

Trockenstresstoleranter Weizen

Lorenz Hartl¹, Manuel Spannagl², Klaus Mayer^{2,3}, Jörg-Peter Schnitzler^{2,4}

¹Landesanstalt für Landwirtschaft, Freising, ²Helmholtz Zentrum München, ³Technische Universität München, ⁴Albert-Ludwigs-Universität Freiburg

Motivation

- Winterweizen ist neben Mais die bedeutendste landwirtschaftliche Kulturpflanze in Bayern.
- Trockenstress-Ereignisse infolge des Klimawandels führen zu hohen Ernteaussfällen.
- Die Selektion von toleranten Weizenlinien wird erschwert durch:
 - variable Dauer und Eintritt der Trockenstress-Ereignisse,
 - unterschiedliche Wirkung je nach Entwicklungsstadium des Weizens,
 - fehlende genomische Selektionsmethoden.

Ziele

- Identifizierung molekularer Faktoren und Gene, die mit der Trockenstresstoleranz des Weizens in Verbindung stehen.
- Weitergehendes Verständnis der molekularen Mechanismen der Trockenstresstoleranz in Weizen.
- Entwicklung von molekularen Markern zur Selektion stresstoleranter Weizensorten für den Anbau in Bayern.
- Untersuchung der Variabilität in der Trockentoleranz im bayerischen Zuchtmaterial.

Durchführung



- Ausgangspunkt: Bayerische Magic Wheat (BMW)-Population mit 394 Weizenlinien (siehe Abb.1 oben)
- Erfassung der $\delta^{13}\text{C}/^{12}\text{C}$ Isotopendiskriminierung als Marker für Trockentoleranz in allen diesen Linien
- Phänotypisierung der extremsten Linien unter kontrollierten Stressbedingungen
- Transkriptomanalyse und Identifizierung von Markern mit Hilfe genomischer & bioinformatischer Analysen

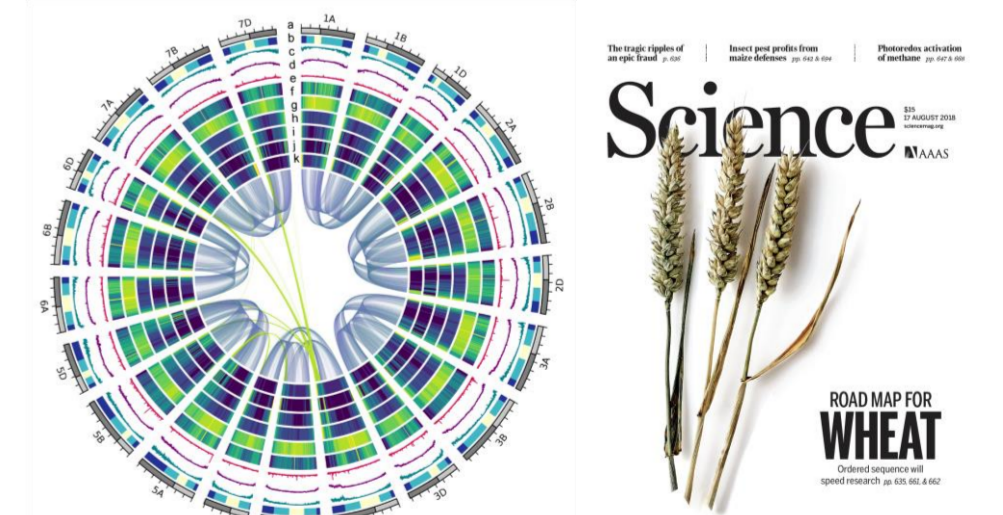


Phänotypisierung

Erfassung von pflanzenrelevanten Wachstums- und Gesundheitsparametern in der Spross-/Wurzel-Phänotypisierungsanlage unter kontrollierten Trockenstressbedingungen.

Abb. 2 oben: Weizenpflanzen in Rhizotron Messkabinen, unten: 3D-Multispektralscanner Aufnahmen

Genomische Arbeiten



Die aktuellen Durchbrüche in der Sequenzierung und Analyse des enorm großen und komplexen Weizengenoms (IWGSC 2018; Walkowiak 2020) ermöglichen erst die genomischen Arbeiten.

Literatur

International Wheat Genome Sequencing Consortium (IWGSC): Shifting the limits in wheat research and breeding using a fully annotated reference genome, *Science*, 361, eaar7191 (2018)

Walkowiak et al: Multiple wheat genomes reveal global variation in modern breeding, *Nature*, 588, pages 277–283 (2020)