

Hitze- und Trockentoleranz bei Gerste

Christian Schuy, Alexandra Ammon, PD Dr. Lars Voll, Prof. Dr. Uwe Sonnewald,
FAU Erlangen-Nürnberg, Lehrstuhl für Biochemie

Gemäß unabhängiger Klimamodelle ist zukünftig mit einer Umverteilung der jährlichen Niederschläge und einem Anstieg der Durchschnittstemperaturen in Bayern zu rechnen. Insbesondere im Frühjahr soll es dabei vermehrt zu ausgedehnten Trocken- und Hitzeperioden kommen. Es ist bislang kaum erforscht, welche Anpassungsmechanismen Nutzpflanzen besonders effektiv gegen kombinierten Hitze- und Trockenstress schützen können.

Unter Ausnutzung genetischer Ressourcen und der Verwendung modernster Methoden der Systembiologie zielt das Forschungsvorhaben auf die Verbesserung der Ertragsstabilität von bayerischen Gerstensorten ab. Dabei sollen durch Untersuchungen an gestressten Gerstenpflanzen die Prozesse des Zellstoffwechsels identifiziert werden, die mit der Ertragsstabilität der Gerstenpflanzen unter einfachem und kombiniertem Hitze- und Trockenstress verknüpft sind. Es ist gemeinhin bekannt, dass Pflanzen bei Hitze- und/oder Trockenstress unter oxidativem Stress leiden¹. Eigene Arbeiten haben zudem gezeigt, dass sich unter solchen Stress-Situationen besonders gut Unterschiede in der antioxidativen Antwort der Pflanze beobachten lassen und dass diese Unterschiede möglicherweise einen Einfluss auf die Ertragseigenschaften haben².

Im Rahmen des BayKlimaFit-Projektes haben wir deshalb unser Hauptaugenmerk auf die Stoffwechselwege der betreffenden Antioxidantien, Glutathion, γ -Aminobuttersäure (GABA) und Tocopherol (Vitamin E) unter simulierten Trockenstress-Bedingungen auf den Versuchsfeldern der LfL (Freising) gelegt. Am weitesten fortgeschritten sind die Untersuchungen zum Tocopherol-Stoffwechsel. Wir haben die Strukturgene der Tocopherol-Biosynthese im Genom der Gerste lokalisiert, konnten herausarbeiten, dass das Eingangsenzym des Stoffwechselweges, die Homogentisat-Phytyltransferase (HPT1), eine Kontrolle über die Vitamin E-Menge in gestressten und ungestressten Blättern ausübt (s. Abbildung 1), dass drei unterschiedlich leistungsfähige Allele dieses HPT1-Gens im Genpool des Gerstensortiments existieren (s. Abbildung), für die wir molekulare Marker ableiten konnten, die in der Züchtung eingesetzt werden können.

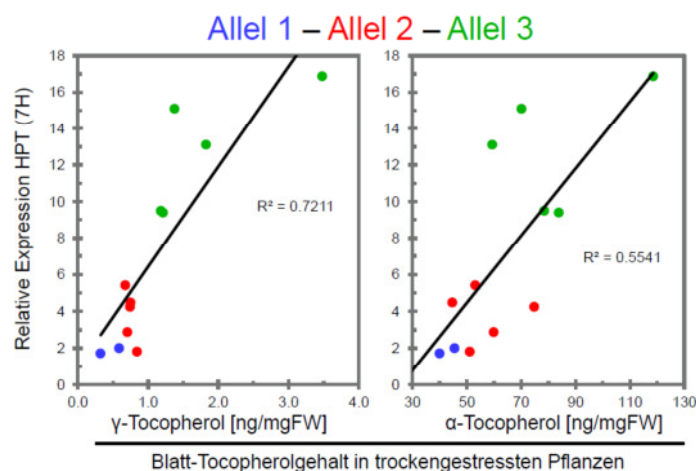


Abb.: Kontrolle des α - und γ -Tocopherol-Gehaltes in trocken gestressten Gerstenblättern durch unterschiedliche Allele des HPT1-Gens. R^2 gibt den Korrelationskoeffizienten zwischen der Expressionsstärke des HPT-Gens und der Tocopherol-Menge im Blatt an.

Allel 1 – blaue Punkte, Allel 2 – rote Punkte, Allel 3 – grüne Punkte. Allel 3 repräsentiert das leistungstärkste Allel.

¹ Zhang H, Sonnewald U (2017) Plant J. 90: 839-855

² Templer et al. (2017) J. Exp. Bot. 68: 1697-1713