

Slutrapport avseende projektet:

KARTLÄGGNING AV PATOGENA SVAMPAR I SKÖRDERESTER VID HÖSTVETE-ODLING

Projektnummer: H0833523

Projektansvariga: Björn Andersson och Magdalena Grudzinska-Sterno
Institutionen för skoglig mykologi och växtpatologi, SLU

BAKGRUND

Den ekonomiska utvecklingen inom svensk spannmålsodling har medfört höstvetedominerade växtföljder där olika typer av reducerad jordbearbetning utnyttjas. Flera patogena svampar övervintrar på skörderester, och risken för svampangrepp blir större vid ensidig stråsådesodling med mycket halmrester i markytan. En faktor i detta är naturligtvis hur mycket smitta som västresterna bär på. Syftet med detta projekt var ta fram underlag för en bättre bedömning av risken för angrepp av patogena svampar för en bättre behovsanpassning av broddbehandling i höstvete genom att studier av förekomst av patogena svampar på skörderester och deras spridning till grödan.

De viktigaste utvintringssvamparna tillhör släktet *Microdochium*, vilka orsakar snömögel. *Microdochium* sprids med smittat utsäde eller från skörderester från tidigare stråsåd. Ett annat problem är stråknäckare (*Oculimacula* sp.), som ger ökad risk för liggsåd med skördeproblem och kvalitetsförsämring som följd. *Oculimacula* sp. övervintrar på växtrester i upp till 3 år.

METODER

Under första året (vintern 2008) samlades stubb- och plantprover in i två broddbehandlingsförsök i höstvete i Uppsalatrakten. 25 prover av stubben togs försöken i december. På våren kasserades det ena av försöken, och därför togs plantprover i maj endast i ett försök. Under projekttiden slopades denna försöksserie och vi valde att därför att ta prover i konventionellt odlade höstvetefält.

Fält där höstvete odlats efter höstvete och där plöjningfri odling tillämpats valdes ut med hjälp av Jordbruksverkets växtskyddscentraler. Prover på stubbrester och småplantor togs in vid två tillfällen i ej fungicidbehandlade delar av fälten. Vid varje provtagningstillfälle samlades prover av stubb och småplantor in på fyra GPS-bestämda provtagningsplatser per fältet. Ytan av varje provtagningspunkt var cirka 10 m².

Under växtsäsongerna 2009-2010 och 2011-2012 samlades prover av halm och småplantor i fyra höstvetefält (två fält per säsong) i Uppland. 2009-2010 provtogs även ett fält i norra Västergötland, men grödan på detta fält utvintrade dock. Plantproverna från insamlingen på hösten 2009 gick förlorade på grund av mögeltillväxt efter ett fryshaveri. Även säsongen 2012-2013 togs prover i två fält i Uppland, men på grund av att dessa fält utvintrade kunde inte provtagningen fullföljas på våren.

25 stubbprover (halmstrån) och 25 småplantor valdes slumpvis ut från de 4 insamlingspunkterna i varje fält. Rötter och eventuella kvarvarande blad på stubbproverna togs bort, och proverna tvättades under rinnande vatten och grupperades sedan i klasser baserat på mörkfärgning av stråbasen. Småplantorna tvättades och rötter och blad och bladslidor togs bort. Plantorna delades sedan in i två grupper, symtomlösa eller med synliga symtom. Stubb- och plantproverna fick sedan torka över natten innan de placerades i -20 °C.

10 halmstrån och 10 plantor från varje insamlingspunkt valdes slumpvis ut för DNA analys inom de olika ”symptomklasserna” för att representera olika grader av mörkfärgning (halmstrå) respektive symptom – icke-symptom (plantor).

Proverna insamlade hösten 2008 och våren 2009 analyserades med art-specifika primers för att detektera förekomst av *Oculimacula yallundae*, *O. aciformis*, *Microdochium nivale* och *Rhizoctonia cerealis* (förekomst av *R. cerealis* bestämdes endast i plantor). Proverna insamlade 2009-10 och 2011-12 analyserades med real time PCR som möjliggör både identifiering och kvantifiering av mängden DNA i provet. Förekomst av *O. yallundae* och *O. aciformis* bestämdes med hjälp av artspecifik real-time TaqMan PCR (Walsh et al. 2005). Ett prov med kända mängder av växt- och svamp-DNA användes för att beräkna innehållet av DNA i de analyserade proverna. DNA från *M. nivale* och *M. majus* kvantifierades med real-time PCR baserad på SYBR Green (Nielsen et al. 2013). För att säkerställa att DNA i proverna inte var nedbrutet analyserades innehåll av växt-DNA i alla prover. Mängd svamp DNA dividerades med mängd växt DNA för varje prov. Denna normalisering gjordes för att kompensera för skillnader i provtagning, extraktionseffektivitet och mängd tillsatt DNA på analysplattorna.

RESULTAT

Odlingssäsongen 2008-09



Hösten 2008 var våt i Uppsalatrakten. Snötäcket varade från mitten av januari till slutet av mars, och följdes av en torr vår.



Figur 1. Två klasser av mörkfärgning av stråbasen.



Figur 2. Symptomlösa höstvetepantor, respektive plantor med synliga symptom

	Veteplantor utan symptom med motsvarande PCR resultat.					Veteplantor med symptom med motsvarande PCR resultat.				
										
<i>O. yallundae</i>	-	+	-	-	-	-	-	+	-	+
<i>O. acuformis</i>	+	+	+	-	-	+	+	+	+	+
<i>M. nivale</i>	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
<i>R. cerealis</i>	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-

Figur 3. Förekomst av olika patogena svampar i plantor av höstvetet med respektive utan sjukdomssymtom insamlade på våren 2008. Plustecken indikerar att patogenen detekterats.

Stubbproverna insamlade i fungicidförsöken 2008 delades upp i grupper enligt hur mycket missfärgning som kunde observeras på stråbasen. Figur 1 visar gruppen med minst, respektive mest missfärgning. Totalt analyserades 48 prover enligt detta förfarande.

I stubbproverna var den vanligast förekommande svampen *Oculimacula acuformis*, som ofta detekterades i båda klasserna av mörkfärgning. Även *Microdochium nivale* hittades ofta på stubbproverna, men återfanns endast sporadiskt på de unga plantorna insamlade på våren. Korrelation mellan missfärgning av halmstubben och PCR-resultaten kunde endast konstateras i gruppen med stark missfärgning. I denna grupp detekterades alla patogenerna. I de andra grupperna detekterades de fyra patogenerna även om de visuella symtomen inte var lika synbara. De insamlade plantorna (DC 24-30) grupperades enligt hur mycket symptom som kunde observeras på stråbaserna. PCR-detektion visade att en stor del av plantproverna var infekterade av *Oculimacula acuformis* som detekterades även i helt symptomfria plantor (Figur 2).

Odlingssäsongen 2009-10

Uppsalahösten 2009 var torr, och vintern bjöd på ett sammanhängande snötäcke från mitten av november till början av april. Våren 2010 var torrare än normalt. Under 2009 samlades prover av plantor och stråbaser från halmrester in två gånger, i oktober resp november i två fält (Nyborg respektive Lillvreta). Halmproverna delades in två klasser baserat på mörkfärgning av stråbasen enligt figur 1. I maj 2010 samlades plantprover in på samma ställe som halmproverna tagits och klassificerades enligt figur 2. Tabell 1 visar antal insamlade prover av halm och plantor uppdelade i de två ”symptomklasserna”.

Tabell 1. Antal prover indelade i två klasser baserade på mörkfärgning av stråbasen

Fält Klass	Nyborg		Lillvreta	
	1 ^b	2 ^c	1 ^b	2 ^c
September 2009 (halm)	42	67	55	54
November 2009 (halm)	21	94	21	81
Maj 2010 (plantor)	98	1	97	0

^b Halm: mörkfärgning på >50 av stråbasen

^b Plantor: synliga symptom

^c Halm: mörkfärgning på <50 av stråbasen

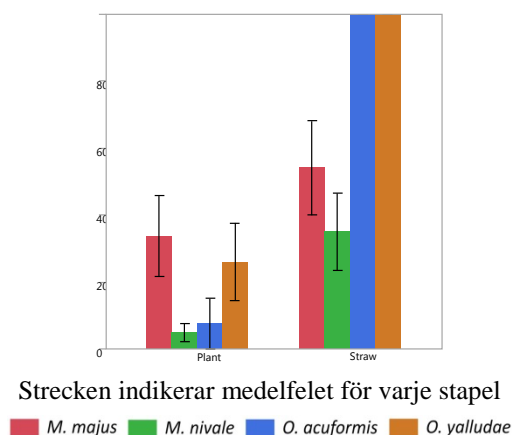
^c Plantor: inga synliga symptom

Plantproverna från hösten 2009 blev förstörda på grund av ett fryshaveri på institutionen. Eftersom vi inte kunde analysera dessa prover med molekylärteknik finns inte de med i tabell 1.

Provtagningsstillfälle och provtyp

Då inga plantprover från hösten 2009 kunde analyseras motsvarar provtagningsstillfälle provtyp för prover från 2009-10. Vid jämförelse mellan provtyp användes bara halmproverna tagna i november och plantproverna tagna i maj. Detta gjordes för att jämföra ut skillnaden i antalet prover mellan höst och vår.

Andelen prover där förekomst av *M. nivale* - DNA kunde konstateras var signifikant högre i halmproverna tagna på hösten jämfört med plantproverna tagna på våren ($p=0,0235$), men för *M. majus* kunde ingen signifikant skillnad påvisas. Andelen halmprover där DNA från *O. yallundae* eller *O. acufomis* detekterades var signifikant högre ($p>0,0001$) än plantproverna.



Figur 3. Andel prover insamlade 2009-2010 från höstveten där DNA av fyra patogena svampar kunde detekteras i halm resp. plantprover.

Kvantifiering av mängd DNA visade att det fanns signifikant mer DNA av alla de studerade svamparterna i halmresterna insamlade på hösten jämfört med plantproverna insamlade på våren (Tabell 2).

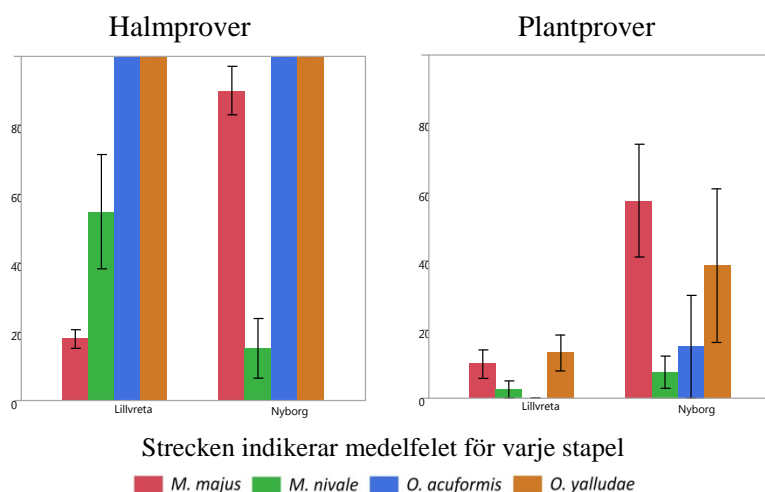
Tabell 2. Detekterad mängd DNA i halm- respektive plantprover från höstveten tagna säsongen 2009-10.

	Provtyp	Intervall, pg	Medelvärde, pg	p-värde
<i>M. nivale</i>	Halm	0 - 26	1,4	0,0048
	Planta	0 - 7×10^{-4}	1×10^{-5}	
<i>M. majus</i>	Halm	0 - 53	4,2	0,0009
	Planta	0 - 8×10^{-4}	3×10^{-5}	
<i>O. acufomis</i>	Halm	2×10^{-2} - $4,1 \times 10^4$	2135	0,0065
	Planta	0 - 2×10^{-5}	5×10^{-7}	
<i>O. yallundae</i>	Halm	3×10^{-3} - $2,1 \times 10^3$	83,0	0,0195
	Planta	0 - 1×10^{-4}	8×10^{-6}	

Fält

Alla halmprover från båda fälten innehöll DNA av *O. yallundae* och *O. acufomis*, se figur 4. Andelen av alla prover (halm + plantor) där DNA från patogenerna påträffades var störst för *M. majus* i fältet i Nyborg ($p=<0,0001$). Ingen skillnad mellan fälten i andel prover med DNA

av *M. nivale*, *O. acuformis* eller *O. yallundae* kunde konstateras. Dessa skillnader kvarstod vid uppdelning i halm- respektive plantprover (Figur 4).



Figur 4. Andel prover insamlade 2009-2010 från två höstvetefält där DNA av fyra patogena svampar kunde detekteras.

Större mängd DNA från *M. majus*, *O. acuformis* och *O. yallundae* konstaterades i alla prover oavsett provtyp från fältet i Nyborg jämfört med i fältet i Lillvreta ($p=0,0022$). För *M. nivale* var förhållandet det motsatta med störst mängd detekterat DNA i Lillvreta-fältet, se tabell 3.

Tabell 3. Detekterad mängd DNA i två fält provtagna säsongen 2009-10.

	Fält	Intervall, pg	Medelvärde, pg	p-värde
<i>M. nivale</i>	Nyborg	0 - 14	0,2	0,0345
	Lillvreta	0 - 26	1,2	
<i>M. majus</i>	Nyborg	0 - 53	4,1	0,0014
	Lillvreta	0 - 1,6	4×10^{-2}	
<i>O. acuformis</i>	Nyborg	0 - $4,9 \times 10^4$	2275	0,0043
	Lillvreta	0 - $1,2 \times 10^3$	38,2	
<i>O. yallundae</i>	Nyborg	0 - $2,1 \times 10^3$	84,5	0,0395
	Lillvreta	0 - $3,8 \times 10^2$	11,8	

Klasser (mörkfärgning av halmstubb resp. symtom på plantor)

Då proverna medvetet valdes ut för att representera båda klasserna av mörkfärgning gjordes enbart en jämförelse av förekomst av DNA och klass. På plantorna intagna på våren kunde inga symtom (mörkfärgade stråbaser) observeras. Inga signifikanta skillnader i detekterad mängd DNA från vare sig *M. nivale*, *M. majus*, *O. acuformis* eller *O. yallundae* kunde observeras mellan de två klasserna av mörkfärgning.

Odlingssäsongen 2011-2012

En våt och varm höst 2011 i Uppsala följdes av en vinter med snötäcke mellan mitten av januari till slutet av februari. Våren 2012 var våt. I oktober 2011 samlades prover av plantor och stråbaser från halmrester in från fält i Hånsta respektive Hagby by utanför Uppsala. Vid provtagning var plantorna i utvecklingsstadie DC 13 till 15. Halmproverna delades in två klasser baserat på mörkfärgning av stråbasen (figur 1) och plantproverna klassades efter förekomst av symtom på infektion (figur 2). I maj 2010 samlades plant- och halmprover in på samma ställe som höstproverna tagits. Grödan var i båda fälten i stadie DC 32. Tabell 4 visar insamlade prover indelade i de två klasserna.

Tabell 4. Antal prover indelade i två klasser baserade på mörkfärgning av halmstubb eller syntom på stråbasen på unga plantor

Fält Klass ^{a b}	Hånsta		Hagby	
	1	2	1	2
Oktober 2011 (halm)	61	40	75	36
Maj 2012 (halm)	16	75	47	54
Oktober 2011 (plantor)	131	3	134	1
Maj 2012 (plantor)	86	10	89	15

^a Halm: mörkfärgning på >50 av stråbasen

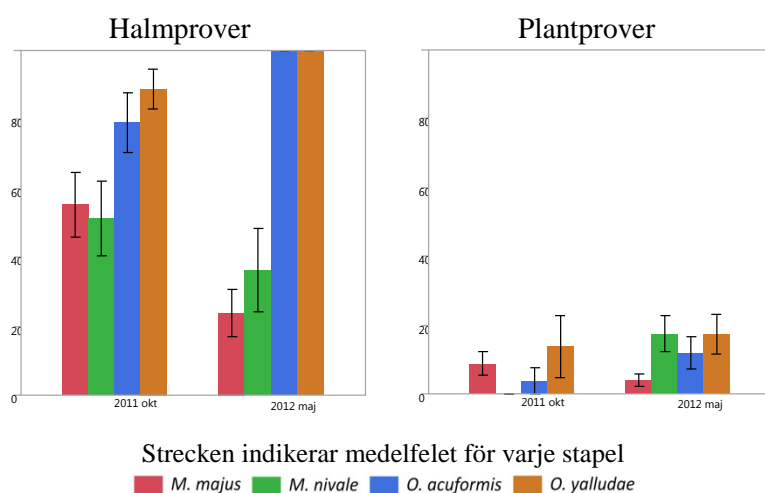
^b Plantor: synliga syntom

^b Halm: mörkfärgning på <50 av stråbasen

^b Plantor: inga synliga syntom

Provtagningstillfälle och provtyp

Enbart *M. majus* visade skillnader i andel prover med DNA mellan provtagningstillfällena oavsett provtyp ($p=0,0486$). Vid uppdelning i provtyp fanns dock signifikant större mängd DNA från *M. nivale* i plantproverna insamlade våren än hösten ($p=0,0050$). Halmproverna visade ett signifikant högre DNA innehåll av *M. majus* i oktober än i maj ($p=0,0169$), medan *O. acufiformis* visade större andel halmprover med DNA vid vårensamlingen ($p=0,0301$), se figur 5.



Figur 5. Andel prover insamlade oktober 2011 resp. maj 2012 där DNA av fyra patogena svampar kunde detekteras.

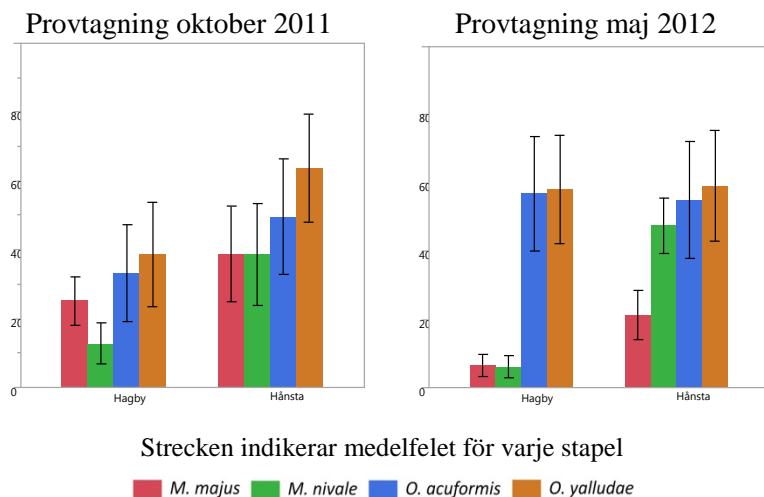
Innehållet av DNA från *M. majus* oavsett provtyp var signifikant högre i oktober än maj ($p=0,0256$), medan någon skillnad mellan provtagningstidpunkterna inte kunde observeras i mängden *M. nivale*, *O. acufiformis* eller *O. yallundae*. Vid uppdelning i provtyp fanns större i mängd DNA i plantproverna tagna i maj jämfört med oktober för *M. nivale*, medan innehållet av DNA från *M. majus*, *O. acufiformis* eller *O. yallundae* inte skilde sig åt mellan provtagningarna (Tabell 5). I halmproverna hittades mer DNA från *M. majus* i provtagningen i oktober än i maj ($p=0,0215$). Ingen andra signifikanta skillnader konstaterades mellan provtagningarna.

Tabell 5. Mängd DNA i höstveteprover tagna på hösten 2011 respektive våren 2012, uppdelat i halm- respektive plantprover.

	Provtyp	Provtagning	Intervall, pg	Medelvärde, pg	p-värde
<i>M. nivale</i>	Halm	Höst	0 - 7,5	0,3	0,8288
		Vår	0 - 8,6	0,3	
	Planta	Höst	0	0	0,0192
		Vår	0 - 2×10^{-2}	1×10^{-3}	
<i>M. majus</i>	Halm	Höst	0 - 83	3,0	0,0215
		Vår	0 - 0,7	4×10^{-2}	
	Planta	Höst	0 - 3×10^{-4}	1×10^{-5}	0,0734
		Vår	0 - 1×10^{-2}	3×10^{-4}	
<i>O. acufiformis</i>	Halm	Höst	0 - $1,7 \times 10^4$	632,8	0,1402
		Vår	2×10^{-2} - $3,7 \times 10^3$	216,3	
	Planta	Höst	0 - 8×10^{-3}	1×10^{-4}	0,3120
		Vår	0 - 1×10^{-2}	3×10^{-4}	
<i>O. yalludae</i>	Halm	Höst	0 - $5,5 \times 10^2$	17,9	0,8194
		Vår	2×10^{-3} - $6,3 \times 10^2$	14,9	
	Planta	Höst	0 - 8×10^{-5}	3×10^{-6}	0,1551
		Vår	0 - 0,1	2×10^{-3}	

Fält

Skillnader fanns mellan fälten i andel prover med DNA av *M. nivale* ($p=0,0008$) med en högre mängd i Hånsta jämfört med Hagby. Inga skillnader mellan fälten kunde konstateras för de övriga svamparterna. Uppdelning i provtillfällena visade inga signifikanta skillnader mellan fälten för någon av patogenerna vid provtagningen i oktober. Proverna från maj visade en större andel av prover med DNA från *M. nivale* i Hånsta-fältet jämfört med Hagby, se figur 6.



Figur 6. Andel prover från två fält provtagna i oktober 2011 resp. maj 2012 där DNA av fyra patogena svampar kunde detekteras.

En signifikant högre mängd DNA i proverna tagna på hösten konstaterades för *M. nivale* och *O. yallundae* i Hånsta-fältet jämfört med fältet i Hagby. I vårproverna detekterades mer DNA av *M. nivale* och *M. majus* i Hånsta-fältet (Tabell 6).

Tabell 6. Mängd DNA i höstveteprover tagna på hösten 2011 respektive våren 2012 i två fält, uppdelat i provtagningstidpunkt.

	Provtagning	Fält	Intervall, pg	Medelvärde, pg	p-värde
<i>M. nivale</i>	Höst	Hagby	0 – 0,2	5×10^{-3}	0,0167
		Hånsta	0 – 7,5	0,3	
	Vår	Hagby	0 – 0,6	9×10^{-3}	0,0289
		Hånsta	0 – 8,6	0,3	
<i>M. majus</i>	Höst	Hagby	0 – 82	1,1	0,5912
		Hånsta	0 – 50	1,8	
	Vår	Hagby	0 – 0,2	5×10^{-3}	0,0269
		Hånsta	0 – 0,7	4×10^{-2}	
<i>O. acufiformis</i>	Höst	Hagby	$0 - 2,4 \times 10^3$	67	0,1003
		Hånsta	$0 - 1,7 \times 10^4$	511	
	Vår	Hagby	$0 - 2,9 \times 10^3$	77	0,4178
		Hånsta	$0 - 3,7 \times 10^3$	138	
<i>O. yalludae</i>	Höst	Hagby	0 – 5,8	9×10^{-2}	0,0439
		Hånsta	$0 - 5,5 \times 10^2$	20	
	Vår	Hagby	0 – 0,5	4×10^{-2}	0,1408
		Hånsta	$0 - 6,3 \times 10^2$	14	

Klasser (mörkfärgning av halmstubb resp. symtom på plantor)

Inte heller vid denna insamling kunde några signifikanta skillnader i detekterad mängd DNA från någon av svamparterna observeras mellan de två klasserna av mörkfärgning i en sammantagen analys av alla prover. Vid uppdelning i provtyp kunde skillnader mellan klasserna i plantproverna observeras för *M. majus* och *M. nivale* med mera DNA i klass 2 (symtom). I halmproverna fanns inga skillnader i mängd DNA mellan de två klasserna (Tabell 7).

Tabell 7. Mängd DNA i höstveteprover från två klasser av mörkfärgning (halm) och symtomförekomst (plantor) tagna på hösten 2011 respektive våren 2012, uppdelat i halm- respektive plantprover.

	Provtyp	Klass*	Intervall, pg	Medelvärde, pg	p-värde
<i>M. nivale</i>	Halm	1	0 – 8,6	0,4	0,1628
		2	0 – 2,9	0,1	
	Planta	1	$0 - 2 \times 10^{-3}$	2×10^{-5}	<0,0001
		2	$0 - 2 \times 10^{-2}$	3×10^{-3}	
<i>M. majus</i>	Halm	1	0 – 24	0,9	0,4263
		2	0 – 83	2,0	
	Planta	1	$0 - 3 \times 10^{-3}$	6×10^{-5}	0,0082
		2	$0 - 1 \times 10^{-2}$	7×10^{-4}	
<i>O. acufiformis</i>	Halm	1	$0 - 1,7 \times 10^3$	491	0,5922
		2	$0 - 6,0 \times 10^3$	340	
	Planta	1	$0 - 9 \times 10^{-3}$	2×10^{-4}	0,2580
		2	$0 - 1 \times 10^{-2}$	6×10^{-4}	
<i>O. yalludae</i>	Halm	1	$0 - 6,3 \times 10^2$	9,3	0,2963
		2	$0 - 5,5 \times 10^2$	23,3	
	Planta	1	0 – 0,1	1×10^{-3}	0,5385
		2	$0 - 3 \times 10^{-3}$	2×10^{-4}	

*Klass 1: mörkfärgning på <50 av stråbasen på halm prover, inga symtom på plantprover

Klass 2: mörkfärgning på >50 av stråbasen på halm prover, symtom på plantprover

Odlingssäsongen 2012-13

På grund av en regnig höst 2012 med besvärliga skördeförhållanden var det mycket svårt att hitta höstvetefält med reducerad jordbearbetning. De två fält som lokaliserades hade ett mycket glest bestånd vid provtagning den 29 oktober. På grund av mycket dålig övervintring i provplatserna i båda dessa fält kunde inte provtagningen fullföljas och proverna har därför inte analyserats. Arbetstiden har istället lagts på de utökade analyserna av prover från de övriga åren.

DISKUSSION

Tanken med projektet var att undersöka om graden av missfärgning av halmstubben efter en höstvetegröda är korrelerad till hur mycket smitta skörderesterna bär på. Om ett sådant samband finns skulle missfärgningen av halmen kunna utgöra en del av behovsanpassning av svampbekämpning på hösten.

Första årets studier (2008-09) indikerade att det fanns ett svagt samband mellan missfärgning av halmstubben och förekomst av vissa växtpatogener, främst *Oculimacula acuformis*. De följande åren utökades därför analysen från att bara detektera förekomst av DNA från de olika patogenerna till att även innefatta kvantifiering av mängden DNA. Detta innebar betydligt mera arbete på laboratoriet, men vi bedömde att detta var nödvändigt för att kunna besvara frågan om missfärgning och patogenförekomst.

Infektion av *Oculimacula* sp. var vanligt förekommande även i proverna från säsongen 2009-10. DNA från denna patogen kunde detekteras i alla halmprover från båda de provtagna fälten. Spridningen från halm till planta kunde denna säsong endast studeras genom resultaten från halmprover tagna på hösten och plantprover tagna på våren. Den stora andelen smitta i halmproverna avspeglade sig till viss del i förekomsten av smitta i plantproverna. Den patogen som hittades oftast i plantorna var *Microdochium majus*, och den förekom också ofta i halmproverna. Däremot kunde den höga andelen halmprover där *O. acuformis* och *O. yallundea* detekterades inte observeras i plantproverna. Kvantifieringen av DNA visade på en signifikant mindre mängd DNA av alla patogenerna i plantorna jämfört med halmproverna, men inga skillnader i förekomst av någon patogen mellan de två klasserna av missfärgning respektive symptom.

Analysen av proverna från säsongen 2011-12 visade liknande mönster som säsongen 2009-10. *Oculimacula* sp var mycket vanligt förekommande i halmproverna från både höst och vår. I plantproverna var förekomsten av denna patogen ca 10 % vid båda provtagningstillfällena. Andelen smittade prover av *Microdochium* sp. var ca 50 % av halmproverna på hösten, jämfört med ca 30 % på våren. Mängden DNA av speciellt *Microdochium* sp. var större på hösten än på våren i halmproverna, medan förhållandet var det motsatta i plantproverna. Detta kan troligen förklaras av nedbrytning DNA i det döda växtmaterialet och tillväxt av patogenen i de levande plantorna. Skillnaderna var små mellan de två ”symptomklasserna” även denna säsong. Inga skillnader mellan grad av missfärgning av halmproverna och mängd DNA kunde observeras. I plantproverna med symptom fanns signifikant mera DNA av *M. nivale* och *M. majus* jämfört med plantor utan symptom.

Sammantaget visar resultaten att *Oculimacula* sp. var mycket vanligt förekommande med höga DNA mängder i halmproverna vid alla provtagningstillfällen och platser. Även andelen plantprover där *Oculimacula* sp. kunde detekteras var betydande. Detta är oväntat med tanke på att stråknäckare upplevs som ett mindre problem i veteodlingen. Även av *Microdochium* sp detekterades ofta i proverna. I fältet i Nyborg under 2009-10 förekom *M. majus* i nästan alla prover på hösten (halmprover), och den återfanns också i ca 60 % av plantorna på våren. Trots

att vädret vissa säsonger (2010-11) var gynnsamt och att DNA av flera patogener hittades i stor andel av proverna och dessutom i höga mängder visade inget av de provtagna fälten angrepp av snö mögel eller stråknäckare.

SLUTSATSER

Resultaten visade att andelen smittade växtrestprover och mängden detekterad DNA i proverna på hösten hade viss inverkan på hur mycket smitta som överförs till den nya grödan. Abiotiska faktorer som till exempel beståndstäthet, temperatur under höst och tidig vår, snötäcktets längd har stor betydelse för smittspridning och överskuggar dock troligen effekten av hur stor förekomsten av smittade växtrester är.

Studien visar också att mörkfärgning av stubben på hösten inte var korrelerat till mängden DNA som kunde hittas i proverna, och att därmed graden av missfärgning av stubben inte är ett bra mått på hur mycket smitta växtresterna bär på.

PUBLIKATIONER

Då resultaten inte kommit förrän i projektets slutskede har dessa inte publicerats ännu.

RESULTATFÖRMEDLING TILL NÄRINGEN

Uppslaget till detta projekt kom från Jordbruksverkets växtskyddscentral i Uppsala och utformades och utfördes i samråd med personalen där. Då resultaten inte kommit förrän i projektets slutskede har dessa inte ännu förmedlats till näringen.

REFERENSER

- Nielsen L.K., Justesen A.F., Jensen J.D. and Jørgensen L.N. 2013 *Microdochium nivale* and *Microdochium majus* in seed samples of Danish small grain cereals. *Crop Protection* 43: 192-200
- Scott, P.R. and Hollins, P.W. 1974. Effects of eyespot on the yield of winter wheat. *Annals of Applied Biology*, XX. 269-279.
- Ray R.V., Crook M.J., Jenkinson P. and Edwards S.G. 2006. Effect of eyespot caused by *Oculimacula yallundae* and *O. aciformis*, assessed visually and by competitive PCR, on stem strength associated with lodging resistance and yield of winter wheat. *Journal of Experimental Botany*, Vol. 57, No. 10, pp. 2249–2257.
- Turner A.S., Nicholson P., Edwards S.G., Bateman G.L., Morgan L.W., Todd A.D., Parry D.W., Marshall J. and Nuttall M. 2002. Relationship between brown foot rot and DNA of *Microdochium nivale*, determined by quantitative PCR, in stem bases of winter wheat. *Plant Pathology* 51: 464-471.
- Walsh K., Korimbocus J., Boonham N., Jennings P. and Hims M. 2005 Using real-time PCR to discriminate and quantify the closely related wheat pathogens *Oculimacula yallundae* and *Oculimacula aciformis*. *J. Phytopathology* 153: 715-721.