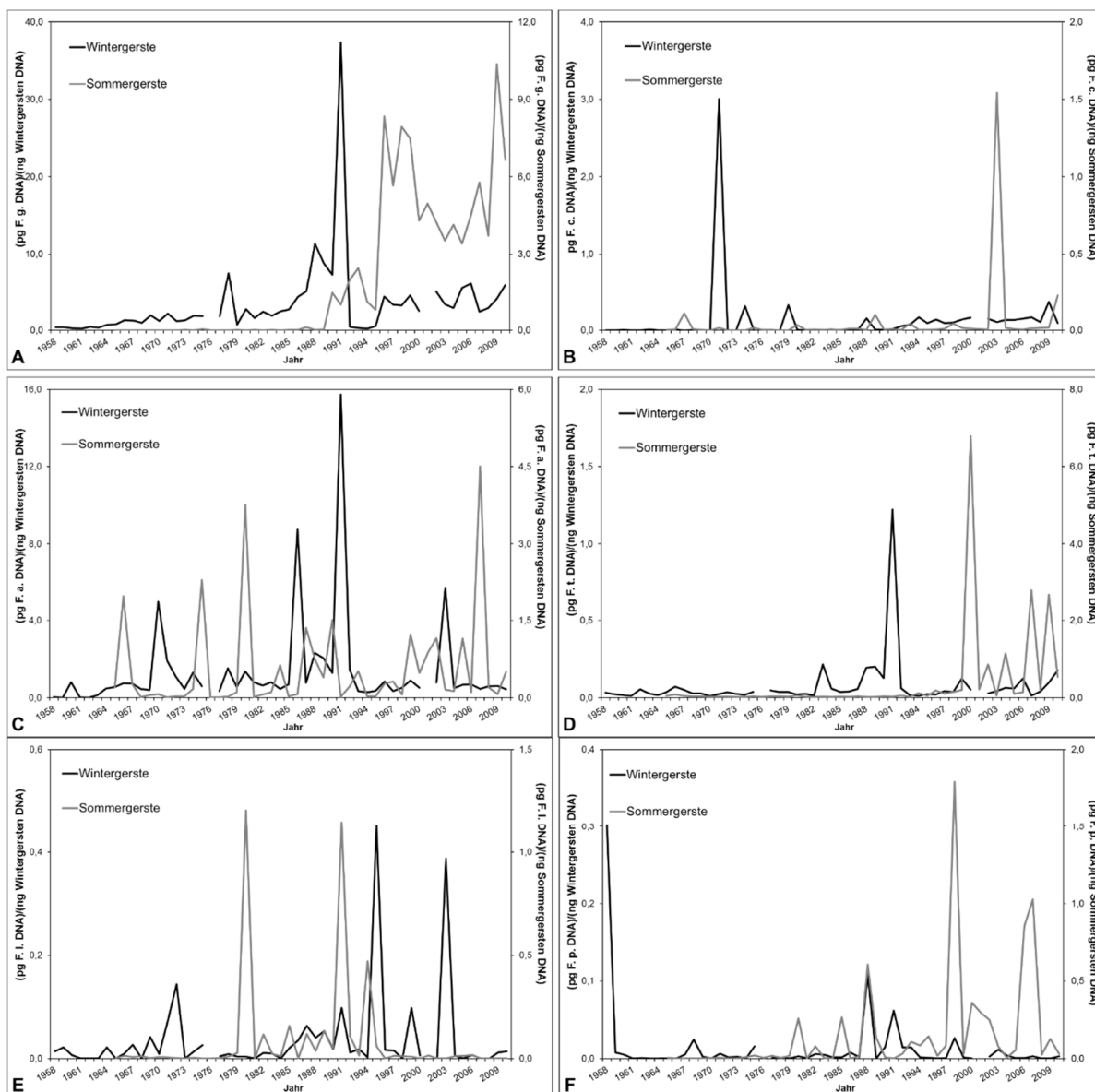


Abbildung A1: Durchschnittliche DNS-Gehalte (in der Abbildung Englisch DNA) verschiedener *Fusarium* Arten in bayerischen Archivproben von Sommer und Wintergerste aus den Jahren 1958 - 2010 (WG) bzw. 1965 - 2010 (SG). Abbildung A: *Fusarium graminearum*, F.g., B: *Fusarium culmorum*, F.c., C: *Fusarium avenaceum*, F.a., D: *Fusarium tricinctum*, F.t., E: *Fusarium langsethiae* F.l. und F: *Fusarium poae* F.p.. Werte aus 1976 und 2001 fehlen für die Wintergerste. Bitte beachten Sie die unterschiedlichen Y-Achsenkalierungen.

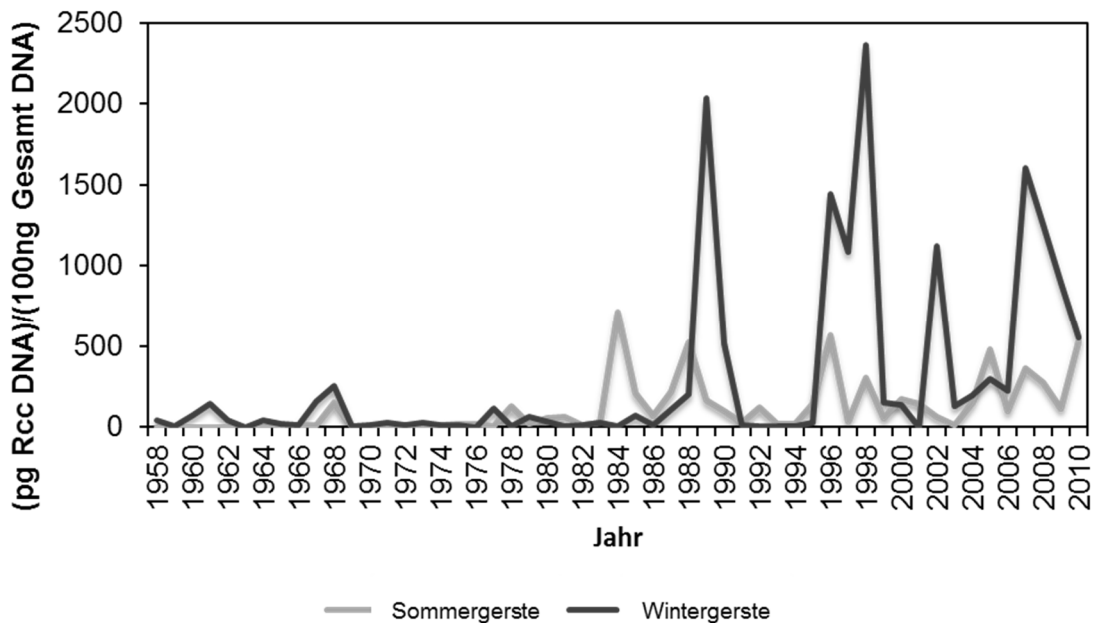


Abbildung A2-: *Ramularia collo-cygni* DNS in bayerischen Archivproben von Winter- und Sommergerste. Werte der durchschnittlichen DNS-Gehalte (in der Abbildung Englisch: DNA) von *Ramularia collo-cygni* in bayerischen Archivproben von Winter- bzw. Sommergerste der Jahre 1958 - 2010 bzw. 1965 - 2010, bestimmt mittels qPCR (pg Rcc DNS)/(100 ng Gesamt DNS).

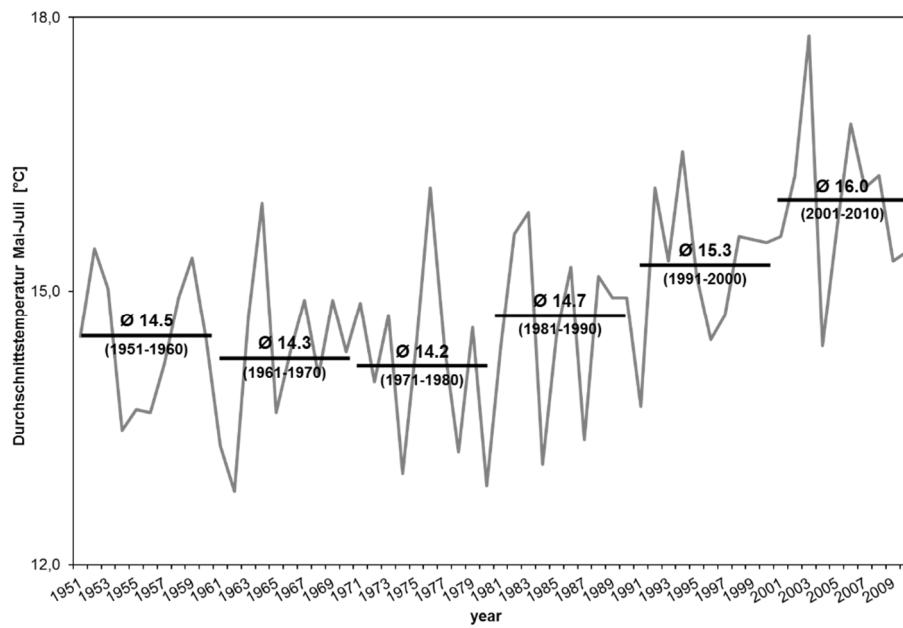


Abbildung A3: Durchschnittliche Temperatur in Bayern der Monate Mai, Juni und Juli berechnet aus den Tagesmittelwerten. Die schwarzen Horizontallinien zeigen die Mittelwerte der Dekaden (Quelle: Deutscher Wetterdienst)

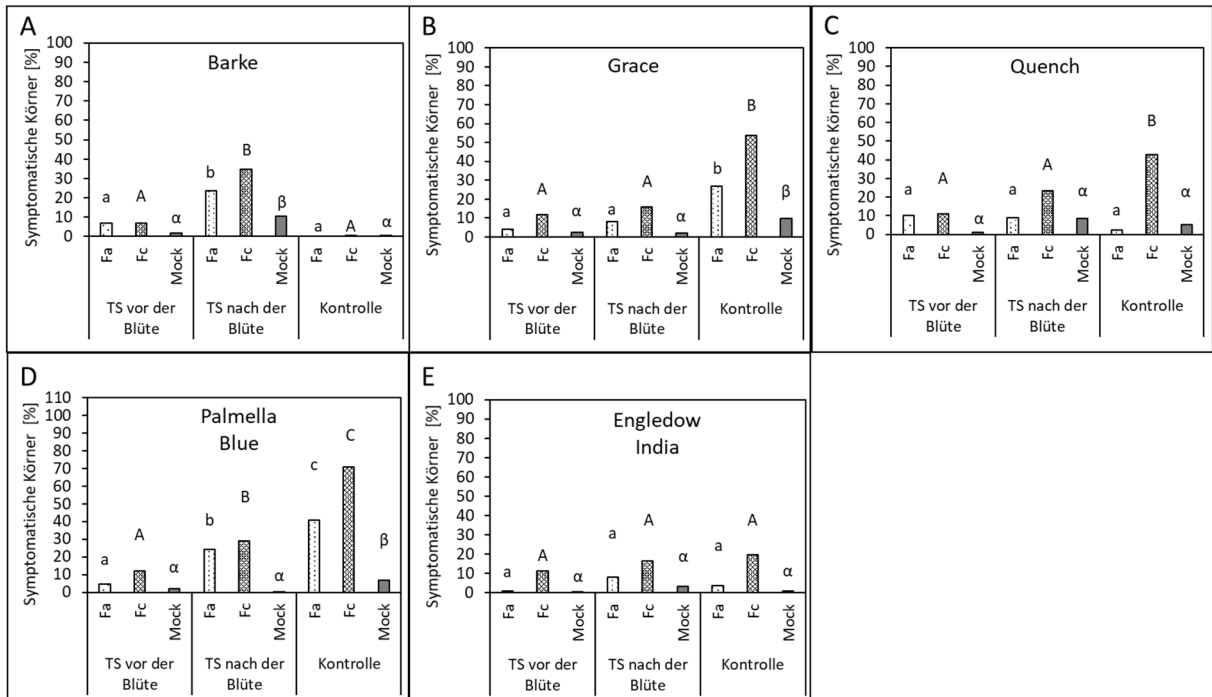


Abbildung A4: Anteil symptomatischer Körner von fünf vorausgewählten Genotypen unter Trockenstress und in der bewässerten Kontrolle nach gezielter Sprühinokulation mit *Fusarium* spp.. Die Pflanzen wurden in einem Gewächshaus angezogen und jeweils eine Woche vor bzw. nach der Vollblüte (BBCH 65-67) nicht mehr gegossen, sodass die Pflanzen Trockenstress zeigten. Die Stress-Reaktion wurde visuell spätestens alle zwei Tage kontrolliert und die Pflanzen nur nach Bedarf mit geringen Mengen Wasser versorgt. Die Kontroll-Töpfe wurden bis zu einem späten Reifestadium der Körner mit Wasser versorgt. Jeweils zum Entwicklungsstadium BBCH 65-67 (Blüte) wurden die Ähren mit Tween-80-haltiger Sporenlösung (50.000 Sporen/mL) bzw. Mock-Lösung (50 µL Tween 80/250 mL destilliertes Wasser) *till run-off* eingesprüht und anschließend für zwei Tage eingetütet. Nach der vollständigen Abreife (BBCH 99) wurden die Ähren geerntet und visuell auf Symptome/Kornverfärbungen bonitiert. Das Stresskombinationsexperiment zeigte für alle getesteten Genotypen einen sichtbaren Befall in den Behandlungen, insbesondere nach Inokulation mit *F. culmorum*. Tendenziell konnten am häufigsten Symptome an den Körnern unter Trockenstress nach der Blüte gefunden werden. Im Vergleich zu den Kontrollen erhöhten sich die Befallswerte der Pflanzen überwiegend unter Trockenstress nach der Blüte. Ein hoher Befall zeigte sich bei Pamella Blue unter Trockenstress nach der Blüte und in der bewässerten Kontrolle von Grace. Griechische und lateinische Buchstaben zeigen Gruppenunterschiede an. Einfaktorielle ANOVA; Tukey-b test, $\alpha = 0,05$. Berechnet mit IBM SPSS 24.