



Doctoral Thesis

Reaktion von Populationen des Gerstenmehltaus, *Erysiphe graminis* dc. f. sp. *hordei marchal*, auf grossräumigen Einsatz von Sortenmischungen

Author(s):

Schaffner, Daniel

Publication Date:

1993

Permanent Link:

<https://doi.org/10.3929/ethz-a-000937728> →

Rights / License:

[In Copyright - Non-Commercial Use Permitted](#) →

This page was generated automatically upon download from the [ETH Zurich Research Collection](#). For more information please consult the [Terms of use](#).

Diss. ETH Nr. 10376

**REAKTION VON POPULATIONEN DES GERSTENMEHLTAUS,
ERYSIPHE GRAMINIS DC. F.SP. *HORDEI* MARCHAL,
AUF GROSSRÄUMIGEN EINSATZ VON SORTENMISCHUNGEN**

Abhandlung

Zur Erlangung des Titels

DOKTOR DER NATURWISSENSCHAFTEN
der
EIDGENÖSSISCHEN TECHNISCHEN HOCHSCHULEN

vorgelegt von

DANIEL SCHAFFNER

Dipl. Ing. Agr. ETH
geboren am 12. Februar 1963
von Hornussen (Aargau)

Angenommen im Auftrag von:
Prof. Dr. M. S. Wolfe, Referent
Prof. Dr. P. Stamp, Korreferent

1993

Zusammenfassung

Sortenmischungen von Sommergerste, welche besonders im Hinblick auf die Reduktion des Mehltaubefalls zusammengestellt wurden, sind in Ostdeutschland seit den späten achtziger Jahren auf grossen Flächen im Anbau. Diese Tatsache eröffnete eine hervorragende Möglichkeit, die Auswirkungen eines solch grossräumigen Einsatzes der Sortenmischungs-Strategie auf Populationen des Gerstenmehltaus *Erysiphe graminis* f. sp. *hordei* im Feld und in der Aerospora zu untersuchen.

Die Zielsetzung der Arbeit bestand darin, mit Hilfe verschiedener Parameter, wie beispielsweise genetischen Distanzen, Diversitätsindices und Virulenzkomplexität, die in Sortenmischungen auftretenden Gerstenmehltaupopulationen zu charakterisieren und mit Populationen zu vergleichen, welche in Reinbeständen vorkamen.

Zu diesem Zweck wurden zwischen 1990 und 1992 repräsentative Stichproben von Mehltau-Konidien direkt aus Praxisparzellen verschiedener Sortenmischungen und rein angebauter Komponenten, sowie aus der Aerospora der Pathogenpopulationen Ost- und Westdeutschlands, Dänemarks, Polens und der Tschechoslowakei gewonnen. Die gesammelten Einzelsporen-Nachkommenschaften wurden auf einem Differentialset geprüft, das aus zwölf Gerstenlinien mit unterschiedlichen Resistenzfaktoren oder Faktorkombinationen bestand. Die Analyse der Virulenzmerkmale erfolgte auf der Basis der Frequenzen von Multilocus-Allelkombinationen (Haplotypen).

Nachdem Resistenzanalysen der in Ostdeutschland eingesetzten Gerstensorten durchgeführt worden waren, zeigte sich, dass das Gesamtsystem Mehltau-Gerste während des untersuchten Zeitraums auf Wirtsseite durch eine niedrige Resistenzdiversität gekennzeichnet war. Es wurden jedoch sehr viele verschiedene Sorten angebaut.

Die Komplexität der Gesamtpopulation, also die durchschnittliche Anzahl Virulenzfaktoren pro Isolat, blieb in Ostdeutschland trotz des relativ ungünstigen Resistenzmanagements konstant. Auch im Vergleich zu Nachbarstaaten, welche die Sortenmischungs-Strategie nicht einsetzten, konnte kein höheres Komplexitätsniveau festgestellt werden. Die Stabilität des Pathosystems im untersuchten Zeitraum wurde durch verschiedenste Faktoren beeinflusst. Sexuelle Rekombination im Spätsommer erhöhte die genotypische Diversität der Kombinationen von Virulenzfaktoren und reduzierte den Anteil komplexer Haplotypen. Zudem wurde in Sortenmischungen durch die Befallsreduktion absolut gesehen nicht mehr Inokulum mit komplexer Virulenzstruktur produziert als in Reinbeständen. Da in Sortenmischungen keine Fungizide eingesetzt wurden, entstand dort durch kombinierte Selektion ein beträchtlicher Anteil von fungizidsensitiven und komplexen Haplotypen. Nach breiter Wiedereinführung von Fungizidapplikationen wurde das Auftreten der komplexen, fungizidsensitiven Typen stark reduziert, was auf einen Flaschenhalseffekt zurückgeführt werden kann. Unter bestimmten Bedingungen fand auf Parzellenebene eine saisonale Zunahme der Komplexität in Sortenmischungen statt. Die Gesamtkomplexität der Population schien jedoch stärker von der Anzahl eingesetzter Resistenzgene, als von einer Verwendung der Sortenmischungen abzuhängen.

Zwischen den Populationen aus Sortenmischungen und aus Reinbeständen waren nur kleine genetische Distanzen vorhanden. Deren geringe Grösse wurde auf Austausch von Haplotypen zwischen den Populationen verschiedener Felder zurückgeführt. Die grössten Distanzen wurden zwischen Populationen aus Winter- und aus Sommergerste gemessen. Dafür waren vermutlich sexuelle Rekombination, veränderte Bedingungen bei der Migration des Primärinokulums, sowie die Verwendung von qualitativen Resistenzfaktoren bei Sommergerste und quantitativen Resistenzen bei Wintergerste verantwortlich.

Die Diversität der Mehltaupopulationen nahm auf den Versuchsflächen im Verlauf der Vegetationsperiode ab. Die Adaption an die Resistenzstruktur des jeweiligen Wirtes fand so statt, dass zuerst die sehr schlecht adaptierten Haplotypen aus der Population verschwanden und dann bei gleichbleibender Anzahl verschiedener Haplotypen ein Konzentrationsprozess zugunsten der fittesten Typen erfolgte. Sortenmischungen und Reinbestände zeigten trotz vorhandener genetischer Distanzen keine unterschiedlichen Diversitätswerte. Deshalb konnte die Hypothese, dass die hohen Diversitätswerte der ostdeutschen Mehltaupopulation auf die Anwendung der Sortenmischungsstrategie zurückzuführen seien, nicht bestätigt werden. Die im Vergleich zu Sommergerste sehr hohe Diversität des Mehltaus auf Wintergerste ist durch sexuelle Rekombination erklärbar.

Die Virulenzstrukturen der Pathogenpopulationen auf zwei Gerstensorten mit verschiedenen quantitativen Resistenzen unterschieden sich deutlich voneinander. Dies wurde auf Adaption der Mehltaupopulationen an den jeweiligen genetischen Resistenzhintergrund der Sorten zurückgeführt. Sorten mit quantitativen Resistenzen könnten also ebenfalls mit positivem Effekt in Sortenmischungen eingesetzt werden.

Im Verlauf einer Vegetationsperiode wurde in den Sortenmischungen eine starke Veränderung der Komponentenanteile beobachtet. Dies wurde auf unterschiedliche Konkurrenzkraft der Sorten zurückgeführt. Eine Assoziation zwischen hohem Ertrag einer Sorte im Reinbestand und guter Konkurrenzkraft in der Mischung konnte nicht festgestellt werden. Mehltaubefall ergab eine bedeutende Veränderung der Rangfolge der Sorten in bezug auf Konkurrenzkraft.

Aus den gefundenen Beziehungen ergibt sich die Notwendigkeit eines stärker diversifizierten Einsatzes der Kontrollmassnahmen gegen Mehltau. Ein dynamischer Einsatz der vorhandenen Mischungskomponenten unter Ausnutzung eines breiten Spektrums von Resistenzen könnte die dauerhafte Kontrolle von Mehltau in Sortenmischungen sicherstellen. Sortenmischungen wären demzufolge geeignet, in einem diversifizierten Agrarökosystem eine wichtige Funktion zu übernehmen.

Abstract

Variety mixtures of spring barley, designed particularly for control of barley powdery mildew, were used on a very large scale in East Germany during the late eighties. This provided an outstanding opportunity to try to determine how the pathogen population of *Erysiphe graminis* f. sp. *hordei* would respond to the large-scale use of the variety mixture strategy. The field and air spora were monitored for this reaction from 1990 to 1992.

Individual isolates were characterized for virulence on a set of twelve host lines carrying different defined resistance genes or gene combinations. Haplotype frequencies were used as a basis for analysis of the populations.

Comparisons between populations of barley powdery mildew from variety mixtures and from pure stands of their components were carried out using different parameters such as genetic distances, diversity indices and virulence complexity.

Analysis of resistance genes in East German barley varieties indicated the use of few resistance genes but many varieties. However, despite the less than optimal management of resistances, the average number of virulence factors per isolate (complexity) in the total population remained stable. No differences were detected between these populations and the complexity level of the pathogen populations in neighbouring countries which did not use the variety mixture strategy.

Different factors influenced stability of the pathosystem. Sexual recombination in late summer increased genotypic diversity for virulence factors and decreased the proportion of complex haplotypes. The absolute amount of released inoculum possessing a complex virulence structure did not appear to be higher from mixtures than from pure stands. A considerable proportion of fungicide sensitive and complex haplotypes were sampled in the untreated mixture stands. The frequency of the complex and fungicide sensitive types was strongly reduced by selection caused by the reintroduction of fungicide applications. At the field level, a seasonal increase of the haplotype complexity in variety mixtures was sometimes observed. However, the total complexity of the population appeared to relate to the total number of utilized resistance genes rather than to the variety mixture strategy.

A significant genetic distance between populations derived from pure or mixed stands was not detected. The uniformity was probably due to the exchange of haplotypes between different fields of pure stands and mixtures. The most significant genetic distances were those detected between populations originating from winter and spring barley. This may be due to sexual recombination, immigration of primary inoculum from the neighbouring countries and the use of qualitative resistance genes in spring barley and quantitative resistances in winter barley.

Diversity of the mildew populations showed a seasonal decrease at the field level. Adaptation to the structure of resistance in the host resulted in extinction of the poorly adapted haplotypes followed by a process of selection for the fittest types within the remaining population. Despite the existing genetic distances, populations from pure

stands and mixtures did not show different values of diversity. Thus the high level of diversity in the East German mildew population did not seem to depend on the use of variety mixtures. As a conclusion, the observed increase in diversity from spring to winter barley was most likely due to sexual recombination.

The use of quantitative resistance in barley varieties affected the virulence structure of the powdery mildew populations, perhaps by hitch-hiking effects between virulence factors for qualitative resistances and "virulence factors" against quantitative resistances. Therefore varieties with quantitative resistance characters could also be used as components in variety mixtures affecting the structure of the pathogen population.

Within one season a remarkable change in host composition was observed in a variety mixture. This development was caused by different competitive abilities of the cultivars. No association between high yield in pure stands and competition ability in mixtures was observed. Disease incidence resulted in a strongly changed ranking of the varieties for competitive ability.

The field observations indicate that a more diversified and dynamic strategy of management of variety mixtures should provide sustainable control of barley mildew. Variety mixtures can thus be recommended as an important component in diversified and sustainable cropping systems.