

Entwicklung eines integrierten Pflanzenschutzkonzeptes zur Minimierung des Weizengelbrostes, *Puccinia striiformis* f.sp. *tritici*, in Getreidebeständen

Nicole Sommerfeldt-Impe, Kerstin Flath
Institut für Pflanzenschutz in Ackerbau und Grünland

Weizengelbrost (GR)

- ⇒ verursacht durch obligat biotrophen Pilz, *Puccinia striiformis* f.sp. *tritici*
- ⇒ vor allem an Weizen und Triticale, selten an Gerste und Roggen
- ⇒ Sprossen: leuchtend gelbe Sommer (Uredo)-sporen, streifenförmig zwischen Blattadern
- ⇒ Reife: schwarze Winter(teleuto)sporen an Blattscheiden und Halmen
- ⇒ Verbreitung durch Wind und Regen

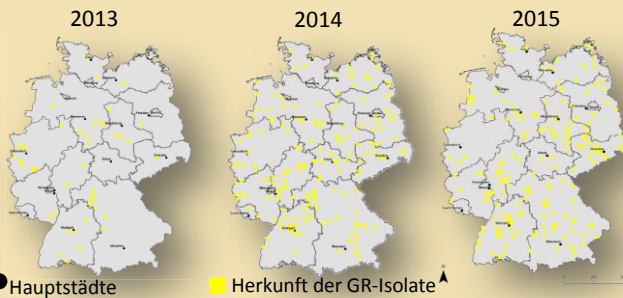


Projekt-Ziele

1. Analyse der deutschen Weizengelbrostpopulationen (Virulenzen, Pathotypen, Diversität)
2. Überprüfung der Sensitivitätseigenschaften der Gelbrostpopulation gegenüber fungiziden Wirkstoffen
3. Identifikation wirksamer rassenspezifischer Gelbrostgene in neuem Weizenzuchtmaterial
4. Phänotypische und molekulare Analyse der Adultpflanzenresistenz ausgewählter Weizenlinien mittels QTL-Kartierung

Analyse der deutschen Gelbrostpopulation

Herkunft der Isolate



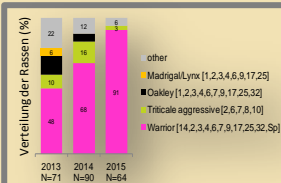
Jahr	Anzahl Proben	Herkunft	vermehrt	getestet
2013	112	44	71 (63%)	71 (100%)
2014	533	213	144 (27%)	90 (63%)
2015	339	177	In Arbeit	64

● Hauptstädte ■ Herkunft der GR-Isolate

- 2013: „normales“ GR Jahr
- 2014: GR Epidemie, 4x mehr Proben als 2013
- 2015: 2x mehr Proben als 2013

Rassenanalyse

➤ Isolate einer Art, die dieselbe Kombination von Virulenzen aufweisen

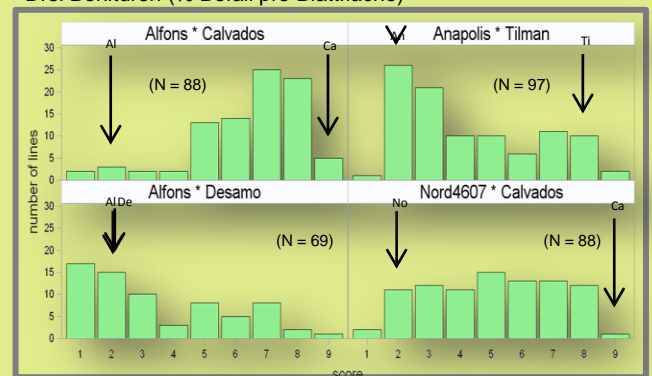


- für 48 – 91% der Isolate konnte die hoch-aggressive Warrior-Rasse (benannt nach der Weizensorte, auf der sie als erstes gefunden wurde) nachgewiesen werden
- Diversität der Rassen nimmt in den letzten drei Jahren ab

Adultpflanzenresistenz: Phänotypische Analyse

Verteilung der Linien (Mittelwert über alle Experimente)

- 4 Kartierungs-Populationen, die Eltern und verschiedene Kontrolllinien
- 3 verschiedene Standorte (Berlin-Dahlem, Dahnsdorf, Langenstein) über 2 Jahre (2014, 2015) (zusammen 6 Umwelten)
- Künstliche Inokulation mit einem aktuellen GR-Rassengemisch in BBCH 23
- Drei Boniturnoten (% Befall pro Blattfläche)



- Große genetische Variation innerhalb der einzelnen Populationen (Boniturnoten (score) von 1 bis 9)
- Anfällige Eltern durchgehend stärker befallen als resistente Eltern
- Mittlere Krankheitsausprägung 2015 signifikant stärker als 2014 (über alle Orte)
- Mittlere Befallsstärke: höher in Dahnsdorf und Berlin-Dahlem als in Langenstein

Zusammenfassung

➤ Deutsche GR-Population

- Weitere Ausbreitung des GR in Deutschland in 2014 und 2015
- GR Symptome treten im Weizen (Aestivum, Durum, Dinkel, Emmer), Triticale, Roggen und Gerste auf
- Weitere Ausbreitung der Warrior-Rasse
- WarriorRasse: befällt sowohl Weizen, als auch Triticale, produziert mehr Sporen, ist hoch-virulent und verdrängt andere Rassen
- nur wenige monogenische Resistenzgene noch wirksam (Yr5, 8, 10, 15, 24)

➤ Adultpflanzenresistenz

- Phänotypische Verteilung reicht von hochresistent (Boniturnote 1) bis hochanfällig (Boniturnote 9) in jeder Population
- 3 von 4 Kartierungspopulationen weisen 1 anfälligen und einen resistenten Elter auf
- 2015: stärkere mittlere Krankheitsausprägung als 2014
- Langenstein : niedrigere mittlere Befallsstärke als in Berlin und Dahnsdorf (2014 und 2015)

Danksagung Wir danken für die exzellente technische Unterstützung im Labor: Yvonne Ratzlaff und Frauke Gerken und für die Feldarbeit und Betreuung danken wir: VKD, insbesondere Roland Buchhorn, Marcel Fritsch und Holger Steinkamm. Des Weiteren danken wir allen Einsendern von GR-befallenem Blattmaterial.

Das Projekt wird vom Innovationsprogramm des Bundesministeriums für Ernährung und Landwirtschaft (BMEL) gefördert.