

Verbesserung der Kältetoleranz von Mais

Prof. Dr. Chris-Carolin Schön, Dr. Eva Bauer

Technische Universität München, Lehrstuhl für Pflanzenzüchtung, Freising

Motivation

- Klimawandel führt zu instabilen Temperatur- und Niederschlagsverteilungen
- Als wärmeliebende C4 Pflanze hat Mais eine hohe Kältesensitivität
- Aussaat oft erst Anfang Mai möglich mit unerwünschten Folgen: Bodenerosion, Unkrautbesatz und Nährstoffauswaschung
- Kältetoleranz verbessert Effizienz der Biomasseproduktion und trägt zu einem umweltgerechten, ressourcenschonenden Anbau bei

Ziele

- Verständnis der molekularen Mechanismen der Kältetoleranz von Mais
- Identifizierung an der Ausprägung der Kältetoleranz beteiligter genetischer Faktoren
- Verbesserung der Mais Kältetoleranz durch Nutzung genetischer Variation aus Landrassen
- Anpassung des Maisanbaus an die zu erwartenden Folgen des Klimawandels
- Schonung knapper Ressourcen wie Nährstoffe, Wasser, Boden

Durchführung

- Molekulare und populationsgenetische Charakterisierung von Mais Landrassen
- Phänotypisierung von Landrassen und daraus entwickelten Linien in Feldversuchen
- Gegenüberstellung umfangreicher genomischer Daten von Mais Elitelinien und Landrassen
- Identifizierung von Genomregionen für Kältetoleranz
- Analyse von genetischen Netzwerken
- Bioinformatische Analysen

→ Entwicklung innovativer Strategien zur genetischen Verbesserung der Kältetoleranz von Mais

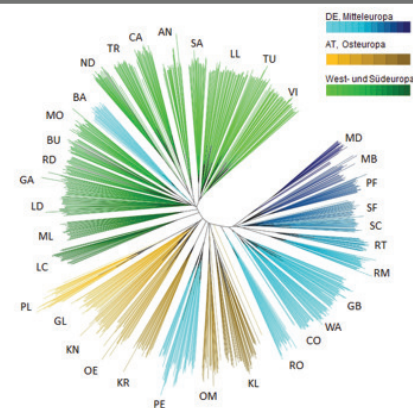


Abb. 1: Verwandtschaftsanalyse von 35 Europäischen Mais Landrassen anhand genomweiter Genotypisierungsdaten des 600k SNP-Array (Mayer 2015, Unterseer et al. 2014)

Phänotypisierung

- Erfassung von Jugendentwicklung, früher Wuchshöhe (Abb. 2) und weiteren Merkmalen in mehrortigen Feldversuchen

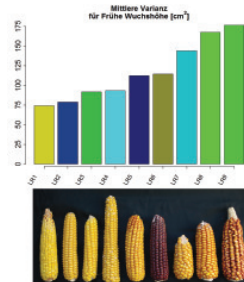


Abb. 2: Varianz für das Merkmal Frühe Wuchshöhe in ausgewählten Mais Landrassen (Pilotprojekt 2014)

Kooperationen

- Helmholtz Zentrum München, Neuherberg
- Landesanstalt für Landwirtschaft, Freising
- BayKlimaFit Konsortium

Literatur

- Mayer M: Population genetic analyses in European maize landraces. Masterarbeit, Technische Universität München (2015)
- Unterseer S, Bauer E, Haberer G, Seidel M, Knaak C, Ouzunova M, Meitinger T, Strom TM, Fries R, Pausch H, Bertani C, Davassi A, Mayer KFX, Schön C-C: A powerful tool for genome analysis in maize: development and evaluation of the high density 600 k SNP genotyping array. BMC Genomics 15:823 (2014)