

demgegenüber den geringsten Befall nach der Punktinokulation mit den beiden *M. grisea*-Isolaten, wobei sie sehr anfällig gegenüber *F. culmorum* war. Die beiden Isolate von *M. grisea* unterschieden sich signifikant in ihrer Aggressivität. Das Isolat von Weizen verursachte wesentlich stärkere Symptome an Milan (AUDPC-Wert: 357) als das von Reis (226). Die Ergebnisse lassen darauf schließen, dass es in Milan eine ähnliche Ausbreitungsresistenz gegenüber *M. grisea* geben muss, wie sie für Sumai3 durch das Major-QTL Fhb1 gegenüber *Fusarium* spp. vermittelt wird. Da die Genotypen Milan und Sumai3 resistent bzw. anfällig gegenüber den beiden Erregern *M. grisea* und *F. culmorum* waren, ist anzunehmen, dass der Resistenzmechanismus nicht gleichermaßen von beiden Erregern ausgelöst wird und auf unterschiedlichen genetischen Hintergründen beruht.

#### Literatur

SCHROEDER, H. W., J. J. CHRISTENSEN, 1963: Factors affecting resistance of wheat to scab caused by *Gibberella zeae*. *Phytopath* **53**, 831-838.

### **49-5 - Kartierung und züchterische Nutzung neuer Resistenzquellen gegen die Netzfleckenkrankheit (*Pyrenophora teres f. teres*) der Gerste**

*Mapping and exploitation of new sources of resistance to the net form of net blotch (*Pyrenophora teres f. teres*) in barley*

**Janine König, Doris Kopahnke<sup>2</sup>, Dragan Perovic<sup>2</sup>, Frank Ordon<sup>2</sup>**

Julius Kühn-Institut, Institut für die Sicherheit biotechnologischer Verfahren bei Pflanzen

<sup>2</sup>Julius Kühn-Institut, Institut für Resistenzforschung und Stresstoleranz

Die Netzfleckenkrankheit ist in den vergangenen Jahren im Gerstenanbau verstärkt aufgetreten, so dass die Verbesserung der Resistenz gegen diese Krankheit heute ein wichtiges Zuchtziel in der Gerstenzüchtung darstellt (Liu et al. 2011). Ausgangspunkt hierfür ist die Identifikation von Resistenzdonoren, die Aufklärung der Genetik der Netzfleckenresistenz und basierend auf dieser Erkenntnis die Kartierung entsprechender Resistenzen im Gerstengenom sowie die Entwicklung molekularer Marker. Es konnte zunächst eine Versuchsanlage (Summer-Hill-Trials) etabliert werden, welche eine sichere Erfassung der Netzfleckenresistenz erlaubt. Basierend auf dreijährigen und zweiortigen Versuchen mit DH-Linien der Kreuzung Uschi x HHOR3073 und (Post x Vjresa) x HHOR9484 zeigten sich zufriedenstellende Heritabilitäten ( $h^2=0,80$  und  $h^2=0,62$ ) und eine kontinuierliche Variation in der Reaktion auf eine Netzfleckeninfektion (König et al. 2013). Die Genotypen wurden zusätzlich im Blattsegmenttest (BST) mit mehreren differenzierenden Monokonidiallinien des Schaderregers *Pyrenophora teres f. teres* charakterisiert. Basierend auf genetischen Karten mit einer Länge von 705,7 cM (Uschi x HHOR3073) und 1035,8 cM (P x V) x HHOR9484 und entsprechenden phänotypischen Daten konnten in der Population Uschi x HHOR3073 vier Quantitative trait loci (QTLs) auf drei Chromosomen (2H, 3H und 5H) und für die Population (P x V) x HHOR9484 konnten vier QTL auf den Chromosomen 5H (drei) und 7H lokalisiert werden (Tab.1).

**Tab. 1 Überblick über die biometrischen Parameter der QTL, welche mit Hilfe des Sommersversuchs in den zwei DH-Populationen Uschi x HHOR3073 und (PxV) x HHOR9484 identifiziert wurden**

	QTL <sub>1</sub>	Chromosom	Intervall (cM)	Marker	LOD	Erklärte phänotypische Varianz (%)	Ursprung
Uschi x HHOR3073	QTL <sub>UH</sub> -2H	2H	75 - 79	GBM1036	3.72	9.4	HHOR3073
	QTL <sub>UH</sub> -3H	3H	45 - 51	HVM33	2.52	10.6	HHOR3073
	QTL <sub>UH</sub> -5H-1	5H	64 - 68	bPb-9476	3.72	19.0	HHOR3073
	QTL <sub>UH</sub> -5H-2	5H	68 - 70	bPb-6643	4.19	17.5	HHOR3073
(PxV)x HHOR9484	QTL <sub>PH</sub> -5H-1	5H	46 - 48	bPb-3887	2.53	15.9	HHOR9484
	QTL <sub>PH</sub> -5H-2	5H	125 - 129	bPb-3600	4.82	34.7	PxV
	QTL <sub>PH</sub> -5H-3	5H	205 - 208	bPb-2006	3.59	12.6	HHOR9484
	QTL <sub>PH</sub> -7H	7H	14 - 17	bPb-4064	3.61	22.6	HHOR9484

Mit den verschiedenen Isolaten wurden im Blattsegmenttest in der DH-Population Uschi x HHOR3073 jeweils zwei QTL auf unterschiedlichen Chromosomen (3H und 7H) und ein Monogen auf Chromosom 7H kartiert und in der DH-Population (P x V) x HHOR9484 ein QTL auf Chromosom 3H und zwei QTL auf den Chromosomen 4H und 5H (König et al. 2014) (Tab.2). Diese QTL sind geeignet die genetische Basis der Netzfleckenresistenz zu verbreitern.

**Tab. 2 Überblick über die biometrischen Parameter der QTL, welche mit Hilfe der unterschiedlichen Monokloniallinien im Blattsegmenttest in den zwei DH-Populationen Uschi x HHOR3073 und (PxV) x HHOR9484 identifiziert wurden**

	Linien	QTL <sub>1</sub> /Monogen	Chromosom	Intervall (cM)	Marker	LOD	Erklärte phänotypische Varianz (%)	Ursprung
Uschi x HHOR3073	QLB	Iso_QLB	7HS	62.0	bPb8424	-	100	HHOR3073
	WvB	QTL <sub>UH5</sub> -3H	3HS	29 - 31	bPb-0164	3.06	10.3	HHOR3073
		QTL <sub>UH5</sub> -7H	7HS	60 - 65	GBM1464	2.54	32.2	HHOR3073
		d8_4	QTL <sub>UH5</sub> -3H-1	3HS	0.6 - 6	bPb-6127	3.67	57.4
		QTL <sub>UH5</sub> -3H-2	3HS	34 - 38	bPb-6329	3.48	12.5	HHOR3073
(PxV) x HHOR9484	AR	QTL <sub>PH5</sub> -3H	3HL	76-101	GBM1026	4.75	77.7	HHOR3073
	net	QTL <sub>PH5</sub> -4H	4HL	121 - 123	GBM1388	4.99	48.8	HHOR3073
	1840	QTL <sub>PH5</sub> -5H	5HS	47 - 52	bPb-9632	3.28	12.3	HHOR3073

## Literatur

- Liu Z., S.R. Ellwood, R.P. Oliver, T.L. Friesen, 2011: *Pyrenophora teres*: profile of an increasingly damaging barley pathogen. Mol. Plant Pathol. 12(1), 1-19
- König J., D. Perovic, D. Kopahnke, F. Ordon, 2013: Development of an efficient method for assessing resistance to the net type of net blotch (*Pyrenophora teres* f. *teres*) in winter barley and mapping of quantitative trait loci for resistance. Mol. Breed. 32, 641-650
- König J., D. Perovic, D. Kopahnke, F. Ordon, 2014: Mapping seedling resistance to net blotch (*Pyrenophora teres* f. *teres*) in barley using detached leaf assay. Plant Breed. 133, 356-365