

# Nya resistensgener för framtidens vete

STAFFAN C. ANDERSSON<sup>1</sup>, EVA JOHANSSON<sup>1</sup>, TINA HENRIKSSON<sup>2</sup>, MAHBUBJON RHAMATOV<sup>1</sup>

<sup>1</sup>SVERIGES LANTBRUKSUNIVERSITET (SLU), INSTITUTIONEN FÖR VÄXTFÖRÄDLING, BOX 101, 230 53 ALNARP

<sup>2</sup>LANTMÄNNEN SW SEED, BOX 301 92, 104 25 STOCKHOLM

Det mest effektiva och miljövänliga alternativ som finns tillgängligt för att motverka skadegörare i odling är att använda resistensgener direkt i växten. Men det pågår en ständig kamp mellan skadegörarnas evolution som övervinner resistensen i växten och tillgängliga gener med resistent verkan. I detta projekt har vi därför undersökt ett vetematerial med inkorsade kromosomer från råg och strandråg. Resultaten visar hög förekomst av resistens för olika utvalda svampsjukdomar i det undersökta materialet och att resistensgenerna finns fördelade på många av de främmande kromosomerna. Slutsatsen från dessa undersökningar är att råg- och strandrågmaterialet har en stor potential att tillföra nytt genetiskt material av resistensgener till vete förädlingen för att motverka många aggressiva svampsjukdomar.



Bild 1. Fältförsök i Svalöv, Sverige (vänster) och svartrostangrepp i Njoro, Kenya (höger), foto av Staffan Andersson.

## Vete – en av världens största grödor

Vete (*Triticum aestivum*) är bland de grödor som produceras mest i världen och eftersom vetet framför allt är en livsmedelsgröda, är vete den gröda som förser flest människor med proteiner och kolhydrater. Den totala produktionen i världen var år 2012, 671 miljoner ton varav Sverige endast bidrog med 3.4 promille, trots att vete är den största grödan i Sverige näst efter vall och foderväxter. Genomsnittet i världen på avkastning per areal är för vete ca 3.1 ton per hektar och i Sverige ca 6.2 ton per hektar. Höstvete som har en högre avkastning än både vårvete och rågvete (6.8, 4.3 resp 5.9 ton/ha) dominerar veteodlingen i Sverige med ca 80 %, vårvete står för ca 15 % och rågvete med ca 5 %. Under en lång tid har avkastningen av vetet tillsammans med många andra grödor ökat successivt med hjälp av bl a växtförädling, gödselstrategier och andra tillämpningar inom jordbruket.

På senare tid har dock avkastningsökningen planat ut i många grödor och orsakerna anses vara en kombination av flera faktorer. Anledningar som diskuterats är bl a växtförädling, degradering av jordbruksmarker, rationaliseringsgraden på gårdar. Samtidigt så ökar jordens befolkning och en utmaning inför framtiden är att försörja jordens människor med tillräcklig mängd och kvalitet av livsmedel utan att bidra med en negativ påverkan på miljön och människors hälsa. Med klimatförändringarna och den ökade medeltemperaturen kommer belastningen på jordbruket att öka genom bl a ökade angrepp av skadesvampar och skadeinsekter som också till stor del bidrar till en minskad avkastning från våra åkrar. Resistensgener har visat sig vara ett mycket bra alternativ till användandet av skadliga kemikalier för att bekämpa skadegörarna.

## Resistensgener varar inte för evigt

En resistensgen minskar möjligheten för att växten ska bli angripen och/eller skadas av skadegöraren. Ett stort problem är dock skadegörarnas evolution. När skadegöraren utvecklas över tiden bryter de resistensen i växten vilket kallas för att resistensgenen blir virulent och därför behövs det hela tiden förädlas fram nya sorter med nya resistensgener och kombinationer av dessa. Strategin för växtförädlaren är viktig och när många resistensgener kombineras varar resistensen mycket längre än när enskilda gener används. Det är dock en mycket svårare och kostsammare process att kombinera gener och därför innehåller många vetesorter enbart en resistensgen. Många av dagens kända resistensgener är virulenta mot ett flertal raser av olika skadegöra-

ren och därmed är de inte effektiva mot dessa raser. Med växtförädlingens fortlöpande i kombination med det moderna jordbruket har mycket genetisk information försvunnit från dagens vetesorter så därför är en strategi för att leta upp ”nya” gener genom att gå tillbaka till ursprungliga släktingar till vetet. Det är normalt möjligt genom användandet av olika tekniker, att korsa nära släktingar med varandra för att erhålla viktiga gener, men processen kan kompliceras genom olika uttryck såsom sterilitet och segregation av kromosomerna vid återkorsningar. En lyckad korsning mellan nära släktingar var när man lyckades framställa rågvete (*triticale*), genom att korsa vete och råg (*Secale cereale*). Rågvete kan återkorsas med vete vilket kan resultera i överföring av t ex kromosomarmar med intressanta resistensgener från rågen till vetet medan vetets övriga åtråvärda egenskaper som t ex en hög avkastning och bra bakningskvalitet bibehålls. Råg innehåller många åtråvärda egenskaper som kan överföras som t ex resistens mot olika skadegörare och tolerans mot vatten- och saltstress.

### Skadegörare konkurrerar om vetet

Vanliga och allvarliga skadesvampar på vete i Sverige och många andra delar av världen är bl a mjöldagg (*Blumeria graminis* f. sp. *tritici*), fusarium (*Fusarium* sp.), svartpricksjuka (*Mycosphaerella graminicola* anamorph: *Septoria tritici*), gulrost (*Puccinia striiformis* f. sp. *tritici*), och brunrost (*Puccinia triticina*). Svartrost (*Puccinia graminis* f. sp. *tritici*) ses idag i Sverige inte som ett allvarligt problem men farhågor finns att även denna skadegörare kan bli ett problem i Sverige, då mellanvärden berberis (*Berberis vulgaris*) har börjat återetablera sig i landskapet samt att nya aggressiva raser sprids i världen och då speciellt de så kallade Ug99 raserna. Ug99 upptäcktes omkring 1999 i Uganda och har spridit sig till ca ett nytt land för varje år och kan idag lokaliseras i länder från Sydafrika genom östra Afrika och upp till Iran. Gulrost har visat sig mer aggressiv på senare tid och angripit normalt resistent sorter av både vete och rågvete vilket är mycket allvarligt.

### Undersökningar av resistens hos främmande kromosomer

I detta projekt har vi undersökt ett vetematerial med inkorsningar av råg och strandråg (*Leymus mollis* och *L. racemosus*) framtaget av Prof. Arnulf Merker för resistens mot olika vanliga svampsjukdomar, mjöldagg, fusarium, svartpricksjuka, gul-, brun- och svartrost. Vetematerialet som har undersökts innehåller en eller flera hela (substitution) kromosomer, eller antingen en lång respektive kort arm (translokation) av en eller flera kromosomer från råg eller *Leymus* spp. istället för någon motsvarande kromosom eller kromosomarm i ett av vetets tre genom (A, B och D). Det finns även kombinationer av flera överförda kromosomer i samma material och i vissa material har kromosomen vänt sig (inverterad) vilket kan ge upphov till ett annat uttryck av generna i materialet. Även hur de främmande kromosomerna är länkade med varandra kan ge olika uttryck hos vetehybriderna. I undersökningarna ingick korsningar av höstvetet (180 st) och vårvete (57 st) liksom föräldramaterialet till korsningarna. I projektet har undersökningarna bedrivits som fältstudier hos Lantmännen i Sverige (Svalöv) och Tyskland (Harzhof och Laberweinting) med naturlig infektion under två säsonger, och fördjupade studier med olika raser av gul- och svartrost i Danmark (Århus Universitet) och USA (University of Minnesota, USDA-ARS), Sydafrika (University of the Free State), Turkiet (ICARDA Ismir) och Kenya (KALRO Njoro) med inokulering av specifika raser i juvenilt stadiet i växthus och adult stadiet i fält. I fördjupningsstudierna har även ett stort antal genetiska markörer använts för att identifiera eller utesluta kända resistensgener. Likaså har hybriderna kontrollerats med hjälp av cytogenetiska metoder (GISH: genomic *in situ* hybridisation) som gör det möjligt att identifiera främmande genetiskt material i vetet från råg respektive *Leymus* genom infärgningar. Hela och delar av detta växtmaterial har tidigare blivit undersökt för bl a vissa svampsjukdomar, skadeinsekter och allelopati med goda resultat.

### Hög grad av resistens

Resultaten från undersökningarna visar många linjer med högsta graderingen av resistens för respektive undersökta sjukdomar i både fält och växthus. Även en stor mängd linjer med en lägre grad av resistens har identifierats i det undersökta materialet. Resultaten som presenteras här kommer bara att beskriva vilken rågkromosom som var inblandad vid resistens, dvs vi kommer inte att vidare gå in på om det var hela kromosomen som var överförd eller om det var en translokation eller inverterad kromosom som låg bakom resistensen. Resultaten vad gäller vårvetehybriderna naturligt infekterade i fält av mjöldagg, svartpricksjuka och fusarium, visade resistens hos vetelinjer innehållande 1R, 2R, 3R, 5R, 1R+6R och *L. racemosus*. En något lägre grad av resistens uppvisades mot rost, högst resistens mot gulrost påvisades i linjer innehållande 1R, 2R, 3R, 1R+6R och högst resistens för brunrost återfanns i linjer med 3R och *L. racemosus*, och för svartrost i linjer med 1R och 3R. I fältundersökningarna med naturlig infektion av höstvetehybriderna är resultaten mer komplexa då flera sjukdomar undersöktes på flera olika platser under två säsonger och gav olika resultat och högst grad av resistens mot fusarium, mjöldagg och gulrost involverade exempel på linjer som innehöll olika kromosomer inkluderande samtliga kromosomer. De kombinerade resultaten för fusarium av flera avläsningar resulterade i högst resistens med linjer som innehöll 1R, 2R, 1R+5R och 1R+6R. För mjöldagg återfanns linjer med samtliga rågkromosomer involverade i olika kombinationer, och för gulrost återfanns högst grad av resistens i linjer med 1R, 2R, 5R och 4R+5R+6R. Högst grad av resistens för svartpricksjuka återfanns i linjer med 1R och 2R. För brunrost återfanns högst grad av resistens i linjer med 1R, 2R, 5R, 6R, 4R+5R+6R, *triticale* (1-7R) och *L. mollis*-hybrider och för svartrost i linjer med 1R, 1R+2R, 5R, 4R+5R+6R, *triticale* och *L. mollis*-hybrider. För resistensundersökningarna av juvenila vetehybrider med olika inokulerade raser av svartrost identifierades många redan

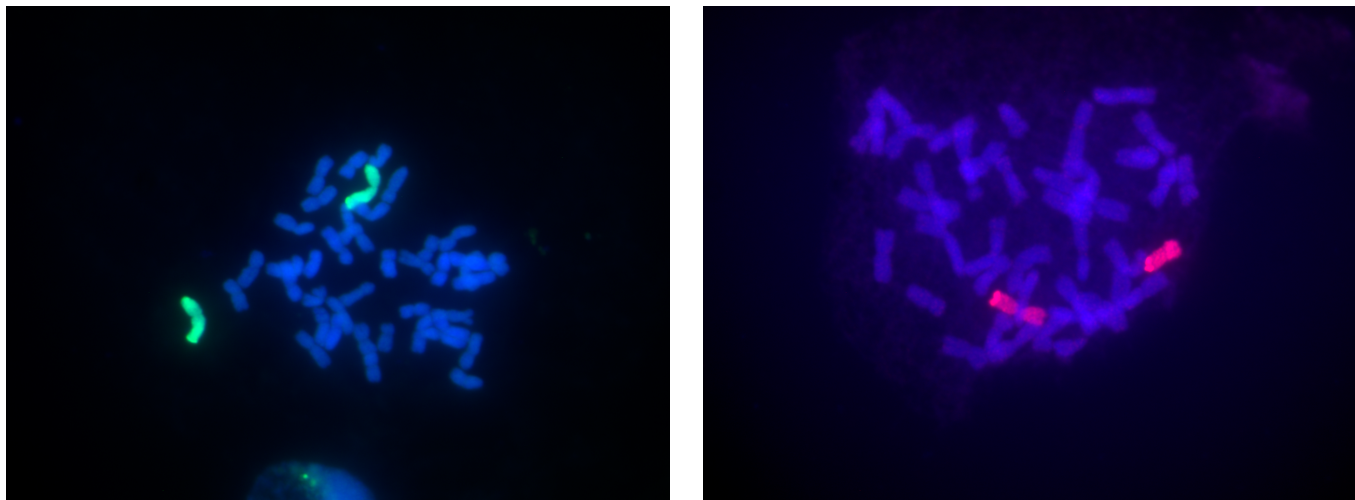


Bild 2. GISH analyser på vetehybrider där vetekromosomerna har färgats blå och de främmande kromosomerna som grönt för råg (vänster) och rött för *Leymus racemosus* (höger), foto av Mahbubjon Rahmatov.

kända resistensgener men många linjer visade sig ha en hög grad av resistens där inte några kända resistensgener kunde identifieras med markörer och de senare återfanns i linjer med 1R, 2R, 3R, 1R+6R och *L. mollis*-hybrider.

### Är råg vetets framtid?

Resultaten av fältstudierna visar en mycket hög grad av resistens från linjer med olika kromosomer från råg och *Leymus* spp. för alla undersökta svampsjukdomar. Ett antal hittills okända gener har påvisats i de främmande genetiska materialet med hjälp av uteslutningsmetoder från vilken kromosom som ingår i hybriderna samt med hjälp av markörer för redan kända resistensgener. Men att linjerna uppvisar 100 % resistens behöver dock inte innebära att de är det ultimata materialet att använda för att förädla fram nya sorters vetehybrider. Orsaken kan även bero på det naturliga sjukdomstrycket för säsongen har varit förhållandevis lågt i jämförelse med andra säsonger på de lokaler där fältundersökningarna har en naturlig infektion. Det kan också innebära att flera gener är involverade i resistensen och vid ytterligare förädlingssteg kan genetisk information försvinna och den påvisade resistensen försvagas. Växtmaterialet kan också visa olika grad av resistens beroende på vilken ras av sjukdomen som applicerats eller infekterat under

säsongen. Likaså kan undersökningarna av juvenilt och adult stadie (växthus- respektive fältstudier) ge olika resultat då uttrycken av generna kan vara olika beroende på växtmaterialets ålder och utvecklingsgrad. Det är därför mycket viktigt att göra fördjupningsstudier för varje enskild svampsjukdom och utvalda vetehybrider med så många raser som möjligt vid olika tillfällen i vetets livscykel. Likaså är fortsatta studier nödvändigt för att identifiera positionerna av de icke identifierade resistensgenerna vilket kan genomföras med hjälp av sekvensering på mapping populationer, där utvalda resistent linjer har korsats med ett icke-resistent vete vilkas avkommor resulterar i både resistent och mottagliga linjer som sedan kan jämföras. För framtida förädling är detta hybridmaterial mycket intressant att utnyttja för dess resistensgenskaper för att kunna säkra en god avkastning för att förse människor med föda i hela världen genom en odling med en minimal miljöbelastning.

### Litteratur

Mahbubjon Rahmatov, Larisa Garkava-Gustavsson, Ruth Wanyera, Brian Steffenson, Matthew Rouse and Eva Johansson. (2015) Stem rust resistance in 1Bl.1RS and 2RL.2BS Double wheat-rye translocation lines. *Czech J. Genet. Plant Breed.*, 51 (4). 148–154.

Staffan C. Andersson, Eva Johansson, Michael Baum, Fawzi Rihawi and Mustapha El Bouhssini. (2015) New resistance sources to Russian wheat aphid (*Diuraphis noxia*) in Swedish wheat substitution and translocation lines with rye (*Secale cereale*) and *Leymus mollis*. *Czech J. Genet. Plant Breed.*, 51 (4): 162–165.

Mahbubjon Rahmatov, Matthew N. Rouse, Staffan C. Andersson, Brian Steffenson, Ruth Wanyera, Zacharias Pretorius, Andreas Houben, Nazari Kumarse, Sridhar Bhavani and Eva Johansson. Sources of stem rust resistance in wheat-alien introgression lines. Accepted for publication in *Plant Disease*. Staffan C. Andersson et al. New resistance sources to Hessian fly (*Mayetiola destructor*) in Swedish winter wheat (*Triticum aestivum*) substitutions and translocations with rye (*Secale cereale*). (Manuskript i preparation).

Mahbubjon Rahmatov, Matthew N. Rouse, Jayaveeramuthu Nirmala, Tatiana Danilova, Bernd Friebe, Brian J. Steffenson, and Eva Johansson. A new 2DS·2RL Robertsonian translocation transfers *Sr59* resistance to stem rust into wheat. (Manuskript i preparation). Staffan C. Andersson et al. Wheat-alien introgression lines as a source of resistance (Manuskript i preparation)



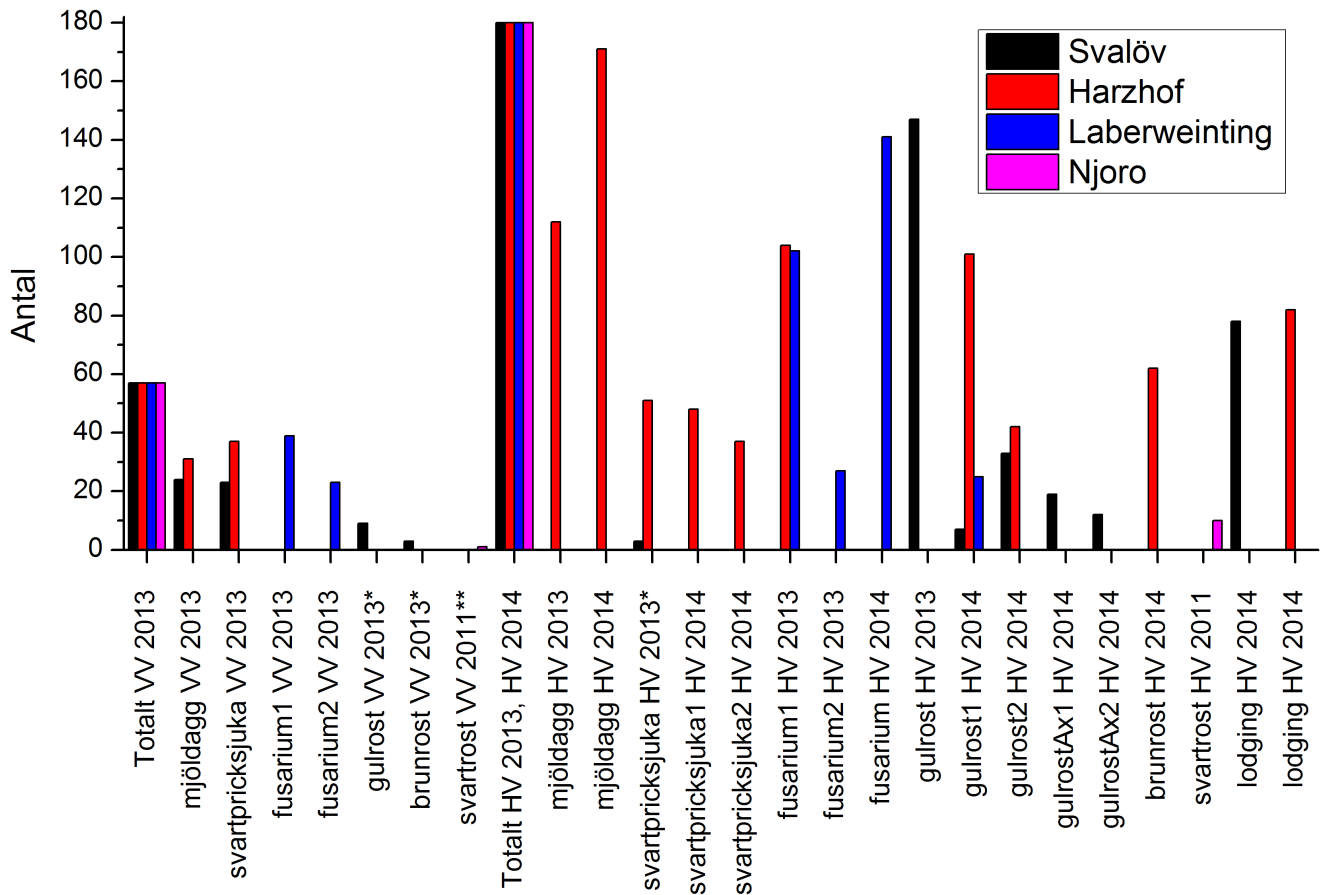


Bild 3. Antalet linjer som visar högsta gradering (1) av resistens för undersökta sjukdomar i fält på en skala 1-9 på fyra lokaler under två säsonger, \*=gradering 2 och \*\*=gradering 3, VV=vårvetehybrid, HV=höstvetehybrid.

- Faktabladet är utarbetat inom LTV-fakultetens Institutionen för växtförädling, Enhet Växtens Produktkvalitet ([www.slu.se/sv/institutioner/vaxtforadling-bioteknik/forskning/produktkvalitet/](http://www.slu.se/sv/institutioner/vaxtforadling-bioteknik/forskning/produktkvalitet/))
- Projektet är finansierat av Lantmännens forskningsstiftelse och Partnerskap Alnarp ([www.slu.se](http://www.slu.se); <http://lantmannen.se/omlantmannen/om-lantmannen/forskning-och-utveckling/lantmannens-forskningsstiftelse/>; <http://partnerskapalnarp.slu.se/gem/ettan.aspx>)
- Projektansvarig Staffan Andersson ([Staffan.Andersson@slu.se](mailto:Staffan.Andersson@slu.se)), Växtens Produktkvalitet, Institutionen för växtförädling, Box 101, 230 53 Alnarp
- Författare: Staffan Andersson ([Staffan.Andersson@slu.se](mailto:Staffan.Andersson@slu.se)); Eva Johansson ([Eva.Johansson@slu.se](mailto:Eva.Johansson@slu.se)); Tina Henriksson ([Tina.Henriksson@lantmannen.com](mailto:Tina.Henriksson@lantmannen.com)); Mahbubjon Rhamatov ([Mahbubjon@gmail.com](mailto:Mahbubjon@gmail.com)).

Webbadress till Epsilon: [www.slu.se/sv/bibliotek/soka/sok-epsilon/](http://www.slu.se/sv/bibliotek/soka/sok-epsilon/)