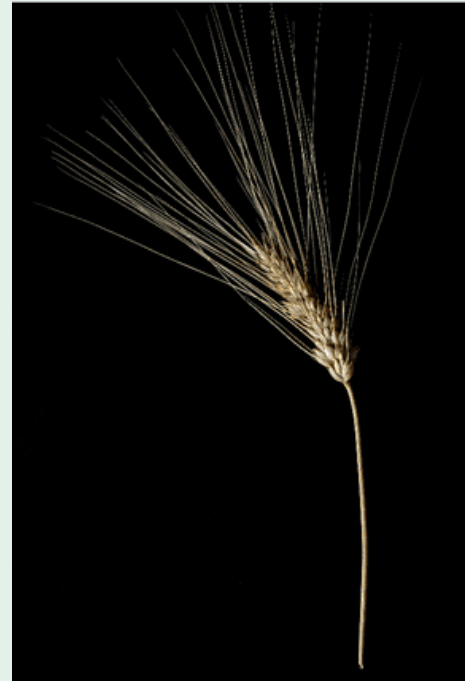


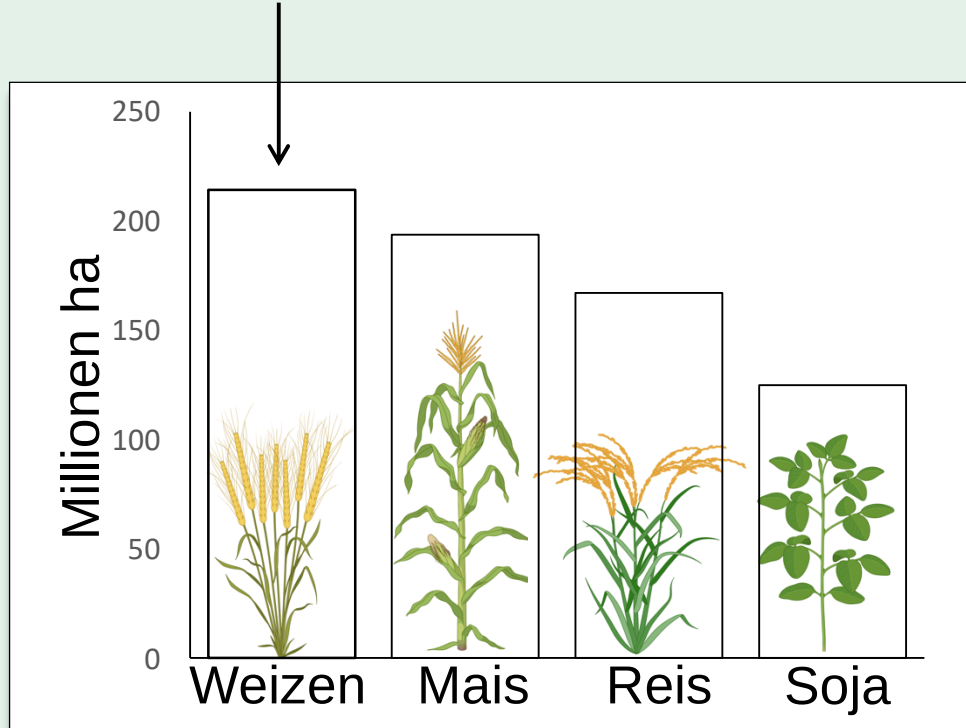
Was uns asiatischer Weizen über Gelbrostresistenzen verrät

Katharina Jung

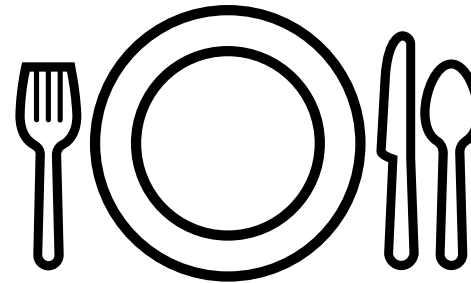
Universität Zürich



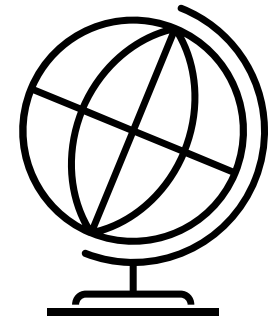
Brotweizen (*Triticum aestivum*)



> 2.5 Milliarden
Menschen



> 80 Ländern

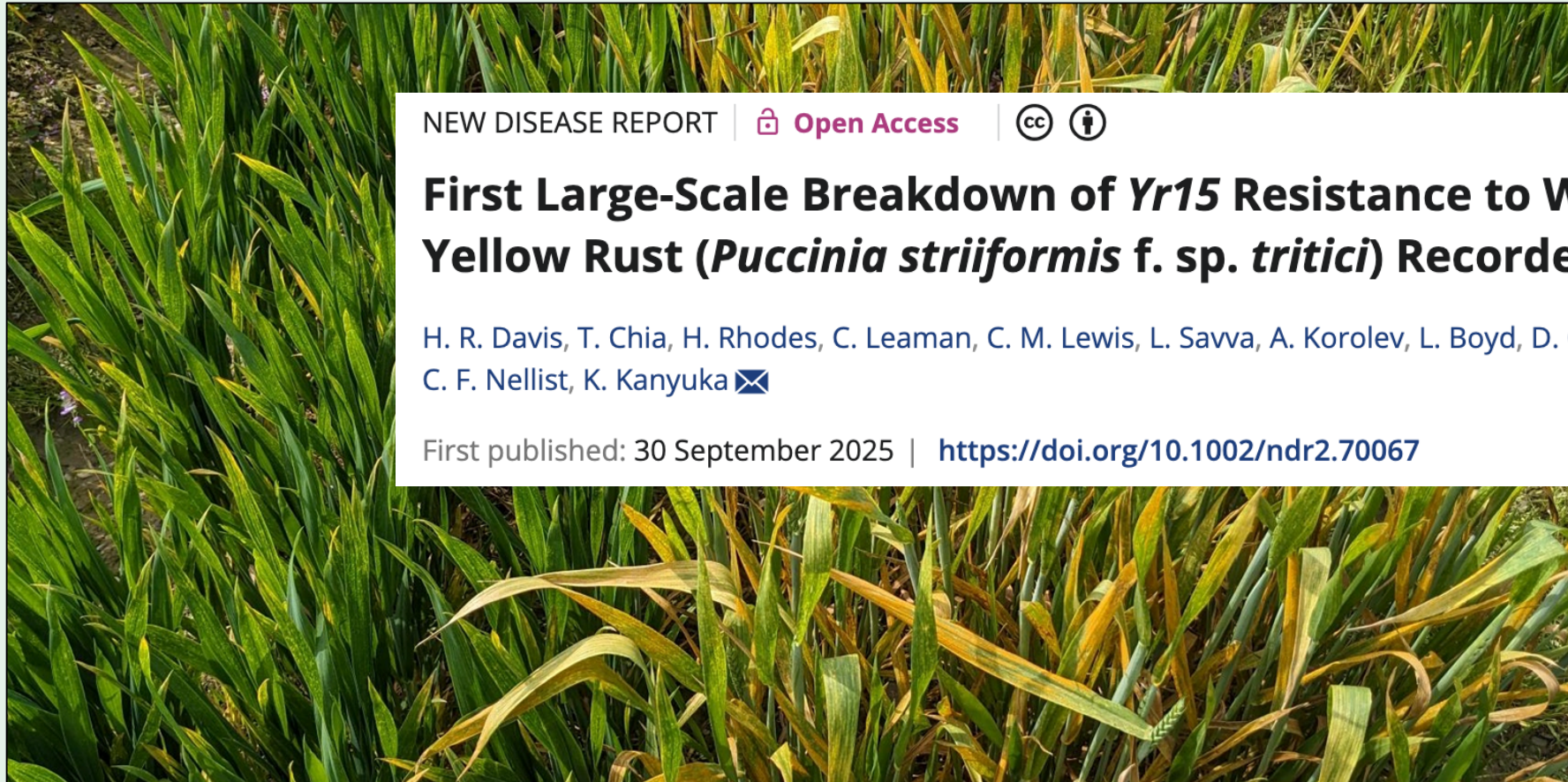


Gelbrostinfektionen (*Puccinia striiformis* f. sp. *tritici*) betreffen ~88 % der globalen Weizenproduktion



Beddow et al. 2015

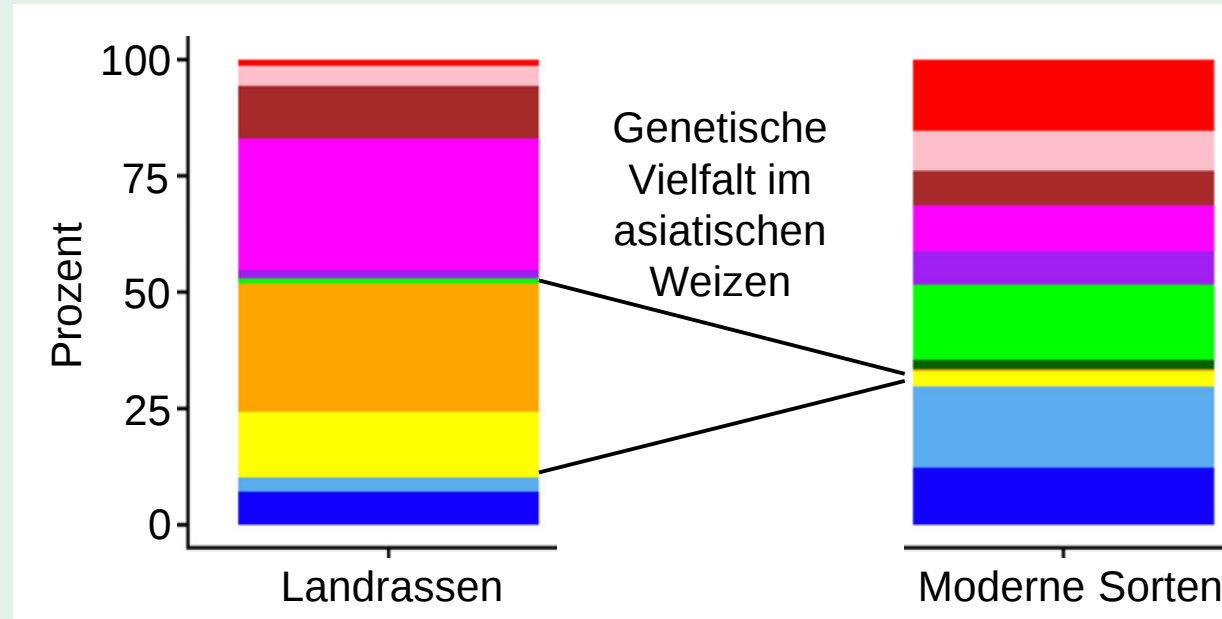
Gelbrostinfektionen (*Puccinia striiformis* f. sp. *tritici*) betreffen ~88 % der globalen Weizenproduktion



→ resistente Weizensorten werden dringend benötigt

Beddow *et al.* 2015

Verborgene Vielfalt im asiatischen Weizen

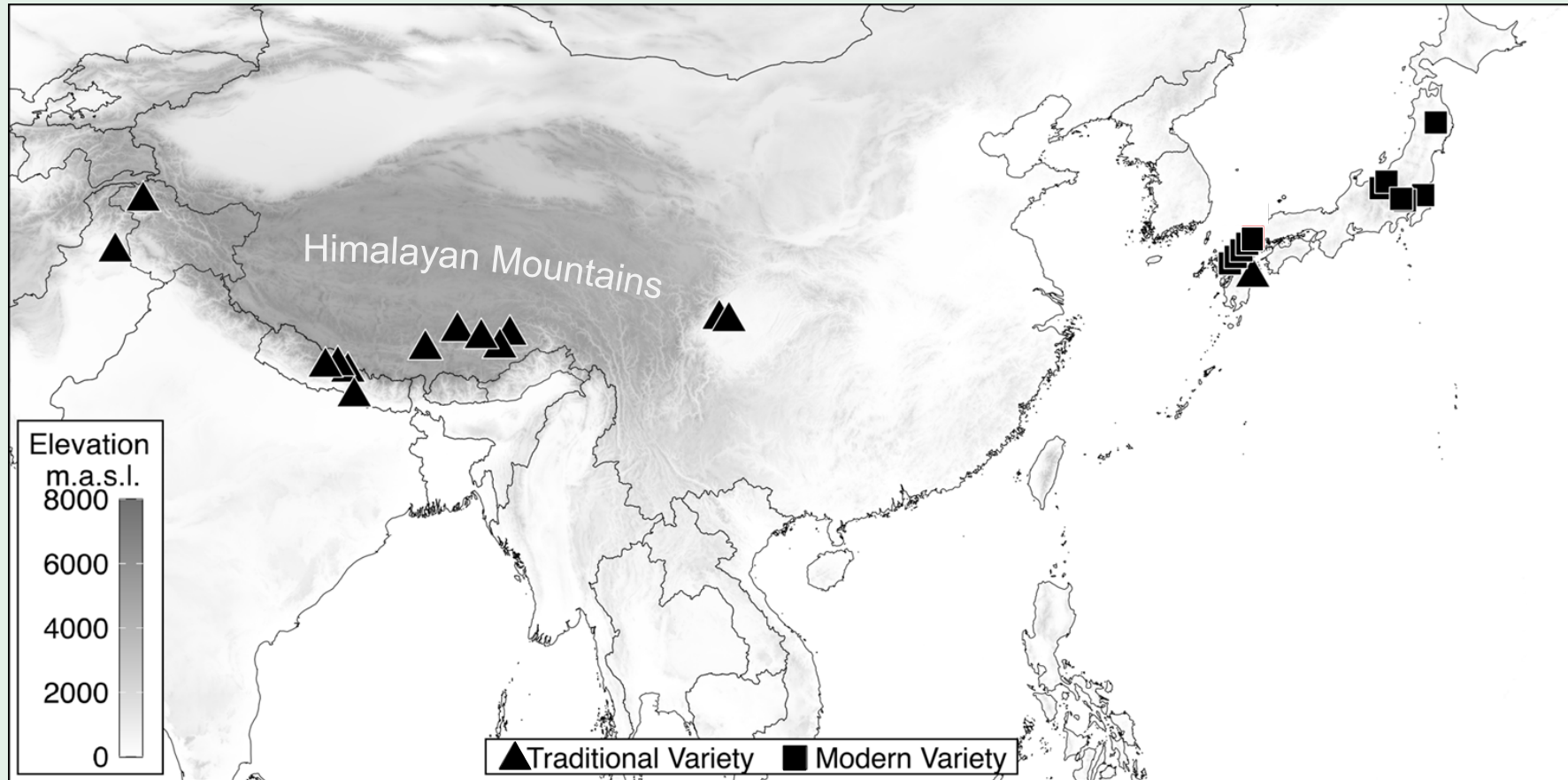


Balfourier et al. 2019

Sansaloni et al. 2020; Lehnert et al. 2022

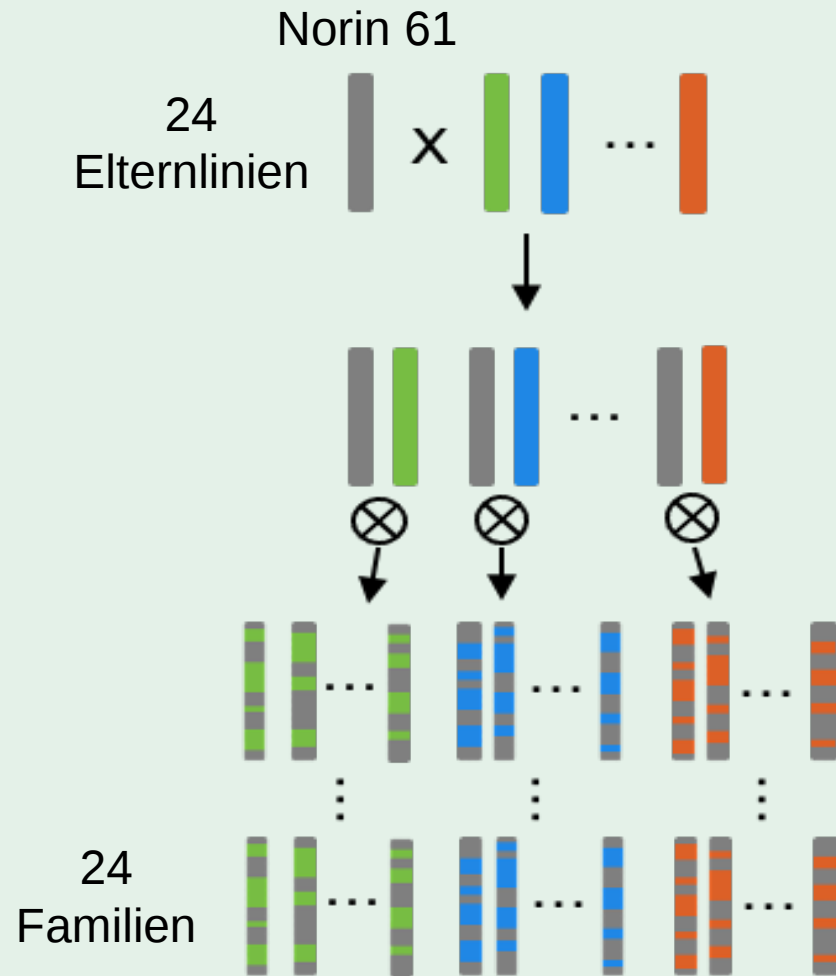
-> asiatischer Weizen beherbergt möglicherweise einzigartige Eigenschaften und Gene

25 Elternlinien der asiatischen NAM (nested association mapping) Population



Quelle: NBRP (National Bio Resource Project) Wheat - Japan

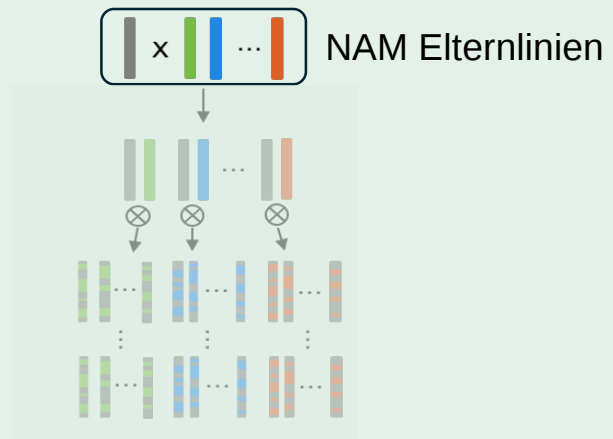
Spezielle Population zur Entdeckung neuer Gen-Loci: Nested association mapping (NAM) Population



- Entwickelt an der Kyoto University
- Deckt größere genetische Vielfalt ab als klassische Kartierungs-Population mit nur zwei Elternlinien

Forschungsfragen

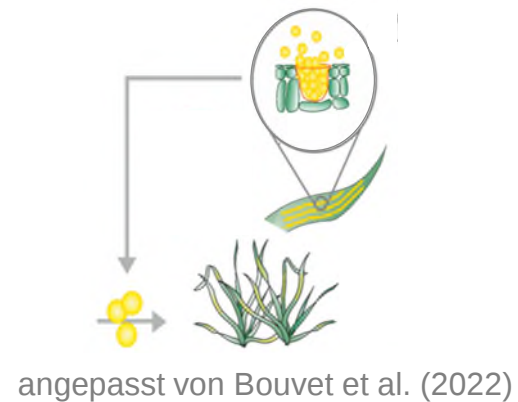
Gibt es Gelbrostresistenzen in den NAM-Elternlinien?



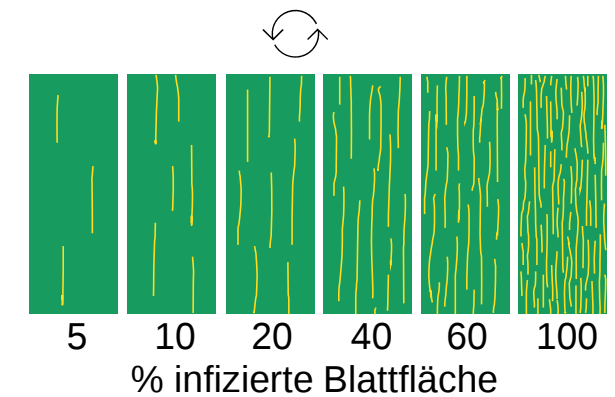
① Weizenanbau im Feld



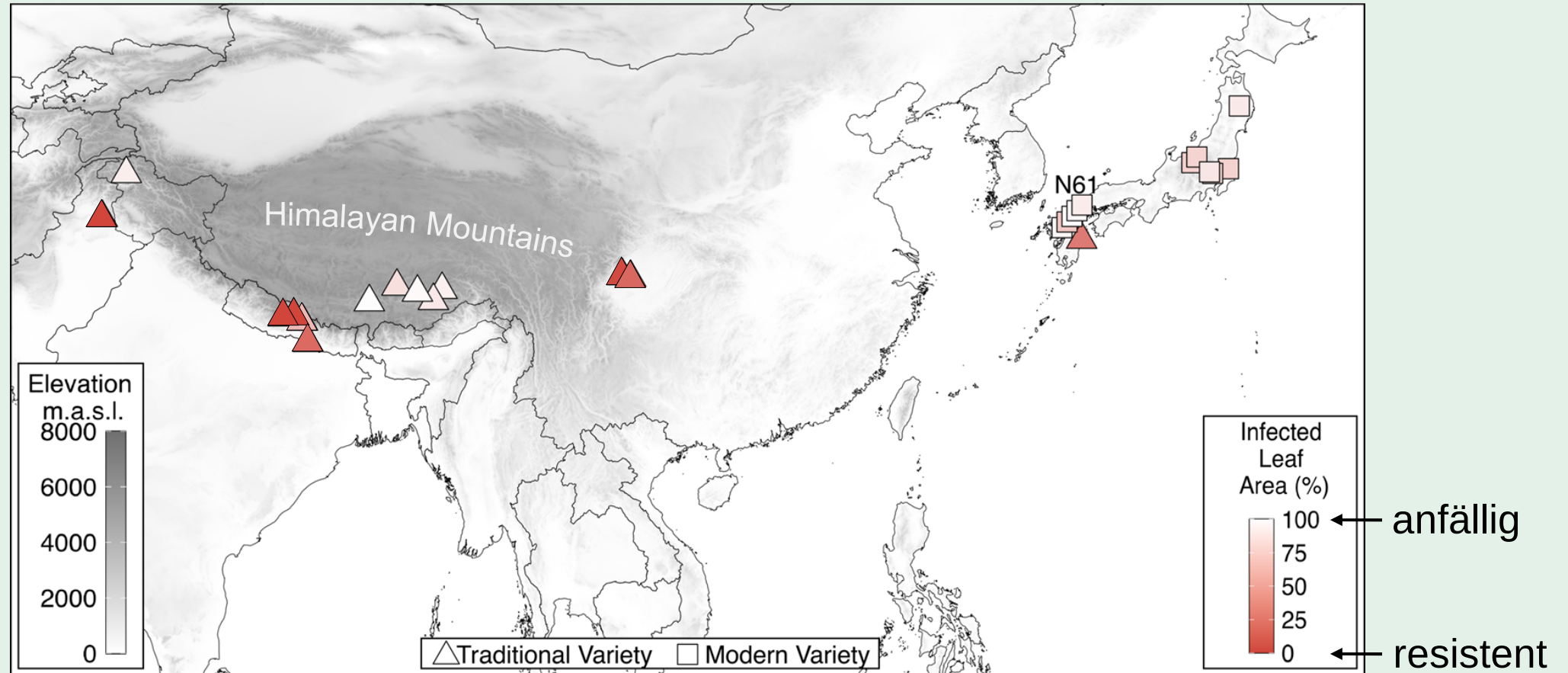
② Künstliche Infektion mit Pathogen



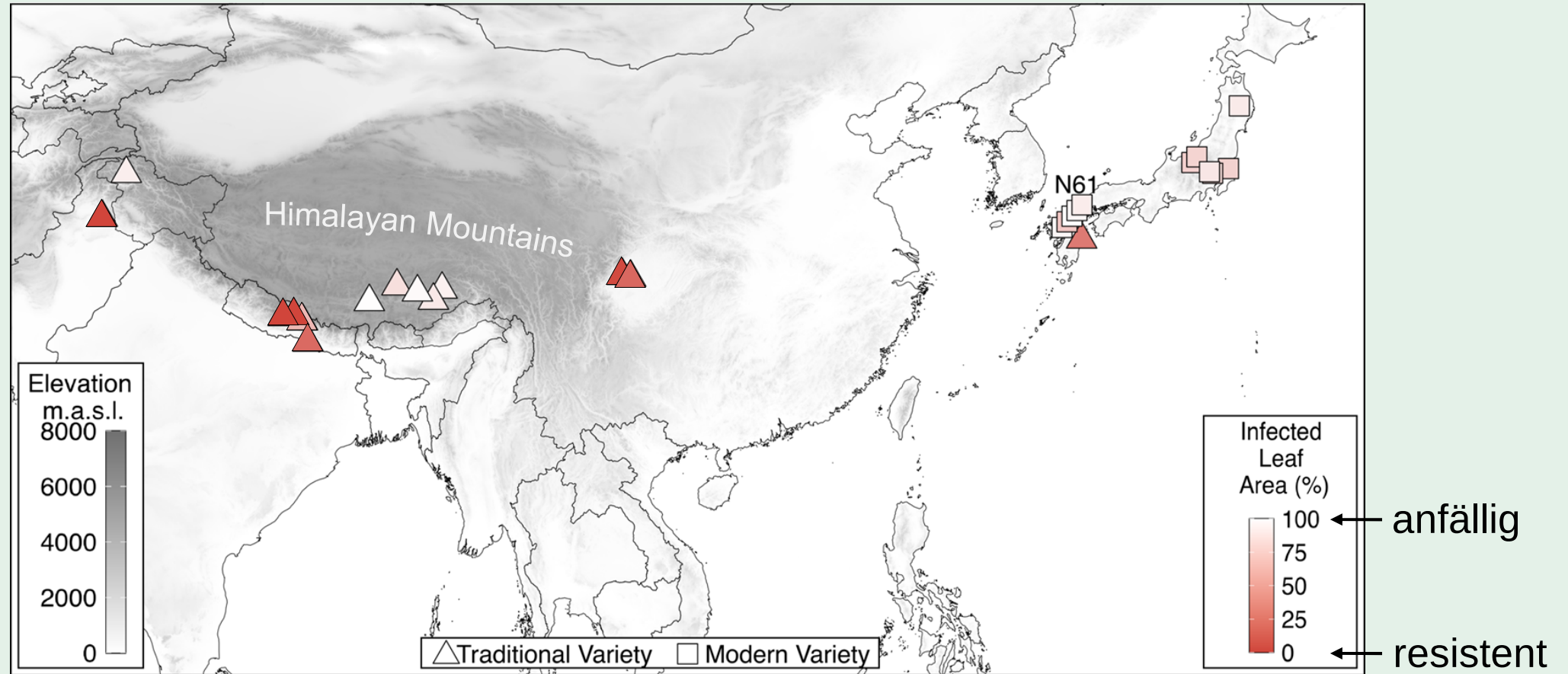
③ Wiederholte Symptom-Bewertung



Ergebnis 1: Starke Resistenz in Elternlinien



Ergebnis 1: Starke Resistenz in Elternlinien aus Regionen mit hohem Krankheitsdruck



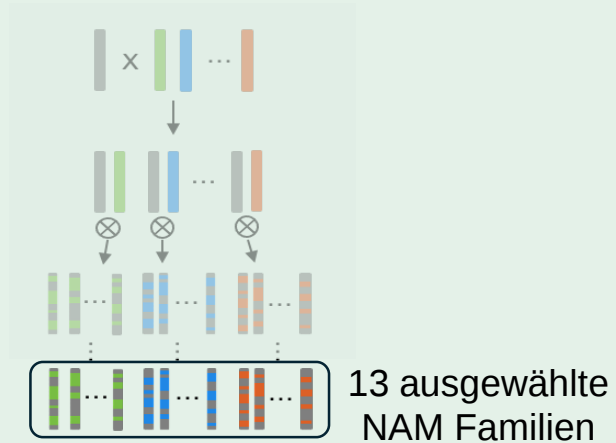
Ali *et al.* 2014; Thach *et al.* 2016; Li *et al.* 2021

Forschungsfragen

Gibt es Gelbrostresistenzen in den NAM-Elternlinien?



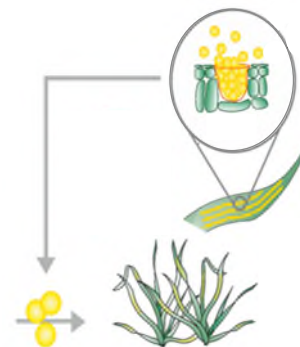
Welche Regionen im Genom sind verantwortlich für die Resistenzen?



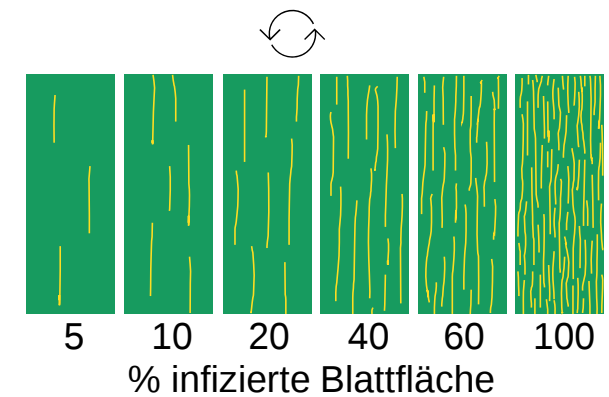
① Weizenanbau im Feld

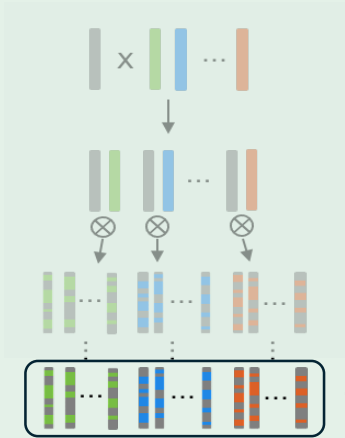
② Künstliche Infektion mit Pathogen

③ Wiederholte Symptom-Bewertung



angepasst von Bouvet et al. (2022)





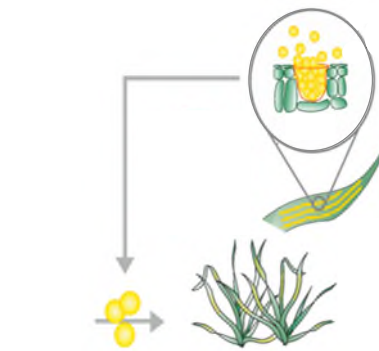
13 ausgewählte
NAM Familien



① Weizenanbau im Feld

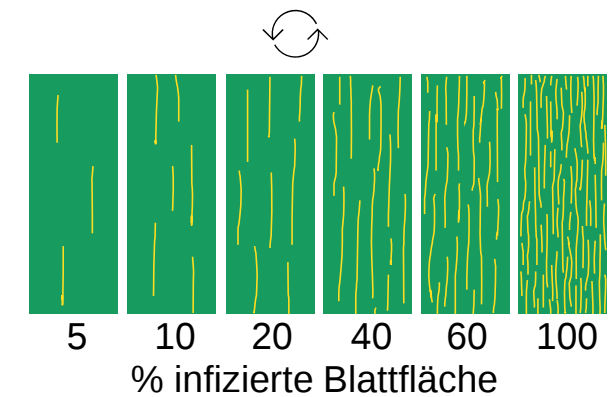


② Künstliche Infektion mit Pathogen



angepasst von Bouvet et al. (2022)

③ Wiederholte Symptom-Bewertung





linkage map mit 3757 Marker
(Nie et al. in prep.)

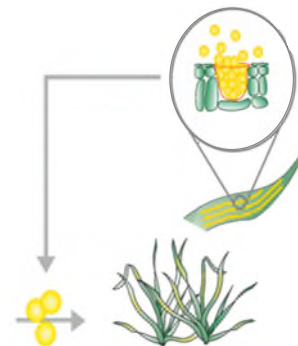
R\statgenMPP

+

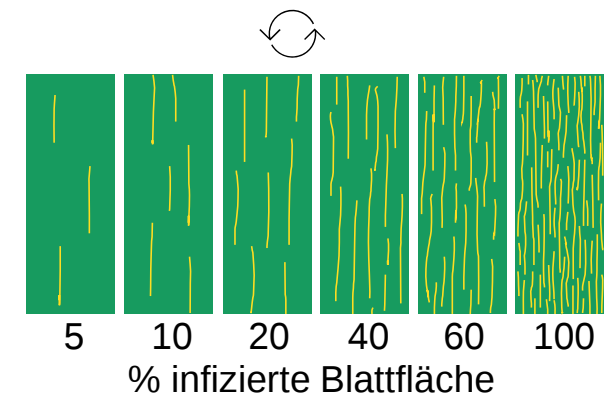
① Weizenanbau im Feld

② Künstliche Infektion mit Pathogen

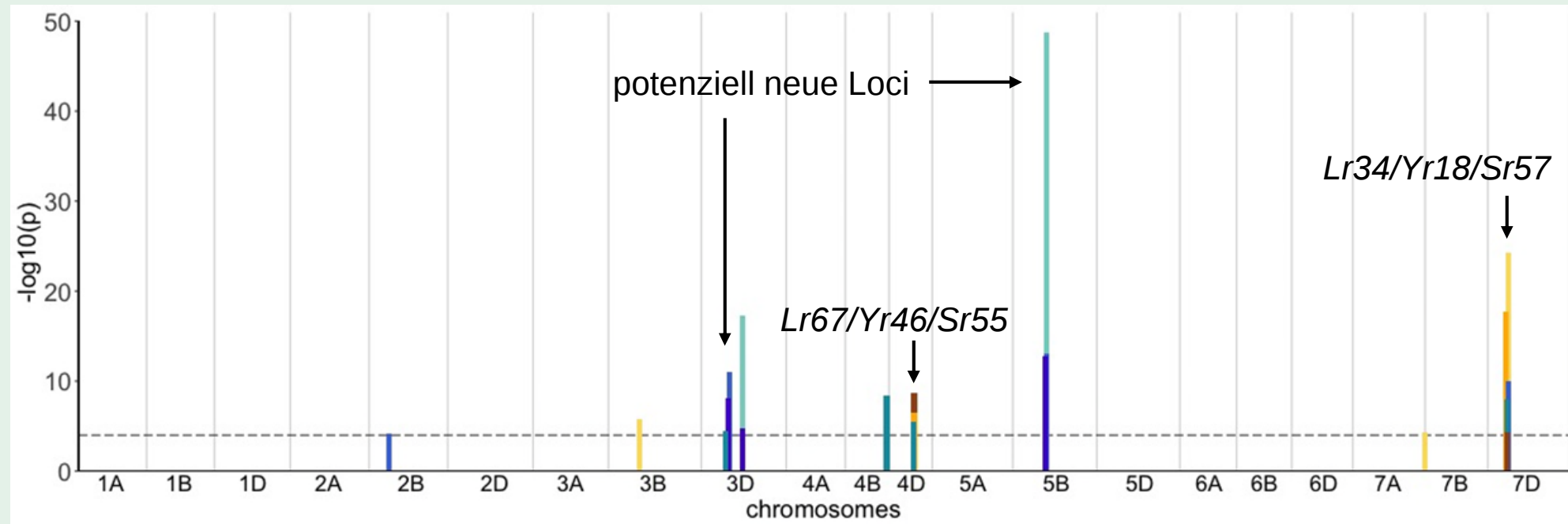
③ Wiederholte Symptom-Bewertung



angepasst von Bouvet et al. (2022)



Ergebnis 2: Signifikante Assoziationen in bekannten und potenziell neuen Genom-Regionen



Braunrost

● El-Batan 22

● Obregón 22

Gelbrost

● Toluca 21

● Toluca 22

● Zurich 22

● Zurich 23

Schwarzrost

● Obregón 22

Forschungsfragen

Gibt es Gelbrostresistenzen in den NAM-Elternlinien?



Welche Regionen im Genom sind verantwortlich für die Resistenzen?

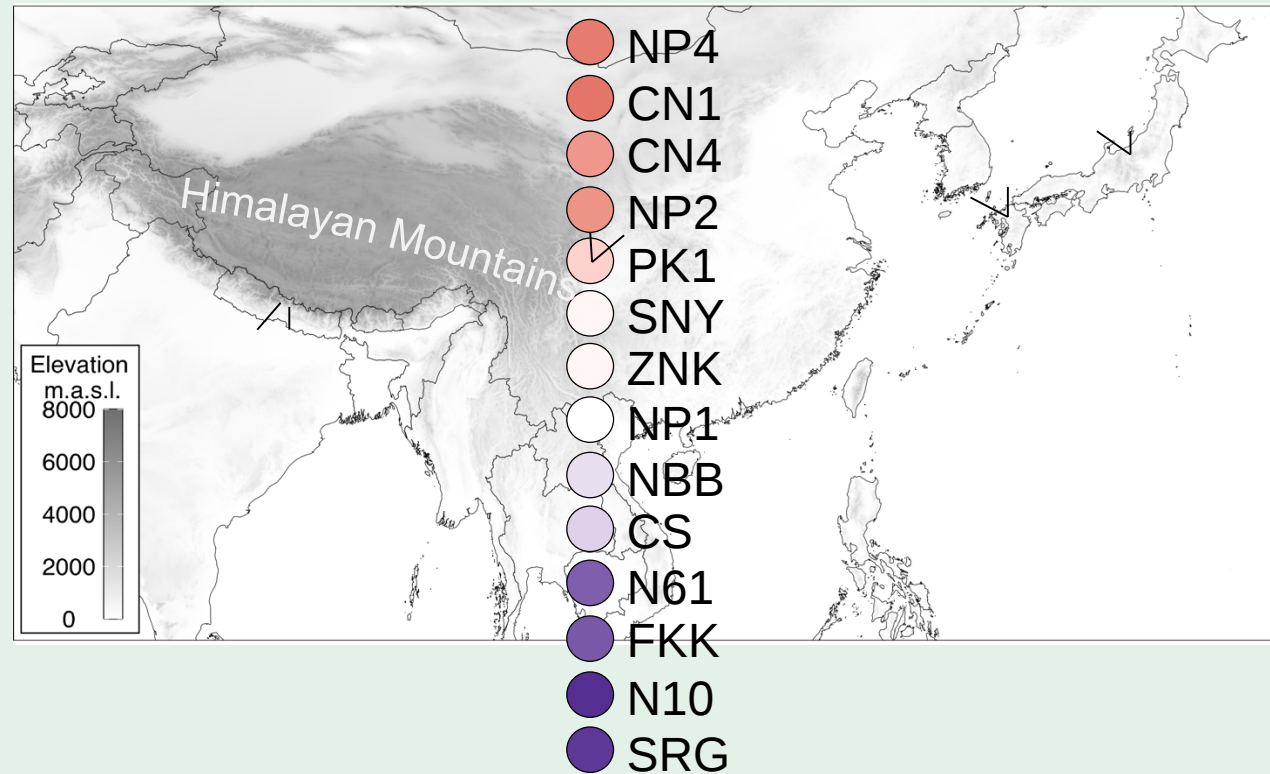


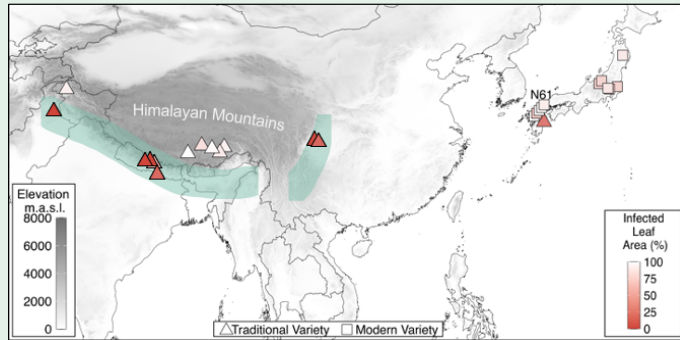
Welche NAM-Elternlinien haben die Resistenzen zur Population beigesteuert?

Ergebnis 3: Verteilung der Resistenzen innerhalb der Population gewährt Einblicke in eine Schlüsselregion für Gelbroststudien

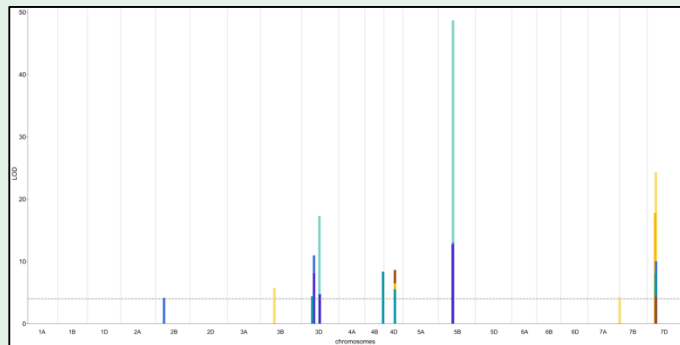
Familieneffekte QTL 5B

■ anfällig ■ resistant

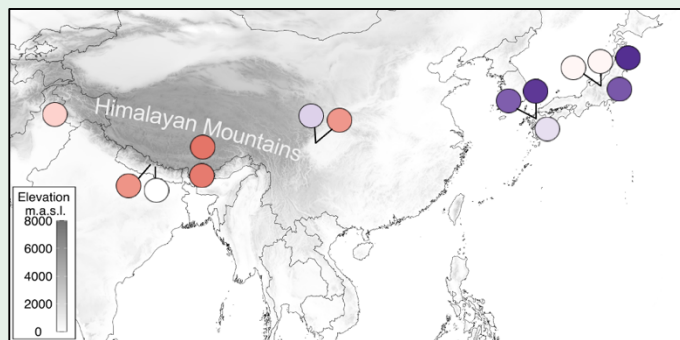




Fokus auf eine wichtige geografische Region, die eine Quelle für neue Gelbrostresistenzen sein könnte.



Identifikation potenzieller Genregionen, die für die Züchtung genutzt werden können.



Einblick in die geografische Verteilung von Resistenzen.

Jung, K., Akiyama, R., Nie, J., Nitta, M., Hamaya, N. B., Qureshi, N., ... & Shimizu, K. K. (2025). Unveiling yellow rust resistance in the near-Himalayan region: insights from a nested association mapping study. *Theoretical and Applied Genetics*, 138(7), 135.

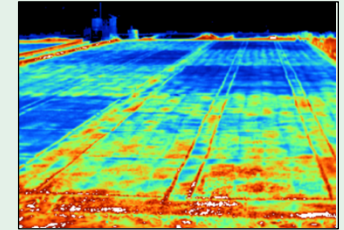
Vorschau: Trockenstressversuche mit der NAM Population



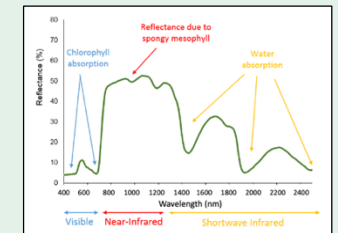
Ertrag



Tausendkorngewicht



Bestandstemperatur

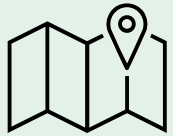


Spektraldaten

Welche Bedürfnisse hat die Forschung in Bezug auf Genbanken?



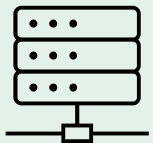
Zugang zu globalen Kollektionen, auch in Regionen die bisher weniger Aufmerksamkeit erfahren haben.



Meta-Daten!



Komplementäre Erhaltung von traditionellen Sorten im Feld, vor allem in bestimmten Regionen.



Datenbanken, die die Forschungsergebnisse an genetischen Ressourcen bündeln?

Vielen Dank!

Kentaro Shimizu

Reiko Akiyama

Naoto-Benjamin

Hamaya

Misako Yamazaki

Aki Morishima

Yasuhiro Sato

Moeko Okada

Sridhar Bhavani

Naeela Qureshi

Masahiro Kishii

Shuhe Nasuda

Nie Jilu

Miyuki Nitta

Beat Keller

Thomas Wicker

Esther Jung



@kajung.bsky.social



Katharina Jung

Email katharina.jung@ieu.uzh.ch



This project has received funding from the European Union's Horizon 2020 research and innovation programme under the Marie Skłodowska-Curie (MSC) grant agreement No 847585



Universität
Zürich^{UZH}



京都大学
KYOTO UNIVERSITY

