

Genetic markers for bunt resistance



XXII International Workshop on Bunt and Smut Diseases

Tulln, Austria, 13th-15th June 2023

Anders Borgen and Dennis Kjær Christensen,

Special thanks to Pernille Sarup and Jihad Orabi(Nordic Seed), Jianli Chen(Uni.Idaho), Hermann Gregor and the BOKU team, Monika Spiller (KWS), Anja Hanemann (Breun), Carl Vollenweider, Karl-Josef Müller for valuable assistance to data analysis

Starting up marker research

- Cross populations with resistance (2007-9)
- **BIOBREED** (2010-13)
 - phenotyping and genotyping (350 lines, mixed race and DArT-7k)
 - Bi-parental population with Bt9 (200 lines, mixed race and DArT-7k)
- **NordGen** (2014-15)
 - phenotyping and genotyping (155 lines, 2 races and SNP-15k)
- **COBRA** (Era-Net 2013-16)
 - purifying races
 - Purifying Starke-II NILs
- **LIVESEED** (2017-2021)
 - Phenotyping and genotyping (450 lines, 8 races and SNP-25k)
- **BOOST** /Organic RDD), **DIVERSILIENCE** (Era-Net) (2022-2023)
 - Phenotyping and genotyping (850 lines, 8 races and SNP-25k)
 - Exploiting new races
- **Bunt Consortium**
 - More data, new races and new crosses
- Additional data begged, borrowed or downloaded from:
 - ECOBREED,
 - IDAHO,
 - GRIN/NSGC
 - NIAB/JIC
 - Nordic Seed

Purifying NIL's of Starke-II

Headrows of NILs from NordGen		2016
	Virulence Race	Percent Infected
NGB-11503 NIL Bt1	Vr13	0,0
2	Vr13	0,0
3	Vr13	0,0
4	Vr13	0,0
5	Vr13	0,0
6	Vr13	0,0
7	Vr13	0,0
8	Vr13	0,0
9	Vr13	0,0
10	Vr13	0,0
NGB-16106 NIL Bt5	Vr:Mix	0,0
2	Vr:Mix	5,7
3	Vr:Mix	0,0
4	Vr:Mix	0,0
5	Vr:Mix	0,0
6	Vr:Mix	0,0
NGB-11505 (NIL Bt9)	Vr:Mix	0,0
2	Vr:Mix	0,0
3	Vr:Mix	0,0
4	Vr:Mix	0,0
5	Vr:Mix	0,0
6	Vr:Mix	0,0
7	Vr:Mix	0,0
NGB16105 NIL Bt12)	Vr:Mix	46,2
2	Vr:Mix	65,2
3	Vr:Mix	53,7
4	Vr:Mix	84,1
5	Vr:Mix	35,9
NGB-11504 NIL Bt6	Vr:Mix	24,4
2	Vr:Mix	14,7
3	Vr:Mix	0,0
4	Vr:Mix	2,0
5	Vr:Mix	7,4
6	Vr:Mix	14,8
NGB-11506 NIL Bt10	Vr:2	3,7
2	Vr:2	71,7
3	Vr:2	76,0
4	Vr:2	42,2
5	Vr:2	59,5
6	Vr:2	65,0
7	Vr:2	1,6
8	Vr:2	54,2
9	Vr:2	57,4
NGB-16160 NIL Bt?	Vr:4	0,0
2	Vr:4	82,1
3	Vr:4	94,1
4	Vr:4	88,4
5	Vr:4	79,1
6	Vr:4	0,0
7	Vr:4	84,6
8	Vr:4	56,4

Acknowledging cooperation with Jan Svensson, NordGen, Amuth Müllner, BOKU, Inger Åhmn, SLU and Tina Henriksson SWSeed







**Developing genetic markers for
genomic selection under
organic farming conditions**

Analysis of a bi-parental population

Selected lines from
Xenos*Weston(Bt10)

CCP27*Ciave	24	Bt0
CCP27*Ciave	22	
CCP27*Ciave	19	
NIL-10		Bt10
Tillexus		
XeWes	5A	
XeWes	5B	
XeWes	m.stak	
XeWes	m.stak	
XeWes	7D	
XeWes	10	
XeWes	15	
XeWes	19	
XeWes	21	
XeWes	24	
XeWes	25	
XeWes	27	
XeWes	28	
XeWes	31	
XeWes	32	
XeWes	35	
XeWes	36	
XeWes	39	
XeWes	40	
XeWes	41	
XeWes	45	
XeWes	46	
XeWes	51	
XeWes	52	
XeWes	54	
XeWes	56	
XeWes	57	

Analysis of a bi-parental population

CCP27*Ciave	24	37,5	Bt0
CCP27*Ciave	22	60,0	
CCP27*Ciave	19	25,0	
NIL-10		0,0	Bt10
Tillexus		0,0	
XeWes	5A	0,0	Bt10
XeWes	5B	0,0	
XeWes	m.stak	0,0	
XeWes	m.stak	0,0	
XeWes	7D	0,0	
XeWes	10	0,0	
XeWes	15	0,0	
XeWes	19	0,0	
XeWes	21	0,0	
XeWes	24	0,0	
XeWes	25	0,0	
XeWes	27	0,0	
XeWes	28	0,0	
XeWes	31	0,0	
XeWes	32	0,0	
XeWes	35	0,0	
XeWes	36	0,0	
XeWes	39	0,0	
XeWes	40	0,0	
XeWes	41	0,0	
XeWes	45	0,0	
XeWes	46	0,0	
XeWes	51	0,0	
XeWes	52	0,0	
XeWes	54	0,0	
XeWes	56	0,0	
XeWes	57	0,0	



Analysis of a bi-parental population

CCP27*Ciave	24	37,5	Bt0
CCP27*Ciave	22	60,0	
CCP27*Ciave	19	25,0	
NIL-10		0,0	Bt10
Tillexus		0,0	
XeWes	5A	0,0	
XeWes	5B	0,0	
XeWes	m.stak	0,0	
XeWes	m.stak	0,0	
XeWes	7D	0,0	
XeWes	10	0,0	
XeWes	15	0,0	
XeWes	19	0,0	
XeWes	21	0,0	
XeWes	24	0,0	
XeWes	25	0,0	
XeWes	27	0,0	
XeWes	28	0,0	
XeWes	31	0,0	
XeWes	32	0,0	
XeWes	35	0,0	
XeWes	36	0,0	
XeWes	39	0,0	
XeWes	40	0,0	
XeWes	41	0,0	
XeWes	45	0,0	
XeWes	46	0,0	
XeWes	51	0,0	
XeWes	52	0,0	
XeWes	54	0,0	
XeWes	56	0,0	
XeWes	57	0,0	



but the problem is the
mapping for Bt10 fails
- maybe we need more



but the problem is that the GWAS mapping for Bt10 fails
- maybe we need more data?

Analysis of a bi-parental population

CCP27*Ciave	24	37,5	13,8	66,7	Bt0
CCP27*Ciave	22	60,0	20,0	9,1	
CCP27*Ciave	19	25,0	16,7	16,7	
NIL-10		0,0	0,0	0,0	Bt10
Tillexus		0,0	0,0	0,0	
XeWes	5A	0,0	0,0	0,0	
XeWes	5B	0,0	0,0	0,0	
XeWes	m.stak	0,0	0,0	2,0	
XeWes	m.stak	0,0	0,0	0,0	
XeWes	7D	0,0	0,0	0,0	
XeWes	10	0,0	0,0	2,0	
XeWes	15	0,0	0,0	0,0	
XeWes	19	0,0	0,0	0,0	
XeWes	21	0,0	0,0	0,0	
XeWes	24	0,0	0,0	0,0	
XeWes	25	0,0	0,0	0,0	
XeWes	27	0,0	0,0	0,0	
XeWes	28	0,0	0,0	0,0	
XeWes	31	0,0	0,0	0,0	
XeWes	32	0,0	0,0	0,0	
XeWes	35	0,0	0,0	0,0	
XeWes	36	0,0	0,0	0,0	
XeWes	39	0,0	0,0	0,0	
XeWes	40	0,0	0,0	0,0	
XeWes	41	0,0	0,0	0,0	
XeWes	45	0,0	0,0	0,0	
XeWes	46	0,0	0,0	0,0	
XeWes	51	0,0	0,0	0,0	
XeWes	52	0,0	0,0	0,0	
XeWes	54	0,0	0,0	0,0	
XeWes	56	0,0	0,0	0,0	
XeWes	57	0,0	0,0	0,0	



Analysis of a bi-parental population

CCP27*Ciave	24	37,5	13,8	66,7	100,0	Bt0
CCP27*Ciave	22	60,0	20,0	9,1	90,9	
CCP27*Ciave	19	25,0	16,7	16,7	96,2	
NIL-10		0,0	0,0	0,0	37,5	Bt10
Tillexus		0,0	0,0	0,0	98,0	
XeWes	5A	0,0	0,0	0,0	50,0	
XeWes	5B	0,0	0,0	0,0	57,1	
XeWes	m.stak	0,0	0,0	2,0	66,7	
XeWes	m.stak	0,0	0,0	0,0	66,7	
XeWes	7D	0,0	0,0	0,0	80,0	
XeWes	10	0,0	0,0	2,0	75,0	
XeWes	15	0,0	0,0	0,0	75,0	
XeWes	19	0,0	0,0	0,0	71,4	
XeWes	21	0,0	0,0	0,0	75,0	
XeWes	24	0,0	0,0	0,0	75,0	
XeWes	25	0,0	0,0	0,0	85,7	
XeWes	27	0,0	0,0	0,0	85,7	
XeWes	28	0,0	0,0	0,0	75,0	
XeWes	31	0,0	0,0	0,0	75,0	
XeWes	32	0,0	0,0	0,0	75,0	
XeWes	35	0,0	0,0	0,0	75,0	
XeWes	36	0,0	0,0	0,0	75,0	
XeWes	39	0,0	0,0	0,0	75,0	
XeWes	40	0,0	0,0	0,0	75,0	
XeWes	41	0,0	0,0	0,0	75,0	
XeWes	45	0,0	0,0	0,0	75,0	
XeWes	46	0,0	0,0	0,0	75,0	
XeWes	51	0,0	0,0	0,0	75,0	
XeWes	52	0,0	0,0	0,0	75,0	
XeWes	54	0,0	0,0	0,0	75,0	
XeWes	56	0,0	0,0	0,0	75,0	
XeWes	57	0,0	0,0	0,0	75,0	



Analysis of a bi-parental population

CCP27*Ciave	24	37,5	13,8	66,7	100,0	Bt0
CCP27*Ciave	22	60,0	20,0	9,1	90,9	
CCP27*Ciave	19	25,0	16,7	16,7	96,2	
NIL-10		0,0	0,0	0,0	37,5	Bt10
Tillexus		0,0	0,0	0,0	98,0	
XeWes	5A	0,0	0,0	0,0	50,0	
XeWes	5B	0,0	0,0	0,0	57,1	
XeWes	m.stak	0,0	0,0	2,0	66,7	
XeWes	m.stak	0,0	0,0	0,0	66,7	
XeWes	7D	0,0	0,0	0,0	80,0	
XeWes	10	0,0	0,0	2,0	75,0	
XeWes	15	0,0	0,0	0,0	75,0	
XeWes	19	0,0	0,0	0,0	71,4	
XeWes	21	0,0	0,0	0,0	75,0	
XeWes	24	0,0	0,0	0,0	75,0	
XeWes	25	0,0	0,0	0,0	85,7	
XeWes	27	0,0	0,0	0,0	85,7	
XeWes	28	0,0	0,0	0,0	75,0	
XeWes	31	0,0	0,0	0,0	75,0	
XeWes	32	0,0	0,0	0,0	75,0	
XeWes	35	0,0	0,0	0,0	75,0	
XeWes	36	0,0	0,0	0,0	75,0	
XeWes	39	0,0	0,0	0,0	75,0	
XeWes	40	0,0	0,0	0,0	75,0	
XeWes	41	0,0	0,0	0,0	75,0	
XeWes	45	0,0	0,0	0,0	75,0	
XeWes	46	0,0	0,0	0,0	75,0	
XeWes	51	0,0	0,0	0,0	75,0	
XeWes	52	0,0	0,0	0,0	75,0	
XeWes	54	0,0	0,0	0,0	75,0	
XeWes	56	0,0	0,0	0,0	75,0	
XeWes	57	0,0	0,0	0,0	75,0	

...., but the GWAS mapping of Bt10 still fails
- we may need more data?

Analysis of a bi-parental population

CCP27*Ciave	24	37,5	13,8	66,7	100,0	66,7	Bt0
CCP27*Ciave	22	60,0	20,0	9,1	90,9	36,4	
CCP27*Ciave	19	25,0	16,7	16,7	96,2	96,2	
NIL-10		0,0	0,0	0,0	37,5	0,0	Bt10
Tillexus		0,0	0,0	0,0	98,0	0,0	
XeWes	5A	0,0	0,0	0,0	50,0	0,0	
XeWes	5B	0,0	0,0	0,0	57,1	0,0	
XeWes	m.stak	0,0	0,0	2,0	66,7	37,5	
XeWes	m.stak	0,0	0,0	0,0	66,7	37,5	
XeWes	7D	0,0	0,0	0,0	80,0	37,5	
XeWes	10	0,0	0,0	2,0	75,0	0,0	
XeWes	15	0,0	0,0	0,0	75,0	0,0	
XeWes	19	0,0	0,0	0,0	71,4	0,0	
XeWes	21	0,0	0,0	0,0	75,0	0,0	
XeWes	24	0,0	0,0	0,0	75,0	0,0	
XeWes	25	0,0	0,0	0,0	85,7	0,0	
XeWes	27	0,0	0,0	0,0	85,7	0,0	
XeWes	28	0,0	0,0	0,0	75,0	0,0	
XeWes	31	0,0	0,0	0,0	75,0	0,0	
XeWes	32	0,0	0,0	0,0	75,0	0,0	
XeWes	35	0,0	0,0	0,0	75,0	0,0	
XeWes	36	0,0	0,0	0,0	75,0	0,0	
XeWes	39	0,0	0,0	0,0	75,0	0,0	
XeWes	40	0,0	0,0	0,0	75,0	0,0	
XeWes	41	0,0	0,0	0,0	75,0	0,0	
XeWes	45	0,0	0,0	0,0	75,0	0,0	
XeWes	46	0,0	0,0	0,0	75,0	3,8	
XeWes	51	0,0	0,0	0,0	75,0	3,8	
XeWes	52	0,0	0,0	0,0	75,0	2,0	
XeWes	54	0,0	0,0	0,0	75,0	0,0	
XeWes	56	0,0	0,0	0,0	75,0	0,0	
XeWes	57	0,0	0,0	0,0	75,0	0,0	



Analysis of a bi-parental population

CCP27*Ciave	24	37,5	13,8	66,7	100,0	66,7	96,8	90,9	Bt0
CCP27*Ciave	22	60,0	20,0	9,1	90,9	36,4	85,7	42,9	
CCP27*Ciave	19	25,0	16,7	16,7	96,2	96,2	80,0	71,4	
NIL-10		0,0	0,0	0,0	37,5	0,0	0,0	0,0	Bt10
Tillexus		0,0	0,0	0,0	98,0	0,0	0,0	0,0	
XeWes	5A	0,0	0,0	0,0	50,0	0,0	0,0	0,0	
XeWes	5B	0,0	0,0	0,0	57,1	0,0	75,0	40,0	
XeWes	m.stak	0,0	0,0	2,0	66,7	37,5	33,3	2,0	
XeWes	m.stak	0,0	0,0	0,0	66,7	37,5	20,0	50,0	
XeWes	7D	0,0	0,0	0,0	80,0	37,5	50,0	40,0	
XeWes	10	0,0	0,0	2,0	75,0	0,0	0,0	0,0	
XeWes	15	0,0	0,0	0,0	75,0	0,0	0,0	0,0	
XeWes	19	0,0	0,0	0,0	71,4	0,0	0,0	0,0	
XeWes	21	0,0	0,0	0,0	75,0	0,0	0,0	0,0	
XeWes	24	0,0	0,0	0,0	75,0	0,0	0,0	0,0	
XeWes	25	0,0	0,0	0,0	85,7	0,0	0,0	0,0	
XeWes	27	0,0	0,0	0,0	85,7	0,0	2,0	0,0	
XeWes	28	0,0	0,0	0,0	75,0	0,0	0,0	0,0	
XeWes	31	0,0	0,0	0,0	75,0	0,0	0,0	0,0	
XeWes	32	0,0	0,0	0,0	75,0	0,0	2,0	0,0	
XeWes	35	0,0	0,0	0,0	75,0	0,0	2,0	0,0	
XeWes	36	0,0	0,0	0,0	75,0	0,0	0,0	0,0	
XeWes	39	0,0	0,0	0,0	75,0	0,0	0,0	0,0	
XeWes	40	0,0	0,0	0,0	75,0	0,0	0,0	2,0	
XeWes	41	0,0	0,0	0,0	75,0	0,0	0,0	0,0	
XeWes	45	0,0	0,0	0,0	75,0	0,0	0,0	0,0	
XeWes	46	0,0	0,0	0,0	75,0	3,8	2,0	0,0	
XeWes	51	0,0	0,0	0,0	75,0	3,8	0,0	0,0	
XeWes	52	0,0	0,0	0,0	75,0	2,0	0,0	0,0	
XeWes	54	0,0	0,0	0,0	75,0	0,0	0,0	0,0	
XeWes	56	0,0	0,0	0,0	75,0	0,0	0,0	0,0	
XeWes	57	0,0	0,0	0,0	75,0	0,0	0,0	0,0	



Analysis of a bi-parental population

CCP27*Ciave	24	37,5	13,8	66,7	100,0	66,7	96,8	90,9	28,6	Bt0
CCP27*Ciave	22	60,0	20,0	9,1	90,9	36,4	85,7	42,9	60,0	
CCP27*Ciave	19	25,0	16,7	16,7	96,2	96,2	80,0	71,4	75,0	
NIL-10		0,0	0,0	0,0	37,5	0,0	0,0	0,0	37,5	Bt10
Tillexus		0,0	0,0	0,0	98,0	0,0	0,0	0,0	50,0	
XeWes	5A	0,0	0,0	0,0	50,0	0,0	0,0	0,0	0,0	
XeWes	5B	0,0	0,0	0,0	57,1	0,0	75,0	40,0	0,0	
XeWes	m.stak	0,0	0,0	2,0	66,7	37,5	33,3	2,0	3,2	
XeWes	m.stak	0,0	0,0	0,0	66,7	37,5	20,0	50,0	10,0	
XeWes	7D	0,0	0,0	0,0	80,0	37,5	50,0	40,0	0,0	
XeWes	10	0,0	0,0	2,0	75,0	0,0	0,0	0,0	0,0	
XeWes	15	0,0	0,0	0,0	75,0	0,0	0,0	0,0	0,0	
XeWes	19	0,0	0,0	0,0	71,4	0,0	0,0	0,0	0,0	
XeWes	21	0,0	0,0	0,0	75,0	0,0	0,0	0,0	0,0	
XeWes	24	0,0	0,0	0,0	75,0	0,0	0,0	0,0	0,0	
XeWes	25	0,0	0,0	0,0	85,7	0,0	0,0	0,0	0,0	
XeWes	27	0,0	0,0	0,0	85,7	0,0	2,0	0,0	0,0	
XeWes	28	0,0	0,0	0,0	75,0	0,0	0,0	0,0	0,0	
XeWes	31	0,0	0,0	0,0	75,0	0,0	0,0	0,0	0,0	
XeWes	32	0,0	0,0	0,0	75,0	0,0	2,0	0,0	0,0	
XeWes	35	0,0	0,0	0,0	75,0	0,0	2,0	0,0	0,0	
XeWes	36	0,0	0,0	0,0	75,0	0,0	0,0	0,0	0,0	
XeWes	39	0,0	0,0	0,0	75,0	0,0	0,0	0,0	0,0	
XeWes	40	0,0	0,0	0,0	75,0	0,0	0,0	2,0	0,0	
XeWes	41	0,0	0,0	0,0	75,0	0,0	0,0	0,0	0,0	
XeWes	45	0,0	0,0	0,0	75,0	0,0	0,0	0,0	0,0	
XeWes	46	0,0	0,0	0,0	75,0	3,8	2,0	0,0	0,0	
XeWes	51	0,0	0,0	0,0	75,0	3,8	0,0	0,0	0,0	
XeWes	52	0,0	0,0	0,0	75,0	2,0	0,0	0,0	0,0	
XeWes	54	0,0	0,0	0,0	75,0	0,0	0,0	0,0	0,0	
XeWes	56	0,0	0,0	0,0	75,0	0,0	0,0	0,0	0,0	
XeWes	57	0,0	0,0	0,0	75,0	0,0	0,0	0,0	0,0	



Analysis of a bi-parental population

Pi554100		0,0	0,0	0,0	21,9	14,3	2,0	2,0	0,0	Bt7
CCP27		0,0	0,0	77,8	94,3	96,2	98,0	75,0	2,0	
Q*CharD*Bt11	10	0,0	0,0	0,0	90,0	85,7	94,3	14,3	2,0	
Q*CharD*Bt11	9	0,0	0,0	40,0	98,0	85,1	98,0	14,3	0,0	
CCP27*Ciavez	24	37,5	13,8	66,7	100,0	66,7	96,8	90,9	28,6	Bt0
CCP27*Ciavez	22	60,0	20,0	9,1	90,9	36,4	85,7	42,9	60,0	
CCP27*Ciavez	19	25,0	16,7	16,7	96,2	96,2	80,0	71,4	75,0	
NIL-10		0,0	0,0	0,0	37,5	0,0	0,0	0,0	37,5	Bt10
Tillexus		0,0	0,0	0,0	98,0	0,0	0,0	0,0	50,0	
XeWes	5A	0,0	0,0	0,0	50,0	0,0	0,0	0,0	0,0	
XeWes	5B	0,0	0,0	0,0	57,1	0,0	75,0	40,0	0,0	
XeWes	m.stak	0,0	0,0	2,0	66,7	37,5	33,3	2,0	3,2	
XeWes	m.stak	0,0	0,0	0,0	66,7	37,5	20,0	50,0	10,0	
XeWes	7D	0,0	0,0	0,0	80,0	37,5	50,0	40,0	0,0	
XeWes	10	0,0	0,0	2,0	75,0	0,0	0,0	0,0	0,0	
XeWes	15	0,0	0,0	0,0	75,0	0,0	0,0	0,0	0,0	
XeWes	19	0,0	0,0	0,0	71,4	0,0	0,0	0,0	0,0	
XeWes	21	0,0	0,0	0,0	75,0	0,0	0,0	0,0	0,0	
XeWes	24	0,0	0,0	0,0	75,0	0,0	0,0	0,0	0,0	
XeWes	25	0,0	0,0	0,0	85,7	0,0	0,0	0,0	0,0	
XeWes	27	0,0	0,0	0,0	85,7	0,0	2,0	0,0	0,0	
XeWes	28	0,0	0,0	0,0	75,0	0,0	0,0	0,0	0,0	
XeWes	31	0,0	0,0	0,0	75,0	0,0	0,0	0,0	0,0	
XeWes	32	0,0	0,0	0,0	75,0	0,0	2,0	0,0	0,0	
XeWes	35	0,0	0,0	0,0	75,0	0,0	2,0	0,0	0,0	
XeWes	36	0,0	0,0	0,0	75,0	0,0	0,0	0,0	0,0	
XeWes	39	0,0	0,0	0,0	75,0	0,0	0,0	0,0	0,0	
XeWes	40	0,0	0,0	0,0	75,0	0,0	0,0	2,0	0,0	
XeWes	41	0,0	0,0	0,0	75,0	0,0	0,0	0,0	0,0	
XeWes	45	0,0	0,0	0,0	75,0	0,0	0,0	0,0	0,0	
XeWes	46	0,0	0,0	0,0	75,0	3,8	2,0	0,0	0,0	
XeWes	51	0,0	0,0	0,0	75,0	3,8	0,0	0,0	0,0	
XeWes	52	0,0	0,0	0,0	75,0	2,0	0,0	0,0	0,0	
XeWes	54	0,0	0,0	0,0	75,0	0,0	0,0	0,0	0,0	
XeWes	56	0,0	0,0	0,0	75,0	0,0	0,0	0,0	0,0	
XeWes	57	0,0	0,0	0,0	75,0	0,0	0,0	0,0	0,0	



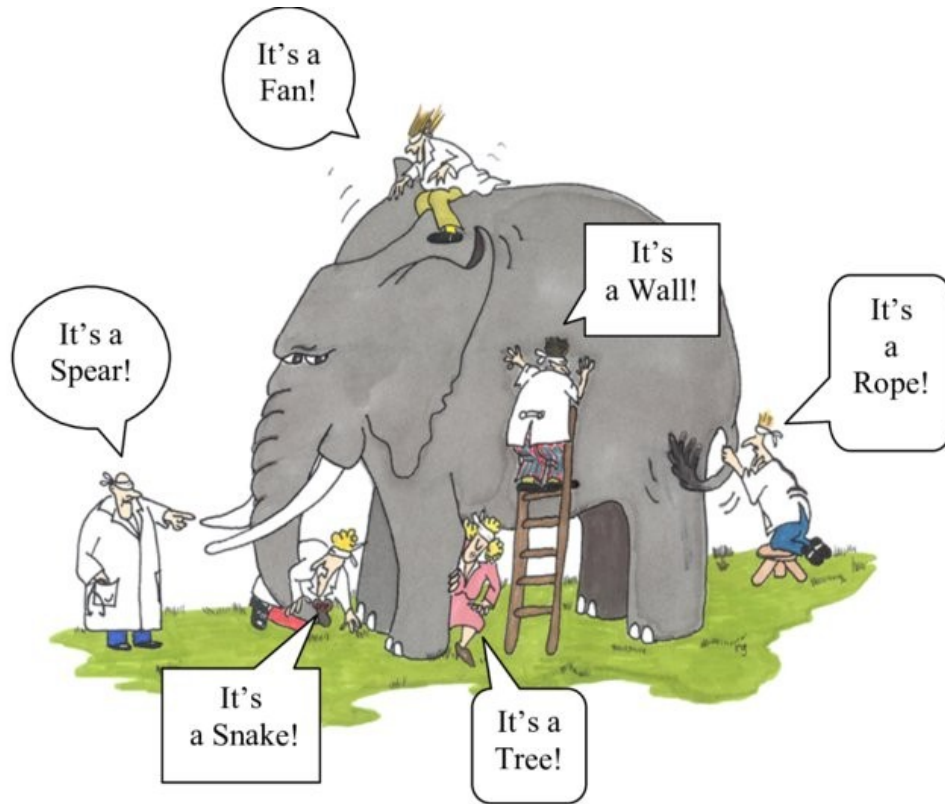
Analysis of a bi-parental population

Pi554100		0,0	0,0	0,0	21,9	14,3	2,0	2,0	0,0	Bt7
CCP27		0,0	0,0	77,8	94,3	96,2	98,0	75,0	2,0	
Q*CharD*Bt11	10	0,0	0,0	0,0	90,0	85,7	94,3	14,3	2,0	
Q*CharD*Bt11	9	0,0	0,0	40,0	98,0	85,1	98,0	14,3	0,0	
CCP27*Ciavez	24	37,5	13,8	66,7	100,0	66,7	96,8	90,9	28,6	Bt0
CCP27*Ciavez	22	60,0	20,0	9,1	90,9	36,4	85,7	42,9	60,0	
CCP27*Ciavez	19	25,0	16,7	16,7	96,2	96,2	80,0	71,4	75,0	
NIL-10		0,0	0,0	0,0	37,5	0,0	0,0	0,0	37,5	Bt10
Tillexus		0,0	0,0	0,0	98,0	0,0	0,0	0,0	50,0	
XeWes	5A	0,0	0,0	0,0	50,0	0,0	0,0	0,0	0,0	
XeWes	5B	0,0	0,0	0,0	57,1	0,0	75,0	40,0	0,0	Bt7
XeWes	m.stak	0,0	0,0	2,0	66,7	37,5	33,3	2,0	3,2	
XeWes	m.stak	0,0	0,0	0,0	66,7	37,5	20,0	50,0	10,0	
XeWes	7D	0,0	0,0	0,0	80,0	37,5	50,0	40,0	0,0	
XeWes	10	0,0	0,0	2,0	75,0	0,0	0,0	0,0	0,0	Bt7 +Bt10
XeWes	15	0,0	0,0	0,0	75,0	0,0	0,0	0,0	0,0	
XeWes	19	0,0	0,0	0,0	71,4	0,0	0,0	0,0	0,0	
XeWes	21	0,0	0,0	0,0	75,0	0,0	0,0	0,0	0,0	
XeWes	24	0,0	0,0	0,0	75,0	0,0	0,0	0,0	0,0	
XeWes	25	0,0	0,0	0,0	85,7	0,0	0,0	0,0	0,0	
XeWes	27	0,0	0,0	0,0	85,7	0,0	2,0	0,0	0,0	
XeWes	28	0,0	0,0	0,0	75,0	0,0	0,0	0,0	0,0	
XeWes	31	0,0	0,0	0,0	75,0	0,0	0,0	0,0	0,0	
XeWes	32	0,0	0,0	0,0	75,0	0,0	2,0	0,0	0,0	
XeWes	35	0,0	0,0	0,0	75,0	0,0	2,0	0,0	0,0	
XeWes	36	0,0	0,0	0,0	75,0	0,0	0,0	0,0	0,0	
XeWes	39	0,0	0,0	0,0	75,0	0,0	0,0	0,0	0,0	
XeWes	40	0,0	0,0	0,0	75,0	0,0	0,0	2,0	0,0	
XeWes	41	0,0	0,0	0,0	75,0	0,0	0,0	0,0	0,0	
XeWes	45	0,0	0,0	0,0	75,0	0,0	0,0	0,0	0,0	
XeWes	46	0,0	0,0	0,0	75,0	3,8	2,0	0,0	0,0	
XeWes	51	0,0	0,0	0,0	75,0	3,8	0,0	0,0	0,0	
XeWes	52	0,0	0,0	0,0	75,0	2,0	0,0	0,0	0,0	
XeWes	54	0,0	0,0	0,0	75,0	0,0	0,0	0,0	0,0	
XeWes	56	0,0	0,0	0,0	75,0	0,0	0,0	0,0	0,0	
XeWes	57	0,0	0,0	0,0	75,0	0,0	0,0	0,0	0,0	

Now we can map
both Bt10
and Bt7!

	Blizzard	Tilliko	Thule III	IFA-P106-30 NIL-12	PI-554-098	NIL-10 Tillexus	PI-554-099 NIL-9	Magnifik	PI554120	PI554100	Rio	Hohenheimer	NIL-5	PI554115 Nepred	PI554121 Ridit	Bussard	PI554097	PG3540 NIL-1	Creator				
	Bt3 +Bt6 +7A	BtZ	Bt13	Bt12	Bt11	Bt10	Bt9	?	Bt8	Bt7	Bt6	Bt5 +1B	Bt5	Bt4	Bt3	BtH	Bt2	Bt1	Bt0				
Pan-35, Germany	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	17				
Pan-9, Germany	0	0	3	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	9	0	3	0	83				
Vr-13, Denmark	2	0	2	0	0	0	4	0	6	0	0	0	0	2	0	0	0	0	avirulent				
Hansa, Sweden	0	0	19	0	0	0	0	0	3	0	0	0	0	3	3	0	5	0					
Vr-0, Denmark	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2	0	0	11	0	11	7	0					
Pan-34 Sweden	0	0	3	0	0	0	0	0	3	0	0	0	0	19	3	0	9	0					
Pan-19, Germany	0	0	9	0	0	0	0	0	0	0	3	0	0	33	31	17	0	12	33	Bt4			
Pan-24, Schweiz	0	0	9	0	0	0	9	0	0	33	20	9	0	9	9	50	9	17	12	Bt8 Bt3			
Pan-25, Italy	0	0	0	0	0	0	0	0	64	9	3	0	0	14	0	0	0	0	35				
Pan-26, Italy	0	0	3	0	0	0	0	0	23	27	0	0	0	9	0	0	11	0	67				
Pan-22, Germany	0	0	12	0	0	3	0	0	43	25	6	0	12	3	0	0	0	9	71	Bt7 Bt8			
Pan-23, Germany	0	0	24	0	0	0	0	0	77	29	0	0	3	7	0	0	5	0	60				
Wiik-Emmer	0	3	0	0	0	0	0	0	25	14	0	0	0	0	9	0	3	12	50				
Vr10, Denmark	0	43	0	###	0	0	38	98	0	0	22	2	0	2	2	0	2	0	7	BtZ Bt10 Bt7			
Pan-7, Germany	0	0	14	0	0	3	0	9	0	0	0	0	0	0	0	0	91	97	50	Bt2 Bt1???			
Pan-17, Germany	0	0	12	0	0	0	0	12	0	6	3	0	0	12	3	0	0	88	94	57	Bt1		
Vr-5, Denmark	0	0	2	2	0	0	0	0	0	2	2	17	83	20	0	0	0	75	2	4	4	Bt5 Bt2???	
Pan-1, Austria	0	0	0	0	0	0	3	0	9	3	3	0	3	23	0	3	0	86	60	0	0	Bt2 Bt4?	
Pan-6, Austria	0	0	0	6	0	0	0	0	23	0	0	0	0	6	0	0	0	50	14	0	0	50	
Vr-DOT, Denmark	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2	4	0	11	6	0	0	2	94	26	7	7		
Pan-18, Germany	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	3	3	0	60	50	0	0	75	
Pan-11, Germany	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	6	0	0	0	91	50	0	0	83	
Pan-21, Germany	0	5	0	0	0	0	0	0	0	0	3	0	0	0	0	0	0	88	33	0	0	50	
Pan-4, Austria	0	0	0	0	0	0	0	0	0	9	0	0	3	14	0	0	0	86	91	0	0	67	
Pan-10, Germany	0	0	6	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	3	0	3	0	100	86	0	0	75	
Pan-20, Germany	0	0	33	0	0	0	0	0	6	6	0	0	0	0	0	3	0	86	97	0	0	75	
Pan-8, Germany	0	0	19	11	0	0	0	0	0	0	3	0	0	6	0	9	0	94	87	0	0	67	
Pan-13, Germany	0	0	25	0	0	0	6	0	0	0	0	0	0	3	0	0	0	97	87	0	0	50	
pan-Veron, Tjeck Rep.	0	0	11	0	0	0	6	0	0	3	50	23	0	50	33	38	0	83	0	3	60	67	Bt7 Bt4 Bt3?? Bt2?? Bt1???
Pan-3, Austria	0	0	6	0	0	0	5	0	0	0	67	0	15	0	0	0	0	67	91	0	0	50	
Pan-Aros	0	0	12	0	0	0	0	0	2	57	0	0	6	14	3	0	3	86	86	0	24	57	
Pan-2, Austria	0	0	9	0	0	0	0	0	0	57	0	0	0	5	0	3	0	86	100	0	0	83	
Pan 30, Iran	0	0	17	0	0	0	0	0	0	57	6	0	6	0	0	6	6	94	100	0	0	67	
Pan-16, Germany	0	0	0	0	0	0	14	0	3	17	50	3	0	14	3	13	11	86	100	0	0	86	
Pan-29, Iran	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	9	0	0	50	3	0	0	97	98	0	0	50	
pan-31, Iran	0	0	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	30	2	0	7	95	100	0	0	94	
Pan-27, Latvia	0	6	0	0	0	0	0	0	0	14	12	0	0	6	###	0	0	83	67	50	44	0	
Vr-2, Denmark	0	0	0	0	0	0	0	0	0	14	2	0	0	8	0	0	0	94	91	60	75		
Pan-Stava, Sweden	0	0	3	0	0	0	0	0	0	26	3	0	0	0	3	0	0	91	97	83	75	86	
Vr-3, Denmark	0	0	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	4	75	80	100	89	0	0		
VrZ, Denmark	0	57	6	0	0	0	38	50	0	0	0	33	0	75	26	0	0	4	0	0	0		
Pan-28, Iran	0	43	71	3	0	0	33	44	14	0	0	14	0	86	40	20	0	12	0	0	0	50	
Pan-32, Iran	0	0	86	0	0	0	0	0	0	0	50	0	0	94	81	67	89	88	50	0	0	26	
Pan-33, Iran	0	2	91	0	0	0	0	0	0	3	50	0	0	91	71	67	83	83	67	0	0	83	

Compiling different sources of information



- Phenotyping
 - avoid pseudo replicates
- Parental information
 - are they credible?
- Marker information
 - are the positions credible?

Gene postulation: BT7

			Bt	Bt	Bt		Vr-2	Vr10	VrZ	Vr-5	Vr-3	Vr-DOT	Vr-0	Vr-13	Bt	Bt	Bt
							Bt2	Bt2	Bt2	Bt2	Bt2	Bt2	Bt2	Bt2			
							Bt10	Bt10	Bt10	Bt10	Bt10	Bt10	Bt10	Bt10			
							Bt7	Bt7	Bt7	Bt7	Bt7	Bt7	Bt7	Bt7			
							Bt5	Bt5	Bt5	Bt5	Bt5	Bt5	Bt5	Bt5			
							Bt5	Bt5	Bt5	Bt5	Bt5	Bt5	Bt5	Bt5			
							Bt4	Bt4	Bt4	Bt4	Bt4	Bt4	Bt4	Bt4			
							Bt2	Bt2	Bt2	Bt2	Bt2	Bt2	Bt2	Bt2			
							Bt1	Bt1	Bt1	Bt1	Bt1	Bt1	Bt1	Bt1			
Plot ID	Variety/cross	Selection no.															
1550	CCP27*Claveza	24	0				66.7	100.0	28.6	96.8	37.5	90.9	13.8	66.7	7		
1552	CCP27*Claveza	22	0				36.4	90.9	60.0	85.7	60.0	42.9	20.0	9.1	7		
1554	CCP27*Claveza	19	0				96.2	96.2	75.0	80.0	25.0	71.4	16.7	16.7	7		
1561	CCP27*Claveza	5	0				50.0	83.3	45.5	88.9	75.0	60.0	3.8	7.4	7		
1575	CCP26*Claveza	6	0				50.0	71.4	16.7	100.0	50.0	40.0	36.4	0.0	7		
1564	CCP27		7				96.2	94.3	2.0	98.0	0.0	75.0	0.0	77.8	7		
1584	CCP7*Claveza	4	7				60.0	96.2	0.0	93.0	0.0	3.8	0.0	24.2	7		
1560	CCP27*Claveza	10	7				55.6	95.2	0.0	88.9	0.0	50.0	0.0	60.0	7		
1551	CCP27*Claveza	23	7				72.7	94.3	0.0	85.7	0.0	42.9	2.4	10.7	7		
1559	CCP27*Claveza	11	7				66.7	98.0	0.0	85.7	0.0	66.7	0.0	40.0	7		
1562	CCP27*Claveza	3	7		hetero		37.5	90.9	0.0	85.7	0.0	80.0	0.0	33.3	7		
1556	CCP27*Claveza	15	7				50.0	96.2	0.0	80.0	0.0	40.0	0.0	9.1	7		
1553	CCP27*Claveza	21	7				77.8	88.9	0.0	75.0	0.0	22.2	0.0	12.3	7		
1558	CCP27*Claveza	13	7				75.0	98.0	0.0	75.0	0.0	50.0	0.0	50.0	7		
1563	CCP27*Claveza	1	7				33.3	96.2	0.0	75.0	0.0	40.0	0.0	60.0	7		
1555	CCP27*Claveza	16	7				72.7	96.2	0.0	71.4	0.0	66.7	0.0	13.8	7		
1549	CCP27*Claveza	26	7				83.3	90.9	0.0	60.0	0.0	50.0	2.0	50.0	7		
1576	CCP26*Claveza	5	7				50.0	100.0	0.0	60.0	0.0	5.7	0.0	2.0	7		
1582	CCP7*Claveza	6	7				66.7	88.9	0.0	42.9	0.0	15.1	0.0	12.3	7		
1583	CCP7*Claveza	5	7				66.7	88.9	0.0	42.9	0.0	5.7	0.0	10.7	7		
1586	CCP7*Claveza	2	7				55.6	36.4	0.0	42.9	0.0	0.0	0.0	7.4	7		
1578	CCP26*Claveza	3	7				42.9	75.0	2.0	33.3	0.0	9.1	0.0	5.7	7		
1574	CCP26*Claveza	7	7				42.3	66.7	0.0	13.8	0.0	0.0	0.0	2.0	7		
1548	CCP27*Claveza	27	7		hetero		83.3	88.9	0.0	11.8	0.0	5.7	0.0	40.0	7		
1571	CCP26*Claveza	10	7				90.9	66.7	0.0	11.8	0.0	2.0	0.0	2.0	7		
1577	CCP26*Claveza	4	7				40.0	62.5	2.0	11.1	0.0	2.0	0.0	0.0	7		
1573	CCP26*Claveza	8	7				50.0	50.0	0.0	9.1	0.0	0.0	0.0	2.0	7		
1580	CCP26*Claveza	1	7				28.6	42.9	0.0	7.4	0.0	2.0	0.0	2.0	7		
1566	CCP26*Claveza	15	7				87.0	60.0	0.0	2.4	0.0	0.0	0.0	0.0	7		
1587	CCP7*Claveza	1	2	+			40.0	2.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	7		
1568	CCP26*Claveza	13	7				50.0	75.0	0.0	0.0	0.0	7.4	0.0	2.0	7		
1581	CCP7*Claveza	7	7				75.0	80.0	0.0	88.9	2.0	25.0	0.0	13.8	7		
1585	CCP7*Claveza	3	7		hetero		40.0	88.9	0.0	60.0	2.0	5.7	0.0	10.7	7		
1579	CCP26*Claveza	2	7				50.0	28.6	3.8	33.3	4.8	2.4	0.0	2.0	7		
1557	CCP27*Claveza	14	7				60.0	94.3	5.7	85.7	5.7	60.0	3.8	54.5	7		
1569	CCP26*Claveza	12	7				23.1	25.0	0.0	10.7	66.7	30.0	3.2	2.0	7		
1565	CCP26*Claveza	16	?				42.9	16.7	2.0	57.1	80.0	33.3	0.0	0.0	7		
1572	CCP26*Claveza	9	?				0.0	0.0	0.0	22.2	40.0	30.0	9.1	0.0	7		

Gene postulation: BT13

Plot ID	Variety/cross	Selection no.	Bt			Revised Bt-gene postulation	Vr-2	Vr10	VrZ	Vr-5	Vr-3	Vr-DOI	Vr-0	Vr-13	Expected Bt-genes		
							0,0	BtZ	BtZ	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0			
							0,0	Bt10	Bt10	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0			
							Bt7	Bt7	0,0	Bt7	0,0	Bt7	0,0	0,0			
							0,0	0,0	Bt6	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0			
							0,0	0,0	0,0	Bt5	0,0	0,0	0,0	0,0			
							0,0	0,0	Bt4	20,0	0,0	0,0	0,0	0,0			
							0,0	0,0	0,0	0,0	Bt3	0,0	0,0	0,0			
							Bt2	Bt2	0,0	Bt2	Bt2	Bt2	Bt2	0,0			
							Bt1	Bt1	0,0	Bt1	0,0	Bt1	0,0	0,0			
1539	S*Th*Cia purpur	10C	0				50,0	55,6	0,0	62,5	42,9	37,5	75,0	12,5	7	13	
1524	Segor*Thule-III*Ciaveza	27	7				75,0	80,0	0,0	0,0	0,0	2,0	0,0	7,4	7	13	
1525	Segor*Thule-III*Ciaveza	26	7				88,9	100,0	0,0	57,1	0,0	42,9	0,0	40,0	7	13	
1527	Segor*Thule-III*Ciaveza	23	7				75,0	100,0	0,0	4,8	0,0	9,1	0,0	0,0	7	13	
1528	Segor*Thule-III*Ciaveza	22	7			hetero	66,7	96,0	0,0	28,6	0,0	0,0	0,0	9,1	7	13	
1530	Segor*Thule-III*Ciaveza	20	7				66,7	100,0	0,0	75,0	0,0	7,4	0,0	9,1	7	13	
1531	Segor*Thule-III*Ciaveza	19	7				75,0	88,9	0,0	16,7	0,0	0,0	0,0	0,0	7	13	
1534	Segor*Thule-III*Ciaveza	16	7				33,3	66,7	0,0	3,2	0,0	0,0	0,0	3,8	7	13	
1536	Segor*Thule-III*Ciaveza	13	7				66,7	66,7	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	3,8	7	13	
1537	Segor*Thule-III*Ciaveza	12	7				50,0	66,7	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	4,8	7	13	
1538	Segor*Thule-III*Ciaveza	11	7				60,0	66,7	0,0	3,8	0,0	4,8	0,0	4,8	7	13	
1543	Segor*Thule-III*Ciaveza	5	7				83,3	85,7	0,0	11,8	0,0	0,0	0,0	16,7	7	13	
1532	Segor*Thule-III*Ciaveza	18	13	7		hetero	0,0	3,8	0,0	2,0	0,0	0,0	0,0	0,0	7	13	
1526	Segor*Thule-III*Ciaveza	24	13			hetero	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	16,7	7	13	
1529	Segor*Thule-III*Ciaveza	21	13				0,0	5,7	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	9,1	7	13	
1533	Segor*Thule-III*Ciaveza	17	13				0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	13,8	7	13	
1535	Segor*Thule-III*Ciaveza	14	13			hetero	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	12,3	7	13	
1540	S*Th*Cia hårde	10B	13				0,0	12,5	0,0	0,0	2,0	0,0	2,4	14,9	7	13	
1541	S*Th*Cia bløde	10A	13				0,0	3,2	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	9,1	7	13	
1542	Segor*Thule-III*Ciaveza	6	13				2,0	2,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	9,1	7	13	
1544	Segor*Thule-III*Ciaveza	4	13				0,0	2,0	0,0	0,0	0,0	3,8	0,0	23,1	7	13	
1545	Segor*Thule-III*Ciaveza	3	13				0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	4,8	7	13	
1546	Segor*Thule-III*Ciaveza	2	13				0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	16,7	7	13	
1547	Segor*Thule-III*Ciaveza	1	13				0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	2,0	0,0	8,2	7	13	

Plot ID	Variety/cross	Selection no.	Bt			Revised Bt-gene postulation	Vr-2	Vr10	VrZ	Vr-5	Vr-3	Vr-DOI	Vr-0	Vr-13	Expected Bt-genes		
							0,0	BtZ	BtZ	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0			
							0,0	Bt10	Bt10	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0			
							Bt7	Bt7	0,0	Bt7	0,0	Bt7	0,0	0,0			
							0,0	0,0	Bt6	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0			
							0,0	0,0	0,0	Bt5	0,0	0,0	0,0	0,0			
							0,0	0,0	Bt4	20,0	0,0	0,0	0,0	0,0			
							0,0	0,0	0,0	0,0	Bt3	0,0	0,0	0,0			
							Bt2	Bt2	0,0	Bt2	Bt2	Bt2	Bt2	0,0			
							Bt1	Bt1	0,0	Bt1	0,0	Bt1	0,0	0,0			
1624	Thule III* Tarso selektioner	E	2				0,0	0,0	0,0	62,5	0,0	34,2	0,0	0,0	13	2	
1625	Thule III* Tarso selektioner	D	2				0,0	2,0	0,0	75,0	0,0	40,0	0,0	0,0	13	2	
1628	Thule III* Tarso selektioner	A	2				0,0	0,0	0,0	83,3	0,0	50,0	0,0	0,0	13	2	
1626	Thule III* Tarso selektioner	C	2				0,0	0,0	0,0	71,4	0,0	11,1	0,0	0,0	13	2	
1621	Thule III* Tarso selektioner	H	13	7			0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	13	2	
1622	Thule III* Tarso selektioner	G	13	7			0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	13	2	
1623	Thule III* Tarso selektioner	F	13	7			0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	6,3	13	2	
1627	Thule III* Tarso selektioner	B	13	7		hetero	0,0	0,0	3,8	0,0	11,8	0,0	2,4	2,0	13	7	

Gene postulation: BT2

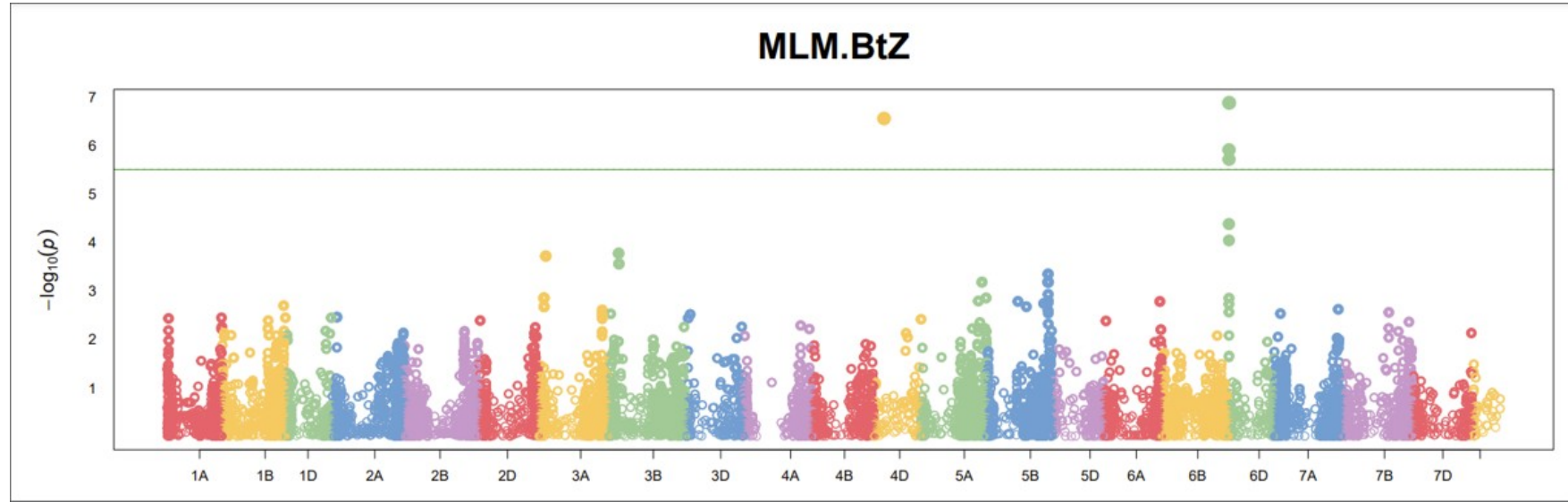
			BT	BT	BT		Vr-2	Vr10	Vr2	Vr-5	Vr-3	Vr-DOT	Vr-U	Vr-13	BT	BT	BT
							0,0	BT2	BT2	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0			
							0,0	BT10	BT10	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0			
							BT7	BT7	0,0	BT7	0,0	BT7	0,0	0,0			
							0,0	0,0	BT6	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0			
							0,0	0,0	0,0	BT5	0,0	0,0	0,0	0,0			
							0,0	0,0	BT4	20,0	0,0	0,0	0,0	0,0			
							0,0	0,0	0,0	0,0	BT3	0,0	0,0	0,0			
							BT2	BT2	0,0	BT2	BT2	BT2	BT2	0,0			
							BT1	BT1	0,0	BT1	0,0	BT1	0,0	0,0			
Plot																	
ID	Variety/cross	Self															
1706	Chile 17 Amy*CH13762*Skagen -15	0				hetero	88,9	96,2	80,0	80,0	98,0	55,6	60,0	50,0	2		
1714	Chile 17 Amy*CH13762*Skagen -23	0				hetero	88,9	92,6	50,0	50,0	83,3	70,0	60,0	13,0	2		
1720	Chile 17 Amy*CH13762*Skagen -31	2		+		hetero	11,1	16,7	0,0	4,3	0,0	0,0	0,0	4,8	2		
1696	Chile 17 Amy*CH13762*Skagen -	1	2				80,0	60,0	0,0	33,3	0,0	7,4	0,0	40,0	2		
1697	Chile 17 Amy*CH13762*Skagen -	2	2				80,0	75,0	0,0	70,0	0,0	7,4	0,0	3,8	2		
1698	Chile 17 Amy*CH13762*Skagen -	3	2				80,0	75,0	0,0	60,0	0,0	16,7	0,0	10,7	2		
1699	Chile 17 Amy*CH13762*Skagen -	4	2				62,5	80,0	0,0	2,8	0,0	16,7	2,0	5,7	2		
1700	Chile 17 Amy*CH13762*Skagen -	5	2			hetero	71,4	100,0	0,0	40,0	0,0	19,4	0,0	19,4	2		
1701	Chile 17 Amy*CH13762*Skagen -	6	2				77,8	88,9	0,0	66,7	0,0	16,7	0,0	40,0	2		
1702	Chile 17 Amy*CH13762*Skagen -	7	2				75,0	84,9	0,0	37,5	0,0	11,8	0,0	16,7	2		
1703	Chile 17 Amy*CH13762*Skagen -	8	2				88,9	87,5	0,0	50,0	0,0	42,9	0,0	33,3	2		
1704	Chile 17 Amy*CH13762*Skagen -	9	2			hetero	85,7	78,9	0,0	55,6	0,0	9,1	0,0	25,0	2		
1705	Chile 17 Amy*CH13762*Skagen -14	2					88,9	88,9	0,0	37,5	0,0	23,1	0,0	40,0	2		
1707	Chile 17 Amy*CH13762*Skagen -16	2				hetero	71,4	95,2	2,0	75,0	0,0	50,0	0,0	40,0	2		
1708	Chile 17 Amy*CH13762*Skagen -17	2					80,0	100,0	0,0	24,1	0,0	60,0	2,0	40,0	2		
1709	Chile 17 Amy*CH13762*Skagen -18	2					75,0	93,0	0,0	50,0	6,3	66,7	0,0	40,0	2		
1710	Chile 17 Amy*CH13762*Skagen -19	2				hetero	80,0	93,8	0,0	71,4	0,0	66,7	2,4	20,0	2		
1711	Chile 17 Amy*CH13762*Skagen -20	2				hetero	87,0	90,9	0,0	50,0	0,0	7,4	0,0	33,3	2		
1712	Chile 17 Amy*CH13762*Skagen -21	2				hetero	75,0	90,9	0,0	50,0	0,0	7,9	0,0	40,0	2		
1713	Chile 17 Amy*CH13762*Skagen -22	2				hetero	85,7	80,0	0,0	50,0	0,0	9,1	0,0	9,1	2		
1715	Chile 17 Amy*CH13762*Skagen -24	2					86,2	88,9	0,0	16,7	0,0	5,7	0,0	40,0	2		
1716	Chile 17 Amy*CH13762*Skagen -26	2					66,7	88,9	0,0	25,0	0,0	0,0	0,0	5,7	2		
1717	Chile 17 Amy*CH13762*Skagen -27	2					90,9	88,9	0,0	60,0	0,0	13,8	0,0	3,8	2		
1718	Chile 17 Amy*CH13762*Skagen -28	2					87,7	95,2	0,0	60,0	0,0	12,3	0,0	12,3	2		
1719	Chile 17 Amy*CH13762*Skagen -29	2					88,9	95,2	0,0	77,8	0,0	9,1	0,0	9,1	2		
1721	Chile 17 Amy*CH13762*Skagen -35	2				hetero	85,7	50,0	0,0	50,0	0,0	13,8	2,0	10,0	2		
1722	Chile 17 Amy*CH13762*Skagen -36	2					50,0	42,9	0,0	57,1	0,0	16,7	0,0	10,7	2		
1723	Chile 17 Amy*CH13762*Skagen -37	2					83,3	80,0	0,0	83,3	0,0	60,0	0,0	20,0	2		
1724	Chile 17 Amy*CH13762*Skagen -38	2					84,8	94,3	5,7	33,3	0,0	50,0	0,0	5,7	2		
1725	Chile 17 Amy*CH13762*Skagen -41	2					66,7	42,9	0,0	33,3	0,0	0,0	0,0	2,0	2		

Genotyping and phenotyping data

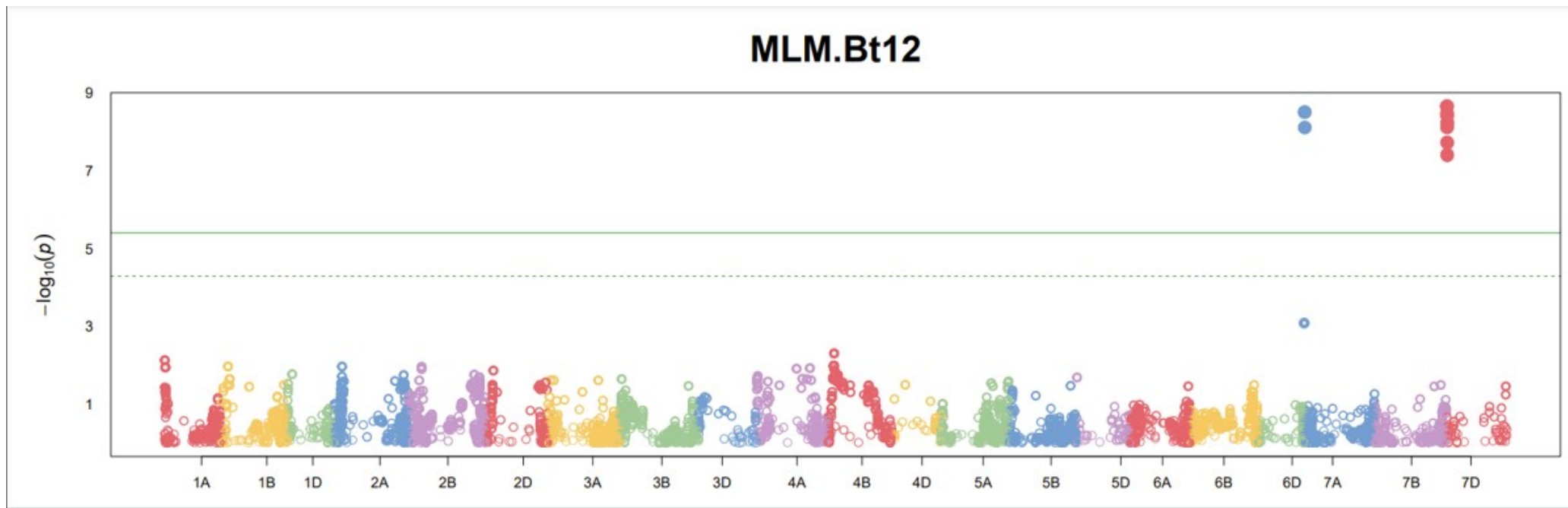
from LIVESEED, BOOST/DIVERSILIENCE, NordGen, ECOBREED
and the Bunt Consortium

- Gene postulations of 1187 breeding lines and varieties, including NILs of Bt1, Bt4, Bt5, Bt6, Bt9 and Bt11
- tested with 8 races
 - virulence to: Bt1, Bt2, Bt3, Bt5, Bt7, Bt10, BtZ and Bt13
 - avirulent to: Bt4, Bt6, Bt8, Bt9, Bt11, Bt12 and BtP

Manhattan plot of lines postulated with BT-Z



Manhattan plot of lines postulated with BT12



	PI119333	P106.1	Rainer	
Kukri_rep_c85536_598	T	T	T	Mono
BS00065623_51	G	G	G	Mono
Ra_c30952_531	T	T	T	Mono
TA001746-1415	G	G	A	PI119333
Kukri_c80931_147	A	A	G	PI119333
IAAV9104	C	C	A	PI119333
D_F5XZDLF02H192C_184	T	T	C	PI119333
RFL_Contig1323_544	G	G	A	PI119333
IACX11794	T	T	T	Mono
D_contig36176_338	A	A	A	Mono
wsnp_Ku_rep_c69533_68919669	C	C	C	Mono
D_GB5Y7FA02IDDA9_183	A	A	A	Mono
wsnp_Ex_c65899_64135487	A	A	A	Mono
Ex_c25027_535	T	T	T	Mono
BS00110642_51	T	T	T	Mono
BobWhite_c8454_782	G	G	G	Mono
TA005893-0466	G	G	G	Mono
Excalibur_c1310_414	T	G	G	Rainer
BS00067904_51	A	G	G	Rainer
RFL_Contig4686_700	A	A	A	Mono
BS00066295_51	A	A	A	Mono

Bt1

- Diff. line: PI554101
- Virulence: 13%
- Chromosome: 2B
- Position (size):
799.991.797-809.152.216
(9.160.419)
- False negative: 9%
- False positive: 24%

Markers:

Excalibur_c48404_59	C
wsnp_Ex_c15646_23969140	A
BS00065302_51	G
AX-94890379	G
BS00083998_51	G
Ra_c105904_187	C
Ra_c105904_1191	G
AX-158610188	A
AX-94808568	G
AX-158562114	C
Kukri_c49784_86	A
Excalibur_rep_c106698_235	A
BS00065264_51	G
Excalibur_c25043_357	A
Kukri_c900_1334	T

Bt2

- Diff. line: PI 554103
- Virulence: 50%
- Chromosome: 1D + 7B
- Position (size):

Solstice: 1D: 41.460.359-70.406.911
(28.946.552)

Bussard: 1D: 278.264.596-312.620.732
(34.356.136)

Skagen (7A): 674.243.562-675.374.652
(1.131.090)

Markers:

TA003135-0494	T
AX-158540353	C
Excalibur_c54055_694	C
AX-158540354	T

RAC875_c37085_317	A
Kukri_c24408_743	T
JD_c149_1700	T
BobWhite_c1201_384	T

AX-94892080	A
wsnp_CAP11_c1043_618449	C
AX-94939596	C
AX-94692978	C
tplb0044p22_2330	C
tplb0044p22_2257	G
AX-158571869	C
D_GBUVHFX01ANH44_230	T
wsnp_CAP11_rep_c4017_1896	T
AX-94458136	G
IACX11153	C
AX-94881152	T
AX-111044340	A
IAAV4794	G
IAAV5348	A
RAC875_c8932_740	T
RAC875_rep_c81479_191	C
BS00033405_51	A
Kukri_c6167_1271	G
AX-108781521	A
RAC875_c35094_476	T
AX-158571936	A
Ku_c9864_772	A
BS00065722_51	G
BS00074817_51	G
BS00096547_51	G
AX-158571937	T
TA001473-0980	A
BS00031658_51	C
BS00051826_51	T
RAC875_c17951_108	C
Excalibur_c5958_1270	C
Excalibur_c5958_1398	A
BS00094471_51	A
AX-94456991	T
AX-158608096	C
BS00067706_51	G
AX-158571753	A

Bt3

- Diff. line: Ridit
- Virulence: 10%
- Chromosome: 1A
- Position (size):

498.451.021- 506.854.738
(8.403.717)

Markers:

CAP12_c1906_217	T
RAC875_rep_c112044_340	C
TA003955-1138	A
BS00094553_51	A
Kukri_rep_c117029_125	C
RAC875_c29540_1109	A
wsnp_Ex_rep_c108951_91954	G
BS00021728_51	C
RAC875_c37545_289	G
Kukri_c29039_315	T
wsnp_Ku_c10292_17066821	T

Bt4 and Bt6

- Diff. line: PI554101
- Virulence: 10%
- Chromosome: 1B
- Position (size):

Bt4: 1.195.932-75.661.070
(74.465.138)

Bt6: 16.466.442-25.179.826
(8.713.384)

Markers:

BS00011695_51
RAC875_c15942_571
Tdurum_contig78972_316
Tdurum_contig50667_306
Excalibur_c3270_1566

A
C
G
C
A

AX-94674257
Excalibur_c21898_1423
BS00050522_51
BS00076192_51
AX-158540295
BS00022504_51
BS00083177_51
Excalibur_c30569_384
BS00005004_51
Kukri_c36151_170
AX-94715632
BS00108058_51
TGWA25K-TG0215
Tdurum_contig50667_306
BS00110121_51
AX-94733902
wsnp_Ex_c5780_10153638
AX-94484295
AX-158570941
BS00022590_51
AX-158561105
Kukri_rep_c100936_449
Excalibur_c95656_129
RFL_Contig1081_570
Tdurum_contig82187_189
BS00105606_51
AX-158570978
wsnp_Ex_c2111_3963161
AX-158521565
AX-158521551
AX-158570814
AX-158521482
AX-158557026
AX-158557037
AX-158570810
BS00093231_51
AX-158570811
AX-158521473
Kukri_c43552_443
AX-94490145
Ra_c455_283
BS00010992_51
Ra_c15153_324
wsnp_BE399980B_Ta_2_1
BS00063574_51
BS00022218_51
wsnp_BE443531B_Ta_1_1
AX-158556915
AX-95248610
BS00022317_51
AX-158570854
AX-110035800
AX-109447012
AX-158545071

C
C
T
G
T
A
A
T
T
A
A
C
C
C
A
G
A
C
T
G
T
G
C
G
A
C
T
A
G
C
T
T
T
G
T
G
T
A
A
A
C
A
C
T

Bt4 and Bt6

	Turkey	Ark	Sprague	Rio	Omar	Hyslop	TomThul LS189	TomThul LS190	TomThul LS191	TomThul LS196	TomThul LS198	TomThul LS199	TomThul LS201	TomThul LS202	TomThul LS206
Excalibur_c30569_384	T	T	T	C	T	C	T	C	C	T	C	C	C	C	C
BS00005004_51	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T
Kukri_c36151_170	A	G	G	G	G	G	G	G	G	G	G	G	G	G	G
AX-94715632	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A
Tdurum_contig58525_304	G	G	T	failed	failed	failed	failed	failed	failed	failed	failed	failed	failed	failed	failed
AX-158545235	T	C	T	failed	failed	failed	failed	failed	failed	failed	failed	failed	failed	failed	failed
AX-158570866	T	T	C	failed	failed	failed	failed	failed	failed	failed	failed	failed	failed	failed	failed
BS00108058_51	C	C	T	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C
BS00108057_51	C	C	T	failed	failed	failed	failed	failed	failed	failed	failed	failed	failed	failed	failed
AX-158557069	C	C	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T
TGWA25K-TG0215	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C
Tdurum_contig50667_306	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C
BS00110121_51	A	A	A	G	G	G	G	G	G	G	G	G	G	G	G
AX-94733902	G	G	G	G	G	G	G	G	G	G	G	G	G	G	G
wsnp_Ku_c2620_4980121	C	C	C	T	T	T	T	T	T	T	T	C	T	T	T
wsnp_Ex_c5780_10153638	G	G	G	A	A	A	A	A	A	A	A	G	A	A	A

Bt4

Bt5, Trintella and Hohenheimer extra

- Diff. line: ~~Hohenheimer~~ Tommi (Globus, Genius)
- Virulence: 2%
- Chromosome: 1B
- Position (size):
130.128.078 - 283.930.031 (153.801.953)
Hohenheimer-extra:
1B: 151.666.471-283.929.982 (132.263.511)
1B: 435.463.630-438.415.594 (2.951.964)

Markers:

Trintella: ?

AX-158520948
AX-89339341
AX-158544874
BS00078228_51
AX-94540417
BS00022089_51
BS00033681_51
AX-158570368
AX-110943874
AX-95204890

T
T
T
C
G
A
T
G
G
G

BS00090553_51
AX-89408440
BS00003575_51
BS00068512_51
BS00068246_51
BS00022218_51
AX-158540319
BS00097433_51
BS00066165_51
BS00022625_51
BS00106581_51
AX-158556915
AX-110422876
AX-95248610
RAC875_rep_c72356_51
AX-158561162
AX-158555575
Kukri_c19709_383
AX-158561091
wsnp_BE637864B_Ta_1_1
AX-94470119
AX-158540267
Kukri_c147_1620
BS00022317_51
AX-158561110
AX-158570854
AX-110035800
Kukri_rep_c105316_262
AX-158520903
AX-109447012
BS00091191_51
AX-109342634
AX-108921445
AX-158540090
AX-111514779

A
G
T
T
G
G
G
T
G
G
G
A
C
A
A
C
C
T
T
C
G
A
A
G
C
A
T
G
C
G
A
A
C

Bt7

- Diff. line: PI 554100
(Tambor, Quarna, Fiorina)
- Virulence: 30%
- Chromosome: 2D
- Position (size):
621.068.206 622.542.240 (1.474.034)
- False negative: 13%
- False positive: 28%

Markers:

RAC875_c30919_311
RAC875_rep_c114621_200
wsnp_Ex_c42970_49408712

G
C
A

Bt8

- Diff. line: PI 554120
- Virulence: 8%
- Chromosome: maybe 6D
- Position (size): ?

Markers:

Bt9

- Diff. line: PI 554099
- Virulence: 0-2%
- Chromosome: 6D
- Position (size):

490.707.469-490.889.316
(181.847)

Markers:

Kukri_c79905_731	G
Kukri_rep_c107605_164	T
wsnp_CAP8_rep_c4586_22328	C
Tdurum_contig8030_335	C
wsnp_CAP7_c1735_859875	G
wsnp_CAP7_c1735_859744	T
AX-94589700	A

Bt10 and BtZ

- Diff. line: Bt10: PI 554118
- Virulence: 5%
- Chromosome: 6D
- Position (size):

Bt10: 477.348.201-495.158.655
(17.810.454)

BtZ: 3.118.642-4.572.453 (1.453.811)

Markers:

RAC875_c7178_404
wsnp_Ku_c19587_29102203
CAP7_c1208_150
wsnp_Ex_c14439_22426200
TA002853-0110-w
Kukri_c55362_75
AX-108746724
Excalibur_c7731_2743
AX-158531240

C
G
T
C
A
A
C
A
C

RAC875_rep_c118305_446
Excalibur_c7731_2743
AX-158531240
Kukri_c73802_205

C
G
T
A

Bt11 + Bt11-extra

Markers:

- Diff. line: ~~PI-554119~~
- Virulence: 0%
- Chromosome: 3D + 6D
- Position (size):

6D: 477.348.201-495.158.655 (17.810.454)
(=Bt9?)

www_ID_c5872_7032077	C
RACEP5_c5738_168	C
AS_53800719	C
BuWhWh_c525_429	T
AS_53803447	C
AS_53991238	A
AS_53803875	T
B0000481_51	T
www_Fa_Fp_1108801_9301	A
KuKi_Fp_170581_310	C
www_Fa_c5296_3484875	C
AS_53812511	T
www_Fa_c5074_39421911	C
CAPF_Fp_c52736_77	T
HL_Comp62461_286	C
AS_53802587	C
AS_538013975	C
tuR0023602_894	A
AS_53802669	C
AS_W1226309	G
RACEP5_c48570_261	C
AS_R027012	C
BuWhWh_c3994_280	T
AS_W444008	C
AS_538052870	G
Exallur_c2488_407	T
KuKi_c15205_882	C
Exallur_c12247_137	C
KuKi_c19916_160	A
Exallur_c82054_83	G
AS_53803620	T
RACEP5_c38415_143	C
www_Fa_c24915_20781020	G
BuWhWh_c3684_70	T
AS_53802680	A
GENE_584_207	A
Ex_c1086_154	A
C_GABEACAC1033P_65	C
Exallur_c4740_95	T
Exallur_c4541_108	C
CAPF_c2250_303	C
AS_53804700	A
www_ID_Fp_c50999_34774	C
www_Fa_Fp_148748_68724	C
KuKi_Fp_c137942_407	C
Ex_c5148_349	T
RACEP5_c1235_83	T
BuWhWh_c3476_184	C
AS_W408155	G
AS_53807600	C
AS_53803087	A
AS_W408171	A
RACEP5_c2428_3049	T
www_Fa_c4942_8718237	C
RACEP5_Fp_c152056_427	C
AS_W409217	G
KuKi_Fp_c137971_95	C
Exallur_c2952_933	C
Ex_c15448_703	C
KuKi_c137912_1543	T
AS_53802603	A
KuKi_c58025_633	A
AS_W502805	C
Ex_c12124_199	G
www_Fa_c10912_1729008	A
RACEP5_c14534_154	C
AS_538036176	A
AS_53803019	C
AS_W416178	C
AS_53805040	G
www_Fa_c13388_30529019	G
AS_53803712	C
AS_538030753	C
AS_W423680	A
www_Fa_c4482_805475	A
RACEP5_Fp_c30937_467	T
AS_53800726	C
AS_538030739	G
RACEP5_c18971_388	C
B00087443_51	A
KuKi_c108825_59	C
AS_53474588	C
B0008047_51	C
B00010871_51	C
B00010522_51	A
AS_53803090	G
IAW84	C
Ex_c12873_103	C
B00010461_51	T
AS_53103800	G
B0002178_51	C
RACEP5_c19692_88	T
www_CAPF_c15705_819875	T
B00064478_51	C
AS_W429200	C
AS_W414208	C
www_FG_c5646_2148796	A
KuKi_Fp_c137916_164	C
www_CAPF_c15705_819875	T
www_CAPF_c15705_819875	T
AS_W408700	C
Exallur_c2991_320	C
AS_W408008	C
AS_W404854	A
Exallur_c1048_128	C
tuR0023608_609	A
tuR0023608	A
KuKi_c14511_217	C
CAPF_c2351_143	A
KuKi_c14511_138	C
HL_Comp62704_821	C
AS_W4093458	C
RACEP5_Fp_c1508891_620	C
RACEP5_c3854_184	C
RACEP5_c2910_1562	G
AS_538052614	C
B00010861_51	C
HL_Comp62613_162	T
HL_Comp62613_160	C
AS_W4747666	T
AS_529717993	T

Bt12

- Diff. line: ~~PH119333~~ (2-3 genes)
- Virulence: 0%
- Chromosome: 7D
- Position (size):

7D: 6.820.874-21.202.036
(14.381.162)

Markers:

TA001746-1415	G
AX-158595238	T
Kukri_c80931_147	A
IAAV9104	C
AX-95173145	A
AX-111707392	T
RFL_Contig1323_544	G
IACX11794	T
AX-158594814	A
D_contig36176_338	A
wsnp_Ku_rep_c69533_689196	C
D_GB5Y7FA02IDDA9_183	A
wsnp_Ex_c65899_64135487	A
AX-111070966	A
Ex_c25027_535	T
BS00110642_51	T
AX-94599890	T
AX-94930280	A
BobWhite_c8454_782	G
AX-95229555	T
AX-94411546	T
AX-158601965	C
Excalibur_c1310_414	G

Bt13

- Diff. line: Thule III
- Virulence: 7%
- Chromosome: 7D
- Position (size):

7D: 5.542.839-7.432.654
(1.889.815)

Markers:

Ra_c30952_531
AX-158544378
AX-94708419
TA001746-1415
AX-158595238
Kukri_c80931_147

T
T
G
G
T
A

Bonus genes at 7A

- Virulence: ?
- Chromosome: 7A
- Position (size):
- From Quebon:

674.243.562-675.374.652 (1.131.090)

- From Blizzard:

623.904.095-728.815.254 (104.911.159)

Markers:

RAC875_c37085_317	A
Kukri_c24408_743	T
JD_c149_1700	T
BobWhite_c1201_384	T

IAAV5550	C
BS00084193_51	C
Kukri_c28968_130	G
BS00105531_51	C
BS00027226_51	A
BS00002510_51	T
BS00067682_51	C
Tdurum_contig42487_1555	C
BS00068033_51	C
Kukri_c51453_406	T

other genes

- Bt14= Doubbi-res.
- Bt15= Carleton-res.
- BtP
- Hope is temperature dependent in spring wheat
- Nexon spelt
- Macha resistance

Translocations:

- Erythrospermum 5221: translocation from Agropyrum
- Lutescens 6028: 2-gene translocation from Agropyrum
- Nardi: 1A1R and others
- CIMMYT synthetic lines

Variety	Type	Breeder	Year of release	Seed Company	Resistance Gene(s)
Apostel	Winter	IG-Pflanzenzucht			Bt5
Aristaro	Winter	Landbauschule Dottenfelderhof eV	2016	Bioland Handelsgesellschaft	Bt9+
Axano JB Asano???	Winter	Saatzucht Donau	2020	RWA Austria	Bt5
Bosporus	Winter	Breun			Bt5
Brandex (OHM)	Winter	Landbauschule Dottenfelderhof eV	2022	Bioland Handelsgesellschaft	Bt7
Bussard	Winter	KWS	1990		Bt2
Butaro	Winter	Landbauschule Dottenfelderhof eV	2009	Bioland Handelsgesellschaft	Bt2
Curier	Winter	Landbauschule Dottenfelderhof eV	2019	Bioland Handelsgesellschaft	
Festival	Winter	Lantmänner			Bt8+Bt9?
Fiorina	Spring	Agroscope	2001	Delley Samen und Pflanzen AG	Bt7
Florian	Winter	SaatenUnion			??
Fritop	Winter	Cultivari		Nordic Seed	BtZ+?
				Nordsaat Saatztuchtgesellschaft GmbH	
Genius	Winter	SaatenUnion			Bt5
Grannosos	Winter	Landbauschule Dottenfelderhof eV	2020	Bioland Handelsgesellschaft	Bt2
Graziaro	Winter	Landbauschule Dottenfelderhof eV	2016	Bioland Handelsgesellschaft	BtZ
Hallfreda	Winter	Lantmänner			Bt8+Bt9?
LG Initial	Winter	Limagrain Europe S.A.			Bt5
Liocharls (OHM)	Winter	Landbauschule Dottenfelderhof eV	2022	Bioland Handelsgesellschaft	Bt7
Mariagertoba (OHM)	Spring	Agrologica	2022	Landsorten	Bt7
Popkorn (OHM)	Winter	Agrologica	2022	Landsorten	Mixed resistance
Quarna	Spring	Agroscope	2002	Delley Samen und Pflanzen AG	Bt7
Roderik	Winter	Cultivari		Oeko-Korn-Nord, Germany	Bt7
Sailor	Winter	Agroscope	2015	Delley Samen und Pflanzen AG	Bt7
Sarastro	Winter	Cultivari		Oeko-Korn-Nord, Germany	BtZ
Segor	Spring	Agroscope	2002	Delley Samen und Pflanzen AG	Bt7
Spontan	Winter	Limagrain Europe S.A.			Bt5
Stava	Winter	Lantmänner	1990		Bt8+Bt9
SW Magnifik	Winter	Lantmänner			??
Thomaro	Winter	Landbauschule Dottenfelderhof eV	2018	Bioland Handelsgesellschaft	Bt7
Tillexus	Winter	Saatztucht Donau	2018	Saatbau Linz	Bt10
Tilliko	Winter	Cultivari		RWA Austria	BtZ
Tillsano	Winter	Saatztucht Donau	2020	Probstdorfer Saatztucht	Bt5
Tillstop	Winter	Saatztucht Donau		Probstdorfer Saatztucht	Bt10
Trebelir	Winter	Cultivari		Oeko-Korn-Nord, Germany	Bt7
WPB Calgary	Winter	Wiersum PB			Bt5

European resistance breeding

5-7 genes actively used:
Bt2, Bt5, Bt7, Bt9(+8?), Bt10/Z

Gene	Chromosome	Min [bp]	Max [bp]	Size [bp]	Quality of Mapping
Bt1	2B	799.983.180	811.026.211	11.043.031	Medium
Bt2a	1D	Unknown	Unknown	Unknown	Poor
Bt2b	1D	Unknown	Unknown	Unknown	Poor
Bt3	1A	498.451.021	506.854.738	8.403.717	Medium
Bt4	1B	Unknown	Unknown	Unknown	NA
Bt5	1B	123.383.762	265.108.595	141.724.833	Medium
Bt6	1B	16.381.367	28.018.966	11.637.599	Good
Bt7	2D	621.068.156	624.830.049	3.761.893	Good
Bt8	Unknown	Unknown	Unknown	Unknown	NA
Bt9	6D	487.432.997	490.336.412	2.903.415	Good
Bt10	6D	1.769.916	3.642.206	1.872.290	Medium
Bt11	3B	498.268.609	523.277.044	25.008.435	Poor
Bt12a	7D	6.366.873	6.820.677	453.804	Medium
Bt12b	7D	11.141.545	23.435.669	12.294.124	Good
Bt13	7D	5.005.482	5.661.151	655.669	Medium
Bt14	Unknown	Unknown	Unknown	Unknown	NA
Bt15	Unknown	Unknown	Unknown	Unknown	NA
Btp	Unknown	Unknown	Unknown	Unknown	NA
BtZ	3B	505.932.256	Unknown	Unknown	Poor
BtQ_5A	5A	Unknown	Unknown	Unknown	Good
BtQ_7A=Bt2c	7A	671.343.067	676.631.073	5.288.006	Medium
Bt_Blizzard_7A	7A	717.923.349	735.886.510	17.963.161	Good
Bt_PI119333_4B	4B	Unknown	Unknown	Unknown	Poor



1A
Bt3



2A



3A



4A



5A

BtQ(5A)



6A



7A

Bt-Blizzard
Bt2 (BtQ)

T.
aestivum
cv Chinese Spring



1B



2B



3B



4 B



5B



6 B



7B

BtP?
Bt-Erythospermum?
Bt-Lutescens?
Bt-Carlton?
Hope??
Doubbi?

Bt-Trintella?
Bt4
Bt5
Bt6

Bt1

Bt11A

Bt12 extra

Bt-Trintella?

Bt-McKenzie??
Bt-Trintella?



1D



2D



3D



4D



5D



6D

Bt9
Bt11B
BtZ
Bt10
Bt8??



7D

Bt12
Bt13

Next generation crosses

It will not help making new crosses, if markers are monomorphic in the target area

	PI119333	P106.1	Rainer	
Kukri_rep_c85536_598	T	T	T	Mono
BS00065623_51	G	G	G	Mono
Ra_c30952_531	T	T	T	Mono
TA001746-1415	G	G	A	PI119333
Kukri_c80931_147	A	A	G	PI119333
IAAV9104	C	C	A	PI119333
D_F5XZDLF02H192C_184	T	T	C	PI119333
RFL_Contig1323_544	G	G	A	PI119333
IACX11794	T	T	T	Mono
D_contig36176_338	A	A	A	Mono
wsnp_Ku_rep_c69533_68919669	C	C	C	Mono
D_GB5Y7FA02IDDA9_183	A	A	A	Mono
wsnp_Ex_c65899_64135487	A	A	A	Mono
Ex_c25027_535	T	T	T	Mono
BS00110642_51	T	T	T	Mono
BobWhite_c8454_782	G	G	G	Mono
TA005893-0466	G	G	G	Mono
Excalibur_c1310_414	T	G	G	Rainer
BS00067904_51	A	G	G	Rainer
RFL_Contig4686_700	A	A	A	Mono
BS00066295_51	A	A	A	Mono



	Starke NIL? S-1	Ouven*Daake27A	Graziaro	Marquis	SePen21
TA001746-1415	G	A	A	G	G
AX-158595238	T	C	C	T	Y
Kukri_c80931_147	A	G	G	A	A
IAAV9104	C	A	A	A	A
AX-95173145	A	G	G	A	A
AX-111707392	T	C	C	C	C
RFL_Contig1323_544	G	A	A	A	A
IACX11794	T	C	C	C	C
AX-158594814	A	G	G	G	G
D_contig36176_338	A	G	G	G	G
wsnp_Ku_rep_c69533_68919669	C	T	T	T	T
D_GB5Y7FA02IDDA9_183	A	G	G	G	G
wsnp_Ex_c65899_64135487	A	G	G	G	G
AX-111070966	A	G	G	G	G
Ex_c25027_535	T	C	C	C	C
BS00110642_51	C	T	T	C	C
AX-94599890	T	T	G	G	G
AX-94930280	A	A	A	A	A
BobWhite_c8454_782	G	A	G	G	G
AX-95229555	T	T	T	G	T
AX-94411546	T	T	C	C	C
AX-158601965	C	C	C	T	T
Excalibur_c1310_414	G	T	T	G	T

the way ahead

- Breeding:
 - Use a diversity of resistance genes to avoid future virulence
 - Pyramiding genes into commercial varieties can already start with current knowledge
- Research
 - Sequencing 6D to find Bt9 (Idaho and KWS)
 - Analyse MAGIC populations at NIAB and LfL for Bt2
 - Develop new populations from parents with polymorphism in the target areas
 - Analyse segregating populations of Bt8 (Utah?)
 - Develop new races with specific virulence. Has 'Stava' got Bt8+Bt9?
 - Unlock BtP!

New differential set

- Avoid lines with dual resistance genes
 - Bt5, Bt11 and Bt12
- Better lodging resistance
 - (Bt12, BtP, Bt13)
- Preferable NILs. Starke-II, Prins and Red Bob
 - Are the Starke-NILs too late?
- Winter wheat and spring wheat diff. set.

New differential set

- **Bt1:** Winter: PI554101. (or 'Starke-NIL-Bt1').
Spring wheat: 'M83-1531' (PI 554108)
- **Bt2:** Winter: 'Selection 2075' (PI 554103)
 - 'Bussard' (position 1)
 - 'Solstice' (Position 2)
 - 'Skagen' (Position 7A)
- **Bt3:** Winter: 'Ridit'. Spring wheat: M83-1551 (PI 554116)
- **Bt4:** Winter: 'CI 1558' (PI 11610) Spring wheat: 'M81-152' (PI 554115) (or 'Prins NIL Bt4')
- **Bt5:** Winter: 'Starke NIL Bt5' or 'Tommi'.
Spring wheat: 'SegQue-L69'.
- **Bt6:** Winter: 'Rio' (CI 10061) or 'Starke-NIL Bt6'. Spring wheat: 'M83-1581' (PI 554117).
- **Bt7:** Winter: 'Sel 50077' (PI 554100) Spring wheat: 'M83-1591' (PI554114).
- **Bt8:** Winter: 'M72-1250' (PI 554120) Spring wheat: 'M78-9496' (PI 554110)
- **Bt9:** Winter: 'R63-6968' (PI 554099) or 'Starke NIL-Bt9'. Spring wheat: 'M77-1140' (PI 554112).
- **Bt10:** Winter: 'R63-6982' (PI 554118) or 'Starke II NIL-Bt10' Spring wheat: M83-1621 (PI 554109).
- **Bt11:** Winter: BOKU breeding line?? Spring wheat: 'Prins NIL Bt11'.
- **Bt12:** Winter: IFA-P106.30 or 'Starke NIL-Bt12'.
- **Bt13:** Winter: 'Thule-III' (PI 181463). Spring wheat: 'SegThCia-2'.
- **Bt14:** 'Doubbi' (CI 13711) or the hexaploid line PI 172201 .
- **Bt15:** Spring wheat: 'Carleton' (CI 12064).
- **BtP:** Winter: PI 173437.
- **BtZ:** Winter: 'Tilliko' .
- **Bt-Trintella:** Winter: 'Trintella'
- **Bt-Erythrospermum-5221:** Winter: Erythrospermum-5221
- **1R1A:** Winter: 'Ursita' or 'Abund'

Crop-pathogen co-evolution and optimization of wheat population diversity for tolerance to common bunt



Pure lines infected with single races

race			percent infection
Vr5	Starke NIL Bt5		46,4
Vr10	Starke NIL Bt10		47,8
Vr2	Starke NIL Bt1		47,1
Vr10	Starke NIL Bt1	Unexpected infection	23,4
Vr5	Starke NIL Bt1		0,0
Vr5	Promesse Bt5	lower infection than expected	11,8
Vr10	Promesse Bt5		0,0
Vr2	Promesse Bt5	Unexpected infection	2,0
Vr2	Starke NIL Bt5		0,0
Vr10	Starke NIL Bt5		0,0
Vr5	Starke NIL Bt10		0,0
Vr2	Starke NIL Bt10		0,0
Vr5	Magnifik Bt8		0,0
Vr10	Magnifik Bt8		0,0
Vr2	Magnifik Bt8		0,0
Vr5	Pi554121 Bt3		0,0
Vr10	Pi554121 Bt3		0,0
Vr2	Pi554121 Bt3		0,0

race	Variety/mixture	Number of Genes		Actual Infection % in the plot	Expected infection in the mixture based on the infections in the components when tested alone
Vr10	NIL 1+10	2	Unexpected infection	15,0	23,5
Vr10	NIL 1+5	2		1,2	0,0
Vr10	NIL 1+5+10	3		10,0	15,7
Vr10	NIL 1+5+10+6	4		6,1	11,8
Vr10	NIL 1+5+10+6+9+Promesse+Magnifik+Pi554121	8		5,1	5,9
Vr10	NIL 1+5+10+9	4		7,4	11,8
Vr10	NIL 5+10	2	lower infection than expected	22,1	23,5
Vr2	NIL 1+10	2		10,9	23,5
Vr2	NIL 1+5	2		8,0	23,5
Vr2	NIL 1+5+10	3		12,3	15,7
Vr2	NIL 1+5+10+6	4		6,1	11,8
Vr2	NIL 1+5+10+6+9+Promesse	6		0,0	7,8
Vr2	NIL 1+5+10+6+9+Promesse	6	lower infection than expected	2,5	7,8
Vr2	NIL 1+5+10+6+9+Promesse+Magnifik	7		0,0	6,7
Vr2	NIL 1+5+10+6+9+Promesse+Magnifik	7		1,7	6,7
Vr2	NIL 1+5+10+6+9+Promesse+Magnifik+Pi554121	8		3,9	5,9
Vr2+10	NIL 1+5+10	3		21,1	23,5
Vr2+5	NIL 1+5+10	3		15,8	23,5
Vr2+5+10	NIL 1+5+10	3		13,0	23,5
Vr5	NIL 1+10	2	lower infection than expected	0,0	0,0
Vr5	NIL 1+5	2		12,3	23,5
Vr5	NIL 1+5+10	3		16,4	15,7
Vr5	NIL 1+5+10+6	4		7,0	11,8
Vr5	NIL 1+5+10+6+9+Promesse	6		10,5	15,7
Vr5	NIL 1+5+10+6+9+Promesse+Magnifik	7		2,4	13,4
Vr5	NIL 1+5+10+6+9+Promesse+Magnifik+Pi554121	7		6,6	11,8
Vr5	NIL 1+5+10+9	4		5,2	11,8
Vr5	NIL 5+10	2		0,6	23,5
Vr5+10	NIL 1+5+10	3		20,9	31,3
Vr10	NIL 1+5+10+6+9+Promesse	6		5,4	7,8
Vr10	NIL 1+5+10+6+9+Promesse+Magnifik	7		6,5	6,7

race	Variety/mixture	Actual Infection 2022 % in the plot	Actual Infection 2021 % in the plot	Expected infection in the mixture based on the infections in the components when tested alone
Vr10	<u>NIL</u> 1+10	57,4	15,0	23,5
Vr10	<u>NIL</u> 5+10	33,3	22,1	23,5
Vr10	<u>NIL</u> 1+5+10	27,6	10,0	15,7
Vr10	<u>NIL</u> 1+5+10+6	12,1	6,1	11,8
Vr10	<u>NIL</u> 1+5+9+10	15,3	7,4	11,8
Vr10	<u>NIL</u> 1+5+10+6+9+Promesse	13,6	5,4	7,8
Vr10	<u>NIL</u> 1+5+10+6+9+Promesse+Magnifik+Pi554121	14,6	5,1	5,9
Vr2	<u>NIL</u> 1+10	17,8	10,9	23,5
Vr2	<u>NIL</u> 1+5	17,4	8,0	23,5
Vr2	<u>NIL</u> 1+5+10	18,1	12,3	15,7
Vr2	<u>NIL</u> 1+5+10+6	15,5	6,1	11,8
Vr2	<u>NIL</u> 1+5+10+6+9+Promesse	19,6	0,0	7,8
Vr2	<u>NIL</u> 1+5+10+6+9+Promesse+Magnifik	18,9	2,5	7,8
Vr2	<u>NIL</u> 1+5+10+6+9+Promesse+Magnifik+Pi554121	5,5	0,0	6,7
Vr5	<u>NIL</u> 1+5	47,6	12,3	23,5
Vr5	<u>NIL</u> 1+5+10	21,6	16,4	15,7
Vr5	<u>NIL</u> 1+5+10+6	15,0	7,0	11,8
Vr5	<u>NIL</u> 1+5+10+9	23,9	5,2	11,8
Vr5	<u>NIL</u> 1+5+10+6+9+Promesse	12,5	10,5	15,7
Vr5	<u>NIL</u> 1+5+10+6+9+Promesse+Magnifik	9,3	2,4	13,4
Vr5	<u>NIL</u> 1+5+10+6+9+Promesse+Magnifik+Pi554121	10,5	6,6	11,8
Vr5+10	<u>NIL</u> 1+5+10	48,2	20,9	31,3
Vr2+10	<u>NIL</u> 1+5+10	32,0	21,1	23,5
Vr2+5	<u>NIL</u> 1+5+10	27,2	15,8	23,5
Vr2+5+10	<u>NIL</u> 1+5+10	29,7	13,0	23,5



Tank you for your attention
and please let us cooperate on this