

Virulenzmonitoring und Populationsstruktur des Echten Mehltaus von 2003 bis 2010

Fabio Mascher¹, Caterina Matasci^{1,2}, Stefan Kellenberger¹, Bernard Beuret³, Mélanie Beuret³, Geri Busslinger⁴, Jost Doernte^{2*}, Michel Gyga⁵, Andreas Hecker⁶, Lena Heinzer⁷, Markus Hochstrasser⁸, Michel Horner⁹, Peter Kunz¹⁰ und Ueli Merz¹¹

¹Forschungsanstalt Agroscope Changins-Wädenswil ACW, 1260 Nyon 1, ²Delley Samen und Pflanzen, 1567 Delley, ³Fondation Rurale Interjurassienne, 2852 Courtételle, ⁴Kantonaler Pflanzenschutzdienst, Liebegg, 5722 Gränichen, ⁵Kantonaler Pflanzenschutzdienst, Rütli, 3052 Zollikofen, ⁶Forschungsanstalt Agroscope Reckenholz-Tänikon ART, 8056 Zürich, ⁷Landwirtschaftsamt, Kanton Schaffhausen, 8212 Neuhausen am Rheinfall, ⁸Fachstelle Pflanzenschutz, Strickhof Lindau, 8315 Lindau, ⁹Kantonaler Pflanzenschutzdienst, 2053 Cernier, ¹⁰Getreidezüchtung Peter Kunz, Hof Breitlen 5, 8634 Hombrechtikon, ¹¹Pflanzenpathologie/IBZ, ETH Zürich, 8092 Zürich

*gegenwärtige Adresse: Deutsche Saatveredelung AG, 01665 Käbschütztal, Deutschland.

Auskünfte: Fabio Mascher, E-Mail: fabio.mascher@acw.admin.ch, Tel. +41 22 363 47 33

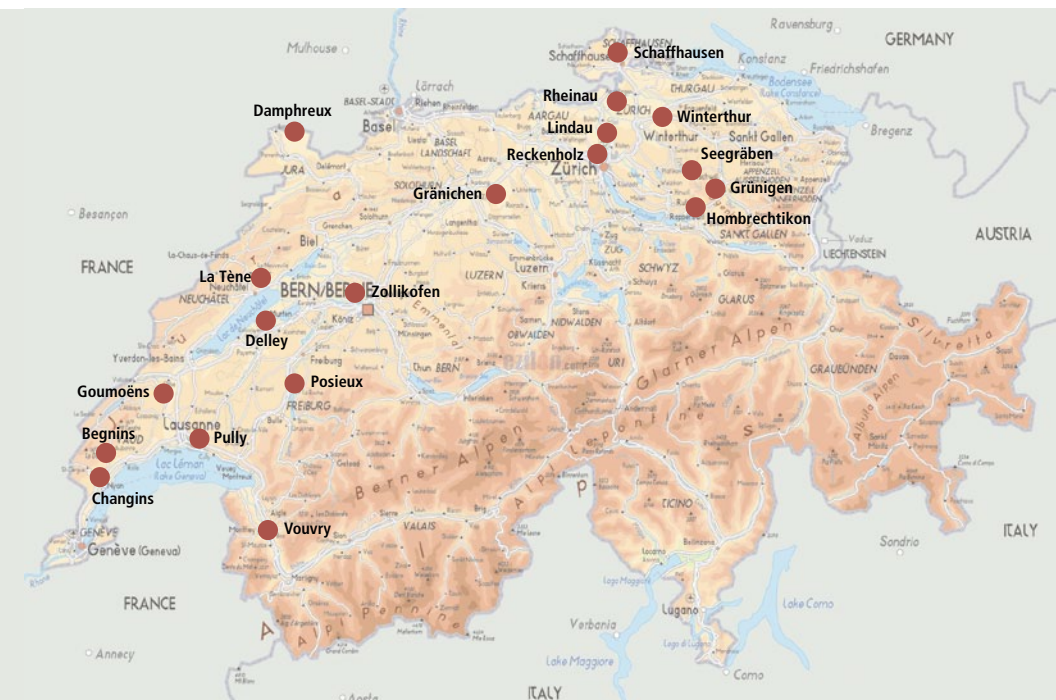


Abb. 1 | Beobachtungsstandorte der Populationen des Echten Weizenmehltaus in der Schweiz.

Einleitung

Der Echte Mehltau des Weizens wird durch den Pilz *Blumeria graminis* i. sp. *tritici* hervorgerufen. Die Krankheit kann grosse wirtschaftliche Auswirkungen auf die Weizenproduktion haben. Beim Triticale kann der Befall Ertragseinbußen bis zu 30 % zur Folge haben (Mascher *et al.* 2006).

Durch den Einsatz von resistenten Weizensorten können Produzenten an den meisten Schweizer Standorten gemäss Vorgaben des *Extenso*- und Bio-Anbaus produ-

zieren. Die Pflanzen verfügen über verschiedene Werkzeuge, um einer Infektion durch den Mehltaupilz entgegenzuwirken. Der bis jetzt am besten untersuchte Abwehrmechanismus der Pflanze basiert auf der gegenseitigen Erkennung von Pflanze und Erreger. Kommt eine Pilzspore mit der Pflanze in Berührung, können durch eine schnelle Erkennung des Eindringlings physische und chemische Schranken aufgebaut werden, welche eine dauerhafte Ansiedlung des Parasiten verunmöglichen (Hsam und Zeller 2002). Diese schnelle Erkennung wird durch die pflanzlichen «Pm»-Gene

gewährleistet (aus dem Englischen: *powdery mildew*). Der Erreger seinerseits ist imstande, seine Gegenwart der Pflanze zu verbergen, indem er seine genetischen Eigenschaften verändert. Eine Pflanze ist resistent, wenn sie imstande ist, den Erreger schnell zu entlarven. Dementsprechend wird der Erreger als virulent bezeichnet, wenn er sich für die Pflanze unsichtbar machen kann. Dieses Wechselspiel zwischen Erreger und Pflanze wird Gen-für-Gen-Interaktion genannt. Bisher sind beim Weizen 45 *Pm*-Gene und -Allele bekannt (Alam *et al.* 2011). Eine wirksame sortenspezifische Resistenzzüchtung setzt die Kenntnis des Erreger-Virulenzspektrums voraus (Wolfe 1993; Cunfer 2002). Seit 80 Jahren werden mehrere Untersuchungen in Europa, den USA usw. zur Virulenz-Zusammensetzung der Populationen des Echten Weizenmehltaus durchgeführt.

Diese Studien beziehen sich meistens auf Analysen des Virulenzspektrums bei Einzelstamm-Isolaten mithilfe von Weizen-Differenzialsorten (Streckeisen und Fried 1985; Parks *et al.* 2008). Es handelt sich hier allgemein um Weizensorten mit einem einzigen spezifischen, gut charakterisierten Resistenzgen oder einer Kombination verschiedener solcher Resistenzgene.

Die vorliegende Studie hatte zum Ziel, die in der Schweiz bestehenden Virulenzen durch einen neuen globalen Ansatz des Virulenz-Monitorings zu identifizieren (Abb. 1). Dazu wurden die Differenzialsorten an verschiedenen Standorten direkt ins Freiland ausgesät und vorhandene Virulenzen vor Ort erfasst. Durch diesen Ansatz können die in den Mehltau-Populationen vorhandenen Virulenztypen an zahlreichen Standorten einfach und kostengünstig erfasst werden. Zunächst werden die Ergebnisse mit den Beobachtungen verglichen, die aus Untersuchungen mit gereinigten Isolaten stammen (Streckeisen und Fried 1985; Clarkson 2000). Danach wird ein Verzeichnis der in der Schweiz vorkommenden Virulenzen erstellt. Darüber hinaus werden die Veränderungen innerhalb der Pathogenpopulationen Jahr für Jahr und für jeden Beobachtungsstandort aufgeführt. Dieser Beitrag beschränkt sich darauf, die gemachten Beobachtungen zu präsentieren und die Virulenzhäufigkeiten nach Standort und Jahr zu vergleichen. Er liefert somit wichtige Daten für die Zucht von Mehltau-resistenten Weizenstämmen und für die Unterstützung der Sortenversuche.

Material und Methoden

Differenzialsorten und Aussaat

Das Sortiment besteht aus 24 Differenzialsorten und einem Gemisch von Weizensorten, die sehr anfällig auf den Echten Mehltau sind. Die Herkunft und das Resistenzgen der jeweiligen Sorten sind in Tabelle 1 aufge-

Zusammenfassung Die Züchtung von Weizensorten, die gegen den Echten Mehltau resistent sind, bedingt Informationen über die Virulenzen und die Virulenzstruktur der hiesigen Mehltaupopulationen. In der vorliegenden Arbeit wird eine neuartige Methode der Virulenzanalyse vorgestellt. Sie erlaubt eine globale Analyse der vorhandenen Virulenzen statt wie in früheren Studien die einzelnen Virulenzen gesondert zu erfassen. Die Differenzialsorten werden hierbei direkt im Feld ausgesät und sämtliche während der Saison auftretenden Virulenzen können so erfasst werden. Erfassungspartellen wurden zwischen 2003 und 2010 an acht bis 17 Standorten in der Schweiz angelegt. Insgesamt wurden 104 Mehltaupopulationen erfasst. Die Ergebnisse zeigen, dass sich die dominierenden Virulenzen in den letzten 20 Jahren nur sehr wenig verändert haben. Komplexe Virulenzen treten vermutlich vermehrt auf. Die Virulenzstruktur der Population wechselt stark über die Jahre und die Standorte hinweg. Dies hängt vermutlich mit den angebauten Weizensorten aber vor allem mit Umweltfaktoren zusammen, die in dieser Arbeit nicht weiter untersucht werden konnten. Insgesamt kann festgestellt werden, dass eine solche globale Virulenzanalyse für die Bedürfnisse der Züchtung ausreicht. Zukünftige Virulenzmessungen werden zur Analyse der Wirksamkeit und der Dauerhaftigkeit von neuen, noch nicht verwendeten, Resistenzen, durchgeführt.

führt. Die Linie W150 (*Pm3e*) war nur zwischen 2007 und 2010 verfügbar. Die Linien wurden im Gewächshaus oder auf Gemüsetreibbeeten vermehrt. Vor der Blüte wurden über die Blüten Papierbeutel gestülpt, um die Selbstbefruchtung und Samenreinheit zu sichern. Für die Testversuche wurden jedes Jahr im März oder April manuell mehrere Samenkörner pro Saatloch in einem Abstand von 30 – 40 cm rundum gesät (Abb. 2).

Kulturstandort und -jahre

Die Standorte und Jahre sind in Tabelle 2 dargestellt. Alle Standorte befanden sich in der Nähe von Bio- oder *Extenso*-Weizenkulturen. Es fand keine Fungizidbehandlung statt. Die beobachteten Parzellen wurden meistens manuell gejätet. Aufgrund der Verfügbarkeit des Versuchsleiters oder der Rotation der benachbarten Kulturen kam es vor dass die Standorte jedes Jahr

Tab. 1 | Differenzialsorten mit spezifischen Resistenzgenen gegen den Echten Weizenmehltau.

Name	Resistenzgen	Herkunft	Jahr	Referenz Resistenz Echter Mehltau
Kanzler/O--/93Z60	anfällige Gemische	Deutschland und Schweiz		
AXMINSTER/8*CC	Pm 1	USA	1966	Hsam und Zeller, 2002
ULKA/8*CC	Pm 2	USA Maryland	1972	Hsam und Zeller, 2002
ASOSAN/8*CC	Pm 3a	USA Maryland	1966	Hsam und Zeller, 2002
CHUL/8*CC	Pm 3b	Kirgiz Landrace	1903	Hsam und Zeller, 2002
SONORA/8*CC	Pm 3c	USA Maryland	1972	Hsam und Zeller, 2002
KOLIBRI	Pm 3d	Deutschland	1966	Hsam und Zeller, 2002
MICHIGAN AMBER/8*CC	Pm 3f	USA Mississippi	1964	Hsam und Zeller, 2002
ARISTIDE	MIAr	Frankreich	1984	Hsam und Zeller, 2002
KHAPLI/8*CC	Pm 4a	USA Maryland	1975	Hsam und Zeller, 2002
ARMADA (Z60647WA)	Pm 4b	Grossbritannien	1978	Hsam und Zeller, 2002
HOPE	Pm 5	USA, South Dakota	1927	Hsam und Zeller, 2002
TIMGALEN	Pm 6	New South Wales	1967	Hsam und Zeller, 2002
TRANSFED	Pm 7	Australien	-/-	Hsam und Zeller, 2002
SALZMUENDE 14–44	Pm 8	Deutschland	1957	Hsam und Zeller, 2002
WEMBLEY (Z80635)	MISo	Grossbritannien	1985	Hsam und Zeller, 2002
AMIGO	Pm 17	USA Oklahoma	1878	Hsam und Zeller, 2002
MARIS DOVE	Pm 2+Mld	Grossbritannien	1971	McIntosh, 1988
NORMANDIE	Pm 1+2+9	Frankreich	1943	McIntosh, 1988
LAVETT	Pm 3d+4b+U2	Schweden	1992	Bundessortenamt, 1995
KNIRPS	Pm 2+4b+6+8	Deutschland	1985	AGES, 2000
WALTER	Pm1+4b+6(2Mld9)	Schweden	1979	McIntosh, 1988
TORONIT	Pm 3b	Schweiz	2001	O. Moullet, pers. Mitteilung
AXONA	MIAx	Niederlande	1983	AGES, 2000
W150 ¹	Pm 3e	Australien (von R. Park)	unbekannt	Tommasini <i>et al.</i> , 2006;

¹von 2007 bis 2010 verwendet



Abb. 2 | Anlegen der Feldversuche. Für die Differenzialsorten werden mehrere Samenkörner pro Saatloch gepflanzt. Standort Dampheux in der Ajoie (JU).

leicht änderten. Ohne Krankheitsbefall bei den anfälligen Referenzsorten (Sortengemisch Kanzler und andere) wurde der Standort nicht aufgenommen.

Bewertung und Verarbeitung der Daten

Sobald erste Symptome in der Mischung der anfälligen Sorten auftrat, begann die Bonitur der Parzellen (Abb. 3). Auf jeder Sorte wurde eine vereinfachte Bewertung für das Auftreten und das Nichtauftreten der Symptome vorgenommen. Einzig Pusteln auf den Blättern wurden berücksichtigt, nicht aber jene an der Blattscheide und an den Stoppeln. Die gesammelten Daten wurden mithilfe eines Formulars auf der Internet-Website von Agroscope erfasst. (<http://tinyurl.com/monitorageO-dium>). Für diesen Beitrag wurden insgesamt 104 Populationen von Echem Mehltau (Tab. 2) berücksichtigt. Das Virulenzspektrum der Populationen und die Ähnlichkeiten zwischen Jahren und Beobachtungsstandorten wurden mittels der Software HaGis analysiert (Hermann *et al.* 1999).

Tab. 2 | Standorte und Beobachtungsjahre für die beobachteten Populationen. Jedes «x» steht für eine Population, die in dieser Studie verwendet wurde

Ortschaft	Höhe	2003	2004	2005	2006	2007	2008	2009	2010	Beobachtungen / Standort
Begnins VD	545 m					x	x	x	x	4
Nyon-Changins VD	430 m	x	x	x	x	x	x	x	x	8
Dampfreux JU	420 m	x	x	x	x	x	x	x	x	8
Delley FR	540 m				x	x	x	x	x	5
Fehraltorf ZH	530 m				x	x			x	3
Goumoëns-la-Ville VD	617 m	x	x	x	x	x	x	x	x	8
Grünigen ZH	502 m				x	x	x		x	4
Hombrechtikon ZH	464 m	x	x	x	x	x				5
Gränichen Liebegg AG	411 m		x	x	x	x				4
Lindau Eschikon ZH	520 m		x	x	x	x	x	x	x	7
Posieux FR	700 m		x	x	x	x	x			5
Pully VD	450 m					x	x	x	x	4
Reckenholz ZH	450 m		x	x		x	x	x	x	6
Rheinau ZH	400 m	x	x	x	x	x	x	x	x	8
Schaffhausen SH	500 m				x		x	x		3
Vouvry VS	390 m	x	x	x	x	x	x	x	x	8
La Tène NE	450 m	x	x	x		x	x		x	6
Winterthur ZH	440 m				x	x		x		3
Zollikofen BE	560 m	x	x	x	x		x			5
Beobachtungen / Jahr		8	12	12	15	17	15	12	13	104

Resultate

Populationsstruktur des Echten Weizenmehltaus in der Schweiz

Abbildung 4 zeigt die Verteilung der Anzahl der Virulenzen, bei den 104 Populationen von Echten Mehltau. Im Grossteil der Populationen sind mehrere Virulenztypen kombiniert, und circa 18 % der Populationen sind



Abb. 3 | Symptombewertung an der Pflanze. Die Pflanzen wurden mehrmals im Verlauf der Saison auf Pusteln geprüft. Standort Zollikofen (BE).

imstande, alle getesteten Resistenzgene zu umgehen. Nur ein kleiner Anteil der Populationen verfügt über einen bis sechs Virulenztypen. Abbildung 5 zeigt die Häufigkeit der verschiedenen Virulenztypen innerhalb der jeweiligen Population. Mehr als 80 % der Populationen konnten die Resistenzen *Pm1*, *Pm2*, *Pm3c*, *Pm2g*, *Pm4a*, *Pm4b*, *Pm5*, *Pm6*, *Pm7*, *Pm8* umgehen. Das Umgehen der Resistenzkombination *Pm2,4b,6,8* weist auf das Vorhandensein von Individuen hin, die alle entsprechenden Virulenzen in sich vereinigen. Hingegen sind die Resistenzen *Pm17*, *PmMlax*, sowie die Resistenzkombinationen *Pm3d*, *4b* und *U2* sowie *Pm1, 4b,6(2Mld9)* in weniger als 50 % der beobachteten Populationen vertreten.

Vergleiche zwischen Orten und Standorten

Die Vergleiche der Virulenzspektren zwischen den verschiedenen Standorten im gleichen Jahr und die Jahresvergleiche am gleichen Standort werden durch Ähnlichkeitsmatrixen dargestellt. Im Jahr 2004 zeichneten sich verschiedene Trends an den verschiedenen Standorten ab (Abb. 6). Der Ähnlichkeitsgrad der Standorte Reckenholz und Vouvry in Bezug auf alle anderen Standorte betrug 70 %. Die Standorte Dampfreux, Eschikon, Rheinau und Changins wiesen mehr als 90 % Ähnlichkeiten auf. Der Standort Liebegg war zu 86 % vergleichbar mit denen

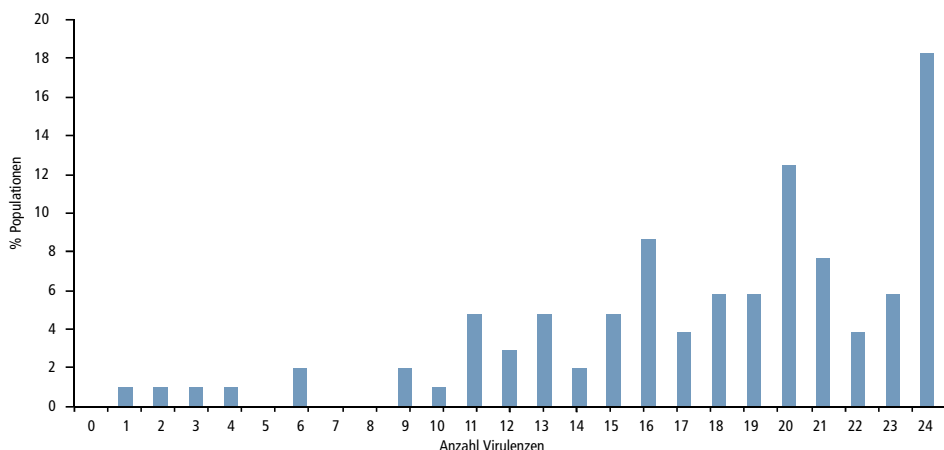


Abb. 4 | Komplexität der Virulenzen bei den 104 Populationen des Echten Weizenmehltaus, die über acht Jahre in der Schweiz beobachtet worden sind.

von Changins, Dampheux, Eschikon und Vouvry. Im Jahr 2006 wiesen nur die Standorte Zollikofen, Liebegg und Winterthur das gleiche Spektrum auf. Alle anderen zeigten einen geringeren Ähnlichkeitsgrad. Das Jahr 2010 zeichnete sich hingegen durch einen hohen Ähnlichkeitsgrad zwischen allen Standorten aus, mit Ausnahme von Fehraltorf und Pully. In Bezug auf alle anderen Standorte wiesen Fehraltorf nur einen Ähnlichkeitsgrad zwischen 39% und 48% sowie Pully einen solchen zwischen 61% und 73% auf. Zwischen den Standorten Pully und Fehraltorf bestand ein 59-prozentiger Ähnlichkeitsgrad.

Die Ähnlichkeiten zwischen Beobachtungsjahren am gleichen Ort sind ebenfalls sehr vielfältig. Nur die sechs während mehr als sieben Jahren beobachteten Orte wurden in dieser Analyse berücksichtigt (Abb. 7). In Changins und Goumoëns waren sich die Pathogenpopulationen von 2003 bis 2005 zu mehr als 90% ähnlich. In Dampheux gli-

chen die Virulenzen der Pathogenpopulationen im 2009 nur zu 8 und 17% den Virulenzen aller anderen Jahre. Dasselbe wurde für Vouvry im Jahre 2008 festgestellt.

Diskussion

Ziel dieser Arbeit war es, eine neue Methode zum Erfassen bestehender oder abwesender Virulenztypen des Echten Mehltaus zu prüfen. Dabei wurde eine umfassende Populationsanalyse und nicht eine Analyse ihrer Zusammensetzung vorgenommen. Die verwendeten Differenzialsorten berücksichtigten die von Clarkson (2000) empfohlenen Resistenzen zur Virulenzanalyse des Echten Weizenmehltaus in Europa. Die Virulenztypen und ihre hier beobachteten Häufigkeiten sind mit den Daten vergleichbar, die von verschiedenen Autoren in der Schweiz und in Europa publiziert wurden (Clarkson

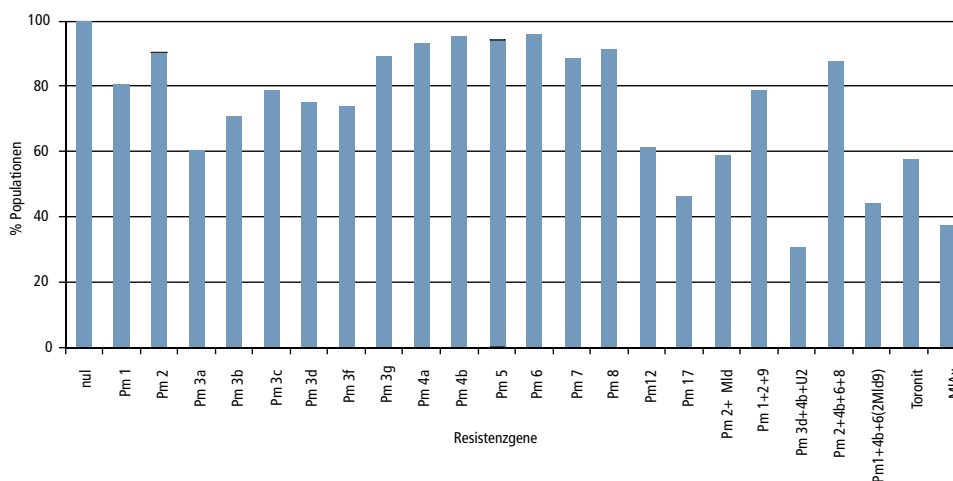


Abb. 5 | Häufigkeit der Resistenzumgehungen in den 104 Populationen des Echten Weizenmehltaus.

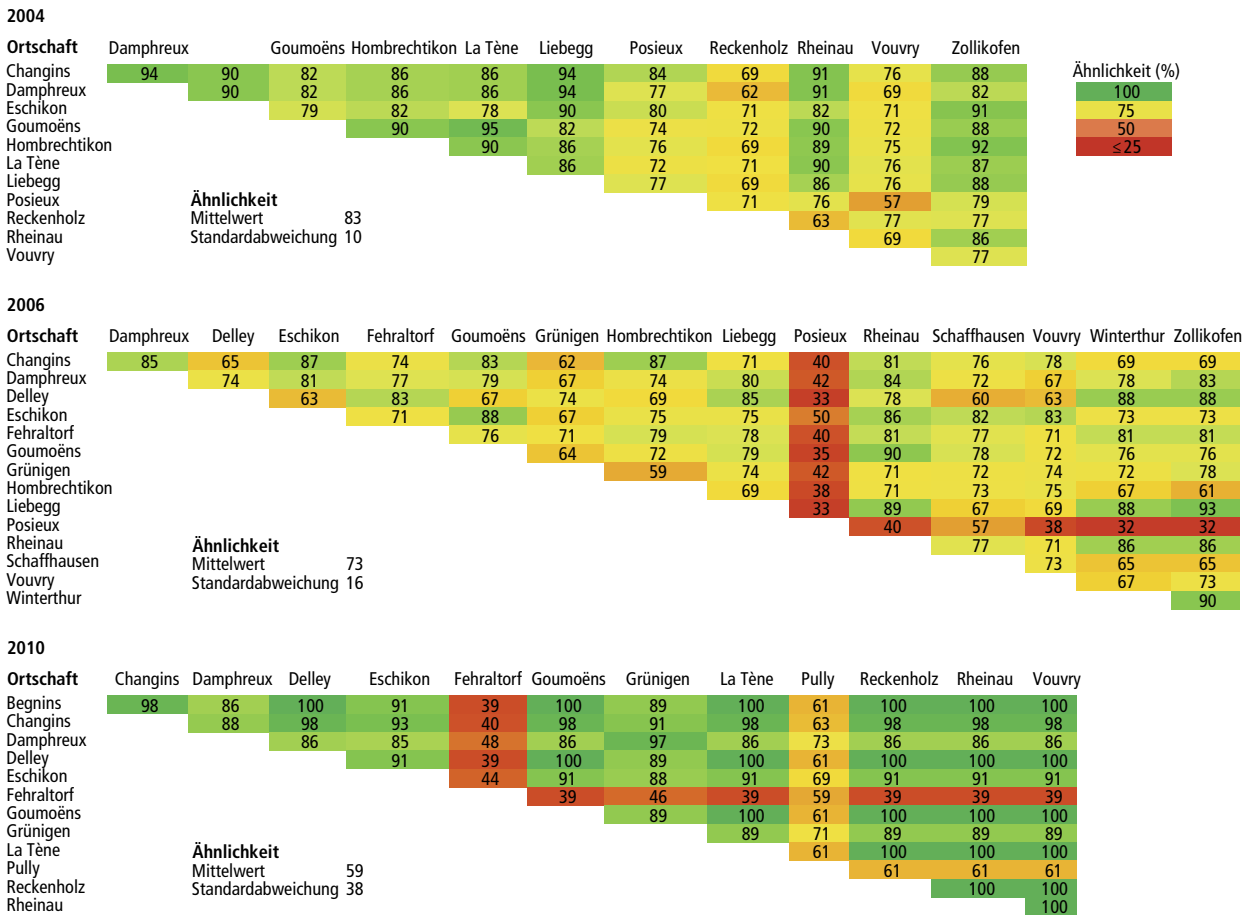


Abb. 6 | Ähnlichkeitsmatrix des Virulenzspektrums zwischen den Beobachtungsstandorten in den Jahren 2004, 2006 und 2010.

2000; Winzeler *et al.* 1990; Streckeisen und Fried 1985). Es sei zudem erwähnt, dass die Struktur der Populationen des Echten Mehltaus in Europa derjenigen der nordamerikanischen Populationen sehr ähnlich ist (Parks *et al.* 2008). Verschiedene Publikationen weisen auf eine schnelle Anpassung des Echten Mehltaus an neue Resistenzen hin (Winzeler *et al.* 1991). Es kann also davon ausgegangen werden, dass die Weizensorten in Europa und in den USA die gleichen Resistenzgene tragen und einen ähnlichen Selektionsdruck auf die Populationen des Echten Mehltaus ausüben. Um solche Virulenzen zu umgehen, haben die Züchter Sorten entwickelt, die mehrfache Resistenzen aufweisen. Trotz ihrer Komplexität werden diese Resistenzen umgangen, oft schon kurz nachdem die entsprechende Sorte in Kultur gebracht worden ist (Fischbeck 1997). Dies ist zum Beispiel bei der Sorte Walter der Fall (Tab. 2). Unsere Resultate zeigen, dass Resistenzkombinationen der Sorte Knirps (*Pm2,4b,6,8*) von mehr als 84 % der Populationen umgangen wurden. Wie aus den Monitoring-Daten der Jahre 1980 und 1989 in der Schweiz ersichtlich, werden die *Pm2*- und *Pm4b*-Resistenzen weniger umgangen

(Winzeler *et al.* 1991). Sie zählen jedoch in vorliegender Arbeit zu den Resistenzen mit der geringsten Wirksamkeit. Andere Resistenzen wie *Pm17*, *PmU*, *Pm2Mld9* und *Mlax* scheinen noch heute in mehr als 50 % der Fälle wirksam zu sein.

Die Populationen von Echem Mehltau sind je nach Jahrgang und Standort sehr verschieden. Wir haben die gleichen Virulenzkombinationen in geographisch weit auseinanderliegenden Populationen und grosse Unterschiede unter geographisch sehr nahestehenden Population beobachtet. Es ist bekannt, dass die Sporen des Echten Mehltaus leicht über weite Strecken durch den Wind fortgetragen werden (Brown und Hovmoller 2002). Jedoch kann ein Bergzug ein Hindernis darstellen, das die separate Entwicklung von verschiedenen Populationen erlaubt (Slovakova 2004). Im Schweizer Mittelland gibt es kein solches Hindernis, und der Selektionsdruck der angebauten Weizensorten unterscheidet sich nicht von einer Region zur anderen. Natürlich beeinflussen andere Faktoren das Vorhandensein von Virulenzen in den Populationen. Eine eingehendere Analyse dieser Faktoren war aber im Rahmen dieses Beitrages nicht möglich.

Changins

Jahre	2004	2005	2006	2007	2008	2009	2010	Ähnlichkeit (%)
2003	97	91	79	87	91	89	85	100
2004		94	81	84	94	86	82	75
2005			76	90	88	92	88	50
2006				67	81	69	65	≤25
2007	Ähnlichkeit				79	93	98	
2008	Mittelwert		87			86	82	
2009	Standartabweichung		9				95	

Dampfreux

Jahre	2004	2005	2006	2007	2008	2009	2010
2003	81	65	77	75	75	17	73
2004		82	84	76	69	12	91
2005			79	72	72	8	90
2006				79	64	13	82
2007	Ähnlichkeit				85	14	81
2008	Mittelwert		66			14	75
2009	Standartabweichung		30				10

Eschikon

Jahre	2004	2005	2006	2007	2008	2009	2010
2003	keine Angaben						
2004		57	89	80	86	77	86
2005			67	46	46	40	46
2006				69	75	67	75
2007	Ähnlichkeit				90	91	85
2008	Mittelwert		77			91	90
2009	Standartabweichung		18				91

Goumoëns

Jahre	2004	2005	2006	2007	2008	2009	2010
2003	93	96	74	87	84	96	96
2004		98	72	85	82	98	98
2005			70	83	80	100	100
2006				87	83	70	70
2007	Ähnlichkeit				91	83	83
2008	Mittelwert		79			80	80
2009	Standartabweichung		27				100

Rheinau

Jahre	2004	2005	2006	2007	2008	2009	2010
2003	86	88	59	80	74	87	87
2004		91	63	88	82	90	90
2005			65	85	74	87	87
2006				80	79	72	72
2007	Ähnlichkeit				91	89	89
2008	Mittelwert		81			84	84
2009	Standartabweichung		18				100

Vouvry

Jahre	2004	2005	2006	2007	2008	2009	2010
2003	67	90	69	93	16	95	98
2004		75	64	73	27	65	70
2005			77	97	19	90	88
2006				75	29	73	67
2007	Ähnlichkeit				18	93	91
2008	Mittelwert		70			17	15
2009	Standartabweichung		29				93

Abb. 7 | Ähnlichkeitsmatrix des Virulenzspektrums zwischen den Beobachtungsjahren an sechs Beobachtungsstandorten.

Die mit der erwähnten neuen Methode gewonnenen Resultate sind mit denjenigen anderer Studien vergleichbar. Sie hat den Vorteil, weniger aufwendig als die herkömmlichen Methoden zu sein. Gewiss ist sie weniger genau. Sie berücksichtigt nicht die physiologischen Grundlagen der Wechselwirkung zwischen Pflanze und Erreger, die umweltbedingt (z. Bsp. Licht, Temperatur, Wasser und Boden) und an das Entwicklungsstadium der

Pflanze gebunden sind. Gewisse Resistenzgene erreichen nämlich ihre optimale Wirksamkeit bei einer ganz bestimmten Temperatur (Hsam und Zeller 2002). Es muss deshalb unbedingt auf die Arbeiten unter kontrollierten Bedingungen mit gereinigten Isolaten zurückgegriffen werden, wenn es darum geht, die Virulenzmechanismen des Pathogens zu bestimmen und die biochemischen Abwehrprozesse der Pflanze genau zu untersuchen. Die hier vorgestellte globale Beobachtungsmethode prüft die Resistenzen unter Feldbedingungen. Sie entspricht also dem züchterischen Bedürfnis, über wichtige Daten zum Vorkommen von Virulenzen und zu den Populationsstrukturen zu verfügen.

Eine Resistenzzucht, die auf eine nachhaltige Wirkung ausgerichtet ist, muss auf einem Gemisch verschiedener Resistenztypen basieren (Fischbeck 1997). Die Weizensorten verfügen auch über quantitative Resistenzen, die nicht spezifisch für den Erreger sind. Diese mildern die Befallsausprägung, ohne dabei die Entwicklung des Erregers völlig zu verhindern (Miedaner und Flath 2007). Seit einigen Jahren verwenden die Züchter mehr und mehr vielfältige Resistenztypen. Das hier vorgestellte Monitoringsystem könnte dazu dienen, die Wirksamkeit von alternativen und monogenetischen Resistenzen auf dem Feld zu testen und deren Dauerhaftigkeit unter Feldbedingungen zu prüfen, bevor sie in der Zucht verwendet werden. Sortenmischungen, das eine Durchmischung der verwendeten Resistenzgene erlaubt, verringert auch die Ausprägung der Krankheit und deren Auswirkung auf Qualität und Ertrag (Finckh *et al.* 2000).

Schlussfolgerungen

- Alle getesteten Virulenztypen des Echten Mehltaus konnten landesweit gefunden werden.
- Das Vorhandensein von Virulenzen ist zufällig und anscheinend weder standort- noch jahrganggebunden.
- Die Populationen des Echten Mehltaus unterliegen einem komplexen Muster und sind je nach Standort und Jahrgang sehr verschieden.
- Das neue Virulenz-Monitoringverfahren mittels globalem Ansatz statt Analyse der Populationszusammensetzung liefert sehr zufriedenstellende Antworten für Züchtung und Sortenprüfung.
- Die quantitativen und qualitativen Resistenzkombinationen sollen weiterhin im Zentrum der Weizenzüchtung stehen.
- In Zukunft soll dieses Monitoringsystem dazu verwendet werden, die Wirksamkeit und Nachhaltigkeit neuer Resistenztypen gegen den Echten Mehltau zu testen. ■

Riassunto

Monitoraggio delle virulenze e struttura delle popolazioni di oidio dal 2003 al 2010

La selezione di varietà di frumento resistenti all'oidio necessita di informazioni sulla presenza delle virulenze e sulla struttura delle popolazioni del patogeno. Questo lavoro presenta un nuovo approccio d'indagine basato sull'analisi delle popolazioni presenti e non più quella dei singoli componenti della popolazione. Attraverso la semina delle linee differenziali direttamente in campo, è possibile osservare tutte le virulenze che sopraggiungono durante la stagione. Le parcelle di monitoraggio sono state installate in 8-17 siti tra il 2003 ed il 2010 in Svizzera. In questo modo, 104 popolazioni di odio sono state osservate. I risultati mostrano che le virulenze dominanti sono invariate da oltre 20 anni, mentre la frequenza di virulenze complesse è apparentemente aumentata. La struttura delle popolazioni è molto variabile nello spazio e nel tempo. Essa dipende, probabilmente, dai geni di resistenza presenti nelle varietà di frumento coltivate e da fattori ambientali che non hanno potuto essere approfonditi in questo lavoro. In sintesi, in un contesto di selezione l'approccio globale di monitoraggio risulta essere sufficiente. In futuro questo sistema sarà utilizzato per esaminare l'efficacia e la sostenibilità di nuove fonti di resistenza.

Literatur

- AGES, 2000. Österreichische beschreibende Sortenliste Winterweizen. [visité 19 février 2012 à <http://www.agrobio.bmfl.gv.at/deutsch/bio/versuch/sorten00.htm>].
- Alam A., Xue F., Wang C. & Ji W., 2011. Powdery mildew resistance genes in wheat: identification and genetic analysis. *Journal of Molecular Biology Research* 1 (1):20–38.
- Brown J. K. M. & Howmoller M. S., 2002. Aerial dispersal of pathogens on the global and continental scales and its impact on plant disease. *Science* 297, 537–541.
- Bundessortenamt, 1995. Beschreibende Sortenliste Getreide, Mais, Ölfruchte, Leguminosen, Hackfruchte: Bundessortenamt, Hannover, Allemagne.
- Clarkson J. D. S., 2000. Virulence survey report for wheat powdery mildew in Europe, 1996–1998. Accès: <http://www.crpmb.org/2000/1204clarkson> [19.2.2012].
- Cunfer B. M., 2002. Powdery mildew. In: Bread Wheat. S. R. B. C. Curtis, H. Gómez Macpherson (eds). Rome, Food and agriculture organization of the United Nations.
- Finckh M. R., Gacek E. S., Goyeau H., Lannou C., Merz U., Mundt C.C., Munk L., Naddaziak J., Newton A. C., de Vallavieille-Pope C. & Wolfe M. S., 2000. Cereal variety and species mixtures in practice, with emphasis on disease resistance. *Agronomie* 20, 813–837.
- Fischbeck G., 1997. Gene management. In: Resistance of Crop Plants Against Fungi. J. H. Hartleb, R. Heitefuss, H. H. Hoppe (eds). Jena, Germany, Gustav Fischer Verlag.
- Hermann A., Löwer C. F. & Schachtel G. A., 1999. A new tool for entry and analysis of virulence data for plant pathogens. *Plant Pathology* 48, 154–158.
- Hsam S. L. K. & Zeller F. J., 2002. Breeding for powdery mildew resistance in common wheat (*Triticum aestivum* L.). In: The Powdery Mildews: A Comprehensive Treatise. R. R. Belanger, W. R. Bushnell, A. J. Dik, T. L. W. Carver (eds). St. Paul, MN, American Phytopathological Society.
- Mascher F., Reichmann P. & Schori A., 2006. Impact de l'oidium sur la culture du triticale. *Revue suisse d'Agriculture* 38 (4),193–196.

Summary

Virulence monitoring and the structure of powdery mildew populations between 2003 and 2010

Breeding for powdery mildew resistant wheat varieties needs information on the presence of virulences and the virulence structure of the current powdery mildew populations. In this work, we present a novel approach for virulence analyses by global analysis and not by analyzing the constituents of the population, as this was done in previous studies. Here, by planting the tester lines directly in the field, it is possible to screen the upcome of virulences during the whole season. Monitoring plots have been installed between 2003 and 2010 at 8 up to 17 sites all over Switzerland. More than 104 powdery mildew populations could be screened. The results show only little changes among the dominating resistances, but multiple virulences are likely to have increased. The virulence structures of the populations show very changing patterns over the years and over the sites. This may be linked to the wheat varieties cultivated and, probably more important, due to environmental factors. Unfortunately, these factors could not be studied within the present work. Overall, the here presented method of global virulence analysis meets the needs for breeding of resistant varieties. Future virulence screenings will analyse the efficacy and the durability of novel resistances.

Key words: *Blumeria graminis fsp. tritici*, differential lines, multilocal screening, deployment of resistance genes, breeding.

- McIntosh, R. A., 1988. Catalogue of gene symbols for wheat. Proc. 7th Int. Wheat Genet. Symp. 1988. P. 1225–1323.
- Miedaner T. et Flath K., 2007. Effectiveness and environmental stability of quantitative powdery mildew (*Blumeria graminis*) resistance among winter wheat cultivars. *Plant Breeding* 126, 553–558.
- Parks R., Carbone I., Murphy J. P., Marshall D. & Cowger C., 2008. Virulence structure of the Eastern U.S. wheat powdery mildew population. *Plant Disease* 92 (7), 1074–1082.
- Slovakova T., 2004. Do geographical barriers play any role in isolation of powdery mildew populations? *Biologia, Bratislava* 59 (1), 121–126.
- Streckeisen Ph. & Fried P. M., 1985. Virulenzanalyse im Weizenmehltau in der Schweiz in den Jahren 1981 bis 1983. *Schweizerische Landwirtschaft* 24 (3/4), 261–269.
- Winzeler M., Streckeisen Ph., Winzeler H. & Fried P. M., 1990. Züchtung auf dauerhafte Mehltauraesistenz bei Weizen und Dinkel. Dans: Arbeitstagung der Arbeitsgemeinschaft der Saatzuchtleiter, 20. – 22. November 1990, Bundesanstalt für alpenländische Landwirtschaft Gumpenstein, Irdning, Autriche.
- Winzeler M., Streckeisen Ph. & Fried P. M., 1991. Control of cereal mildews: virulence patterns and their change. *Control of Cereal Mildews*, 15–21.
- Wolfe M. S., 1993. Can the strategic use of disease resistance hosts protect their inherent durability? In: Durability of Disease Resistance. T. Jacobs et. J. E. Parlevliet (éd.). Dordrecht, The Netherlands: Kluwer Academic Publishers.