ETH zürich

ETH Library

Virulenzstruktur und -dynamik grossräumiger Populationen des Gerstenmehltaus (Erysiphe graminis DC. f. sp. hordei Marchal) in Europa

Doctoral Thesis

Author(s):
Müller, Kaspar

Publication date:
1993

Permanent link:
https://doi.org/https://doi.org/10.3929/ethz-a-000891405

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. 10008

VIRULENZSTRUKTUR UND -DYNAMIK GROSSRÄUMIGER POPULATIONEN DES GERSTENMEHLTAUS (*ERYSIPHE GRAMINIS* DC. f. sp. *HORDEI* MARCHAL) IN EUROPA.

Abhandlung
Zur Erlangung des Titels

DOKTOR DER TECHNISCHEN WISSENSCHAFTEN
der
EIDGENÖSSISCHEN TECHNISCHEN HOCHSCHULE ZÜRICH

vorgelegt von

KASPAR MÜLLER

Dipl. Ing. Agr. ETH
geboren am 27. August 1963
von Ennenda (Glarus) und Freienbach (Schwyz)

Angenommen im Auftrag von:
Prof. Dr. M. S. Wolfe, Referent
Prof. Dr. K. Apel, Korreferent

1993

ZUSAMMENFASSUNG

Die Virulenzeigenschaften grossräumiger Populationen von *Erysiphe graminis* f. sp. *hordei* in Europa wurden zwischen 1989 und 1991 im Rahmen eines Projektes zur integrierten Analyse phänotypischer und genotypischer Merkmale dieses Krankeitserregers untersucht.

Die Zielsetzung der Arbeit bestand darin, grundlegende Strukturen des Pathosystems sowie deren Veränderungen auf gesamteuropäischer Ebene zu erfassen, um damit eine Grundlage zur Entwicklung optimierter Pflanzenschutzstrategien zu schaffen.

Zu diesem Zweck wurden repräsentative Stichproben von Mehltau-Konidien mit Hilfe einer mobilen Sporenfalle aus dem Luft-"Pool" über wichtigen Gerstenanbaugebieten zwischen Grossbritannien, Weissrussland, Italien und Dänemark gewonnen. Insgesamt 8893 Einzelsporen-Nachkommenschaften wurden auf einem Differentialset, bestehend aus prinzipiell isogenen Linien geprüft. Die Analyse der Virulenzmerkmale erfolgte auf der Basis der Frequenzen von Einzelallelen sowie Multi-Locus-Allelkombinationen (Pathotypen).

Auf der Grundlage der beobachten räumlichen Variabilität dieser Parameter konnten definierte Teilpopulationen auf verschiedenen hierarchischen Ebenen abgegrenzt werden. Dabei wurden Ähnlichkeiten zwischen den Teilpopulationen mit Hilfe der Distanzmasse "Nei's standard genetic distance" (berechnet aus Einzel-Virulenzfrequenzen) und "Roger's distance index" (berechnet aus Pathotyp-Frequenzen) quantifiziert und verschiedene Clustering Verfahren zur Gruppierung der Populationen eingesetzt.

Die geographischen Verteilungsmuster der meisten Einzelvirulenzen standen in einem signifikanten Zusammenhang mit der Verbreitung der entsprechenden Resistenzen im Gerstenanbau. Die Virulenzfaktoren Vg und Va12 waren am gleichmässigsten über die Teilpopulationen verteilt, während Va3 und Va13 am stärksten in einzelnen Regionen aggregiert waren.

Der Grossteil der Analysen beruhte auf den Frequenzen von Pathotypen, da diese die Einheiten darstellen, auf die die Selektion in erster Line wirkt.

Virulenzkombinationen mit den Faktoren Va7, Va9, Vk, Va13 und V(Ab) traten überproportional häufig auf. Dies dürfte vor allem auf die Selektion durch Sorten mit den entsprechenden Resistenzkombinationen sowie auf die vorwiegend asexuelle Reproduktionsweise des Pathogens zurückzuführen sein.

Die durchschnittliche Anzahl an Virulenzfaktoren pro Isolat (Komplexität) nahm während der Untersuchungsperiode generell zu. Es bestand ein ausgeprägter Gradient zwischen niedrigen Werten im Süden und hohen Werten im Norden und Osten Europas.

Verschiedene Diversitäts-Indices wurden zur Beschreibung der Virulenzstruktur innerhalb von Teilpopulationen angewendet. Dabei wurden die Anzahl, Häufigkeit und Ähnlichkeit der Pathotypen berücksichtigt. Es bestanden ausgeprägte regionale Diversitäts-Unterschiede. Die höchsten Diversitätswerte wurden in den ostdeutschen und dänischen Populationen festgestellt, was teilweise auf den Anbau von Sortenmischungen in diesen Gebieten zurückgeführt werden kann.

Anhand einer umfassenden Studie über die Entstehung neuer Populationen mit der Virulenz Va13 konnten typische Wege der Evolution und Ausbreitung des Gerstenmehltau-Erregers besonders deutlich dargestellt werden. Strukturelle Vergleiche unter Miteinbezug von Daten aus Parallelstudien über die Fungizidsensitivität sowie über molekulargenetische Merkmale der Isolate zeigen, dass die neu entstandenen Populationen in Westeuropa mit hoher Wahrscheinlichkeit ihren Ursprung in der Tschechoslowakei haben.

Insgesamt konnten wesentliche Verbesserungen auf dem Weg zu einem umfassenden Verständnis der quantitativen Bedeutung verschiedener evolutionärer Prozesse erzielt werden.

Die Selektion durch Wirtsresistenzen und Fungizide ist der wichtigste Prozess für die Erklärung der beobachteten Strukturen.

Eine weitreichende Migrationsfähigkeit kombiniert mit dem raschen Anpassungsvermögen des Pathogens bewirkt, dass sich die im System vorhandenen Virulenzallele innerhalb kurzer Zeit europaweit potentiell unbeschränkt ausbreiten können.

Die Konsequenzen für Massnahmen zur Mehltaubekämpfung in der Praxis liegen im wesentlichen darin, dass unter den gegenwärtigen Produktionsstrukturen nicht mit einer langfristigen Stabilisierung des Systems gerechnen werden kann. Für eine nachhaltige Reduktion der Massenvermehrung angepasster Pathotypen müsste vor allem eine umfassende Diversifizierung der Abwehrmassnahmen angestrebt werden.

ABSTRACT

Populations of *Erysiphe graminis* f. sp. *hordei* were monitored at the European level from 1989 to 1991 in order to describe and explain the structure and dynamics of virulence characters in the barley mildew pathosystem.

Random samples of isolates from the air spora over important barley growing areas were collected between Great Britain, Byelorussia, Italy and Denmark. A total of 8893 individual isolates was characterised for virulence on a set of standard isogenic host lines carrying different defined resistance genes or gene combinations. The virulence characters were analysed either as single characters, or in the various combinations that occur as pathotypes.

Genic and genotypic frequencies showed much temporal and spatial variation from which distinct geographical sub-populations could be defined at three hierarchical levels. This was accomplished by the application of different clustering procedures. Similarities between populations were expressed as Nei's standard genetic distance calculated from single virulence frequencies and Roger's distance calculated from multilocus pathotype frequencies.

Analysis of single characters showed that patterns of virulence frequencies and their change are generally associated with the duration and degree of use of the corresponding host resistance. Vg and Va12 were the most uniformly distributed virulence factors, whereas the distributions of Va3 and Va13 were the most heterogeneous.

Since reproduction of the pathogen ist mostly asexual, selection appears to act on pathotypes rather than directly on alleles. Therefore much of the analysis was concerned with distributions of multi-allelic pathotypes:

- Observed frequencies of many virulence allele combinations, particularly those including Va7, Va9, Vk, Va13 and V(Ab), deviate significantly from expected frequencies indicating non-random associations among virulence factors.
- The average number of virulence factors per isolate (complexity) generally increased during the survey periode. Simple pathotypes mainly occurred in the South, whereas complexity was high in the North and East of Europe.
- The distribution of virulence alleles within sub-populations was analysed by investigating the number, frequency and similarity of different multilocus pathotypes. For this purpose different diversity-indices were applied to pathotype data. This

involved computer-intensive random sub-sampling and bootstrapping techniques. Considerable differences in diversity were observed among sub-populations, with the highest levels observed in eastern Germany and Denmark. This may partly be explained by the widespread use of variety mixtures in these areas.

A comprehensive picture of the direction and rates of evolutionary changes in the population structure comes from a detailed study of populations carrying the Va13 virulence allele. Corresponding pathotypes first occurred in Czechoslovakia about twelve years ago. Subsequently the mildew population in this area acted as a source of Va13-pathotypes, leading to a series of founding populations in western Europe, where Va13 has started to become incorporated into the regional gene-pools.

An integrated analysis of virulence data and existing information on fungicide resistance and unselected RAPD (Random Amplified Polymorphic DNA) markers further improved the understanding of the relative importance of the major evolutionary forces in pathogen populations:

- Departure from random distribution of virulence alleles both within and between populations are mainly related to the uneven distribution of host resistances and fungicide applications among and within European countries. Therefore selection is the principal factor driving the structure of the populations. Large amounts of genetic variation are maintained despite the relatively high uniformity of selection forces.
- Gene flow in the European pathogen population is an important force because of the combined effects of potential long-distance migration and adaptation of genotypes to different local conditions. This is of particular importance if virulence against a previously effective resistance occurs in local populations. However, migration in certain directions may be limited (e.g. across the Alps and Pyrenees).

Consequently, sustainable strategies of mildew control have to be based primarily on a reduction of the rapid multiplication of successful pathotypes. This can be achieved only by introducing a more integrated and diversified strategy of using the control measures available.