

# Verbesserung der Kältetoleranz von Mais

Prof. Dr. Chris-Carolin Schön, Dr. Eva Bauer, Manfred Mayer  
 Technische Universität München, Lehrstuhl für Pflanzenzüchtung, Freising

## Motivation

- Kältetoleranz verbessert die Effizienz und Nachhaltigkeit der Pflanzenproduktion unter den zukünftig zu erwartenden Veränderungen des Klimas.

## Herausforderung

- Wenig genetische Variation für Kältetoleranz in Elitematerial
- Heterozygotie, Heterogenität und geringe Leistung von genetischen Ressourcen (z. B. Landrassen)

## Strategie

### Materialentwicklung

Gametenfang: Kreuzung heterozygoter Individuen aus Landrassen mit kältesensitiver Inzuchtlinie und anschließender Selbstung

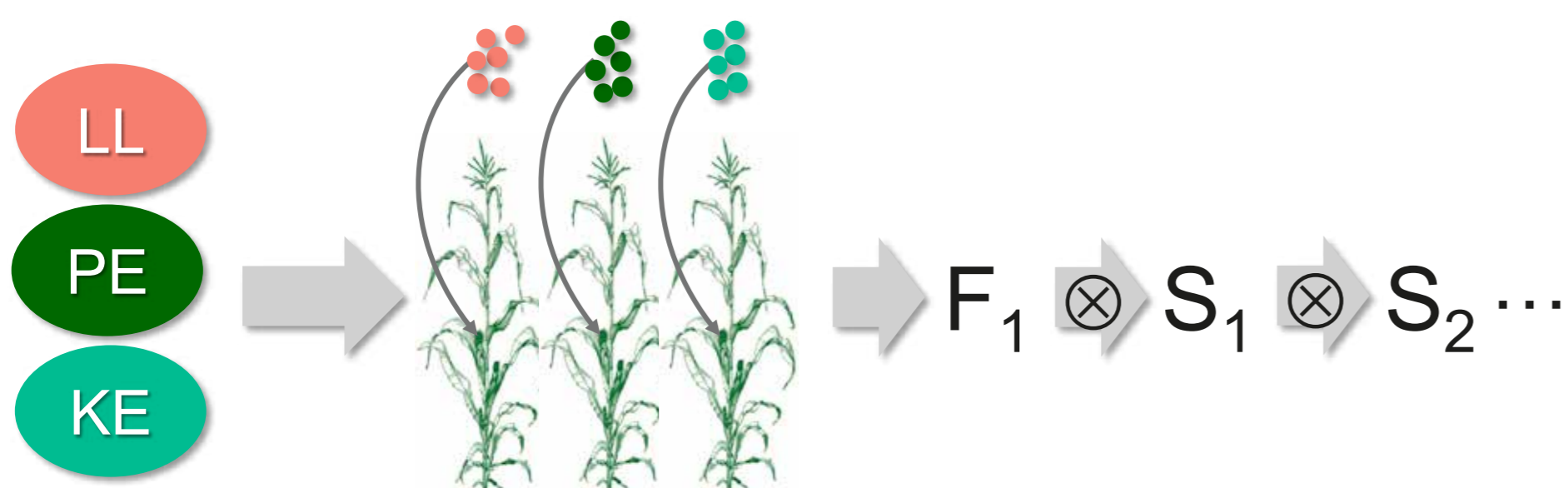


Abb. 1: Schematische Darstellung des Gametenfangs

### Genotypisierung

600k Marker



### Phänotypisierung

Feldversuche:

- 2 Jahre
- 2 Orte
- 2 Wiederholungen
- 14 Merkmale
- Wetterdaten



Abb. 2: Feldversuch 2017 in Roggenstein

Tabelle 1: Umfang der Feldversuche (Anzahl Parzellen je Wiederholung)

Jahr	S <sub>2</sub> KE	S <sub>2</sub> PE	S <sub>2</sub> LL	S <sub>3</sub> LL	Checks	Gesamt
2017	288	289	381	-	42	1000
2018	274	269	80	325	52	1000



Abb. 3: Ausschnitte von Luftbildaufnahmen von Mai bis August 2018

### Datenanalyse

- Assoziationskartierung
- Analyse von Genfunktionen
- Genomische Vorhersage
- Netzwerkanalyse
- Haplotypen-Variation
- Vergleich mit Elitematerial
- Wachstumsmodelle

## Ziele

- Nutzbarmachung der genetischen Vielfalt von Mais Landrassen
- Identifizierung der an Kältetoleranz beteiligten genetischen Faktoren und molekularen Mechanismen
- Einkreuzung positiver Allele in das Elitematerial



Kältesensitive Linie



Kältetolerante Linie

## Ergebnisse

- Erfolgreiche Identifikation von Genomregionen, die mit früher Jugendentwicklung und weiteren agronomischen Merkmalen assoziiert sind

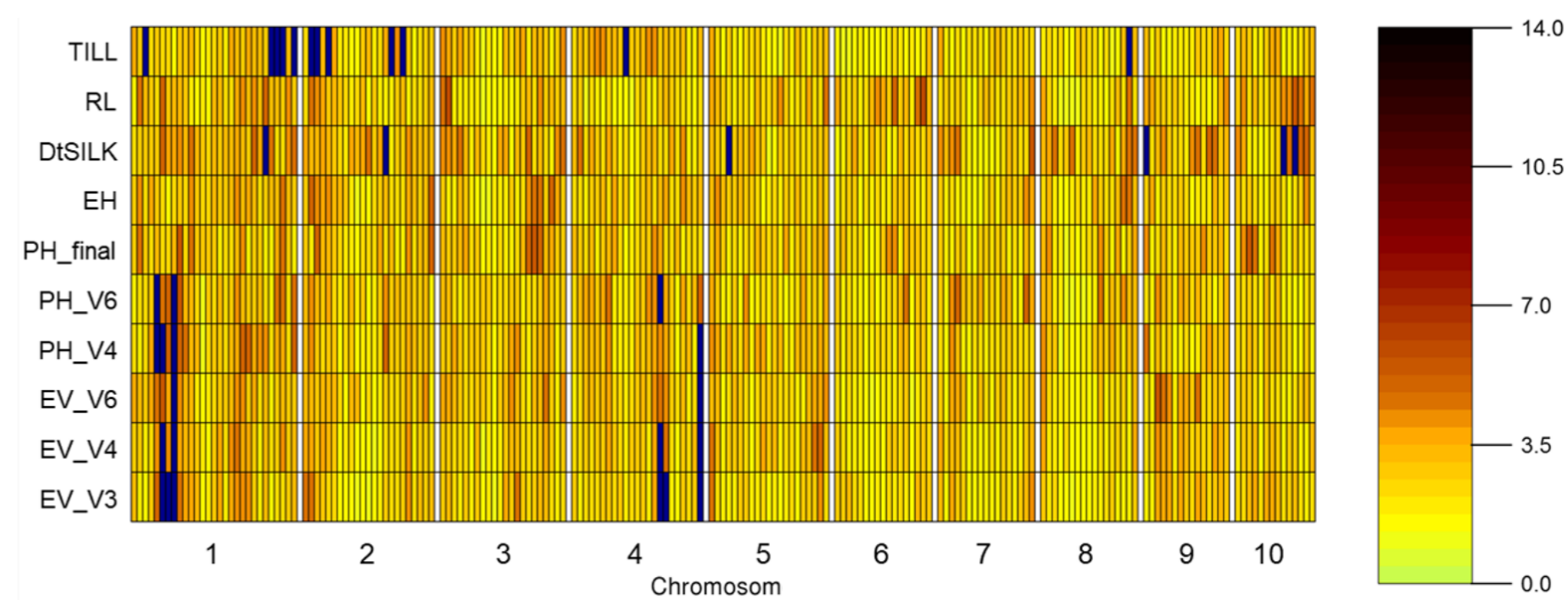


Abb. 4: Assoziationskartierung für 10 Merkmale über alle Landrassen. Farbschema zeigt Signifikanzniveau für ~10Mb Fenster entlang des Genoms. Blau = signifikant für eine „false discovery rate“ von 10%

- Genomische Vorhersage innerhalb von Landrassen möglich, Genauigkeiten abhängig von Merkmal und Stichprobengröße

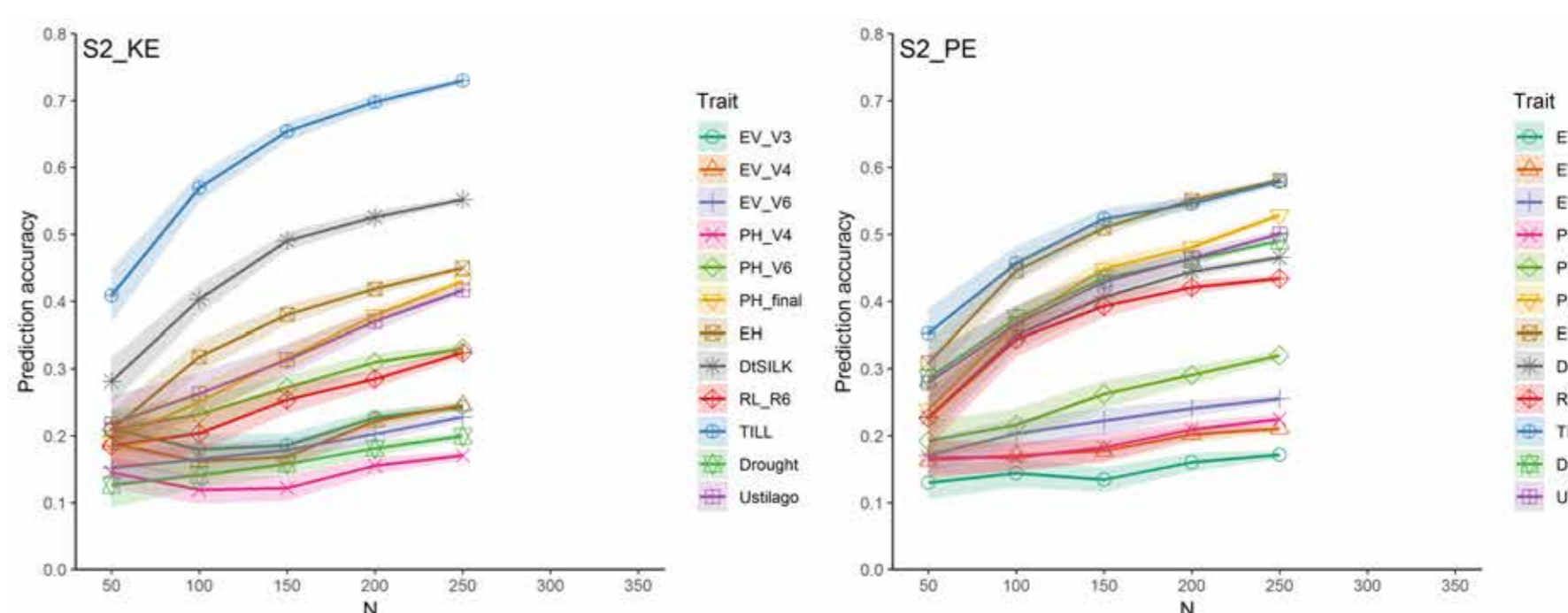


Abb. 5: Genomweite Leistungsvorhersage für 12 Merkmale innerhalb der Landrassen KE (links) und PE (rechts). Dargestellt ist die Vorhersagegenauigkeit in Abhängigkeit der Stichprobengröße.

- Genomische Vorhersage zwischen Landrassen nicht möglich

## Fazit

- Das Konzept des Gametenfangs aus Mais Landrassen eignet sich, um Genomregionen zu identifizieren, die quantitative Merkmale wie Kältetoleranz und Jugendentwicklung positiv beeinflussen.
- Das Projekt führte zu wichtigen Erkenntnissen für die effiziente Nutzung genetischer Ressourcen und die Entwicklung neuer klimaangepasster Sorten.