

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 Temperaturschwankungen

Herausforderung

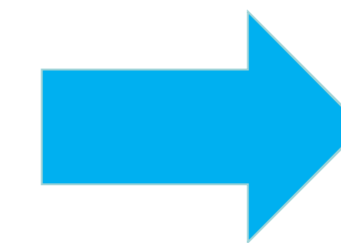
- Wenig genetische Variation für Kältetoleranz in Elitematerial
- Heterozygotie, Heterogenität und geringe Leistung von genetischen Ressourcen (z. B. Landrassen)

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

Vorgehensweise

Vorselektion

Auswahl von 3 Landrassen basierend auf phänotypischen und molekularen Voruntersuchungen¹

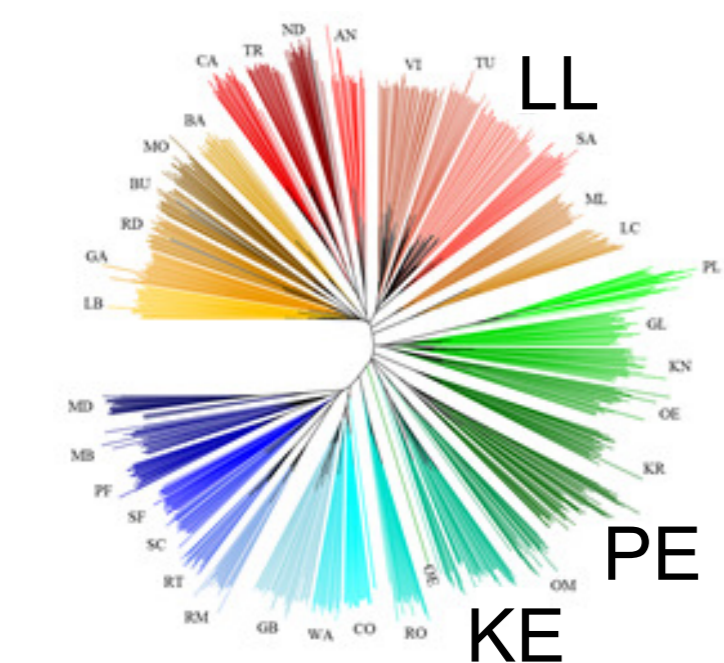
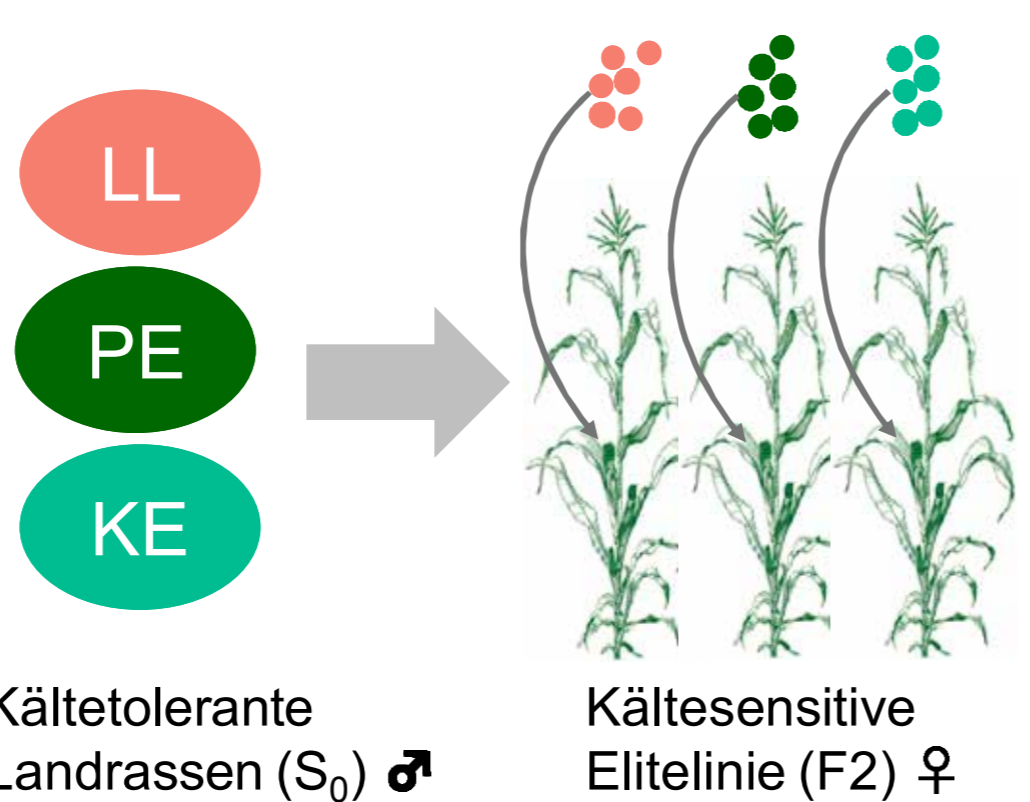


Abb. 1: Verwandtschaftsanalyse von 35 Europäischen Landrassen

Gametenfang

Kreuzung heterozygoter Individuen aus Landrassen mit kältesensitiver Inzuchtlinie und anschließende Selbstung



Genotypisierung

600k SNP-Marker

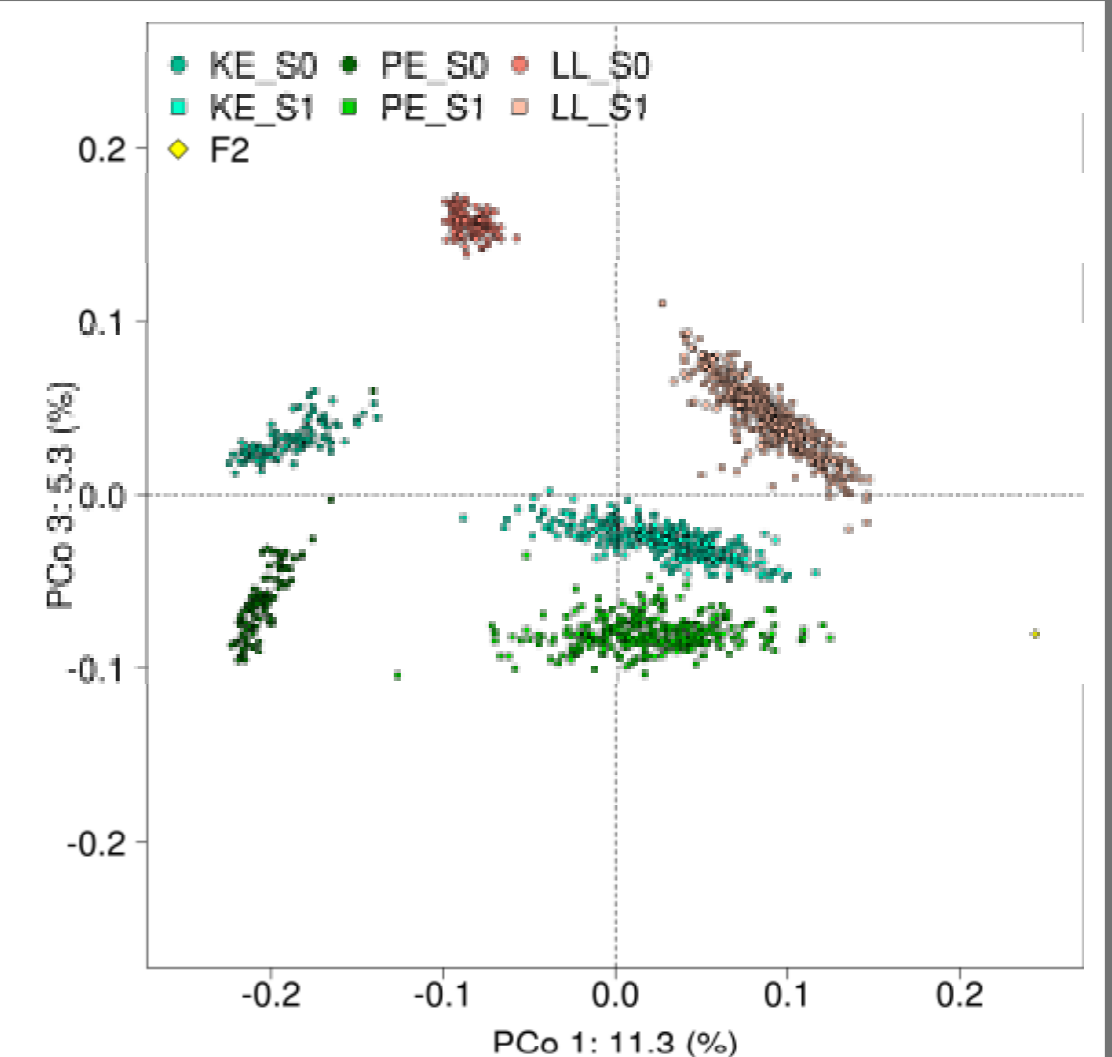


Abb. 2: Verwandtschaftliche Aufspaltung der 1000 S₁-Linien im Verhältnis zur elterlichen Inzuchtlinie (F₂) und den ursprünglichen Populationen (S₀)

Sequenzressourcen

Erstellung von *de novo* Flint Referenzsequenzen²

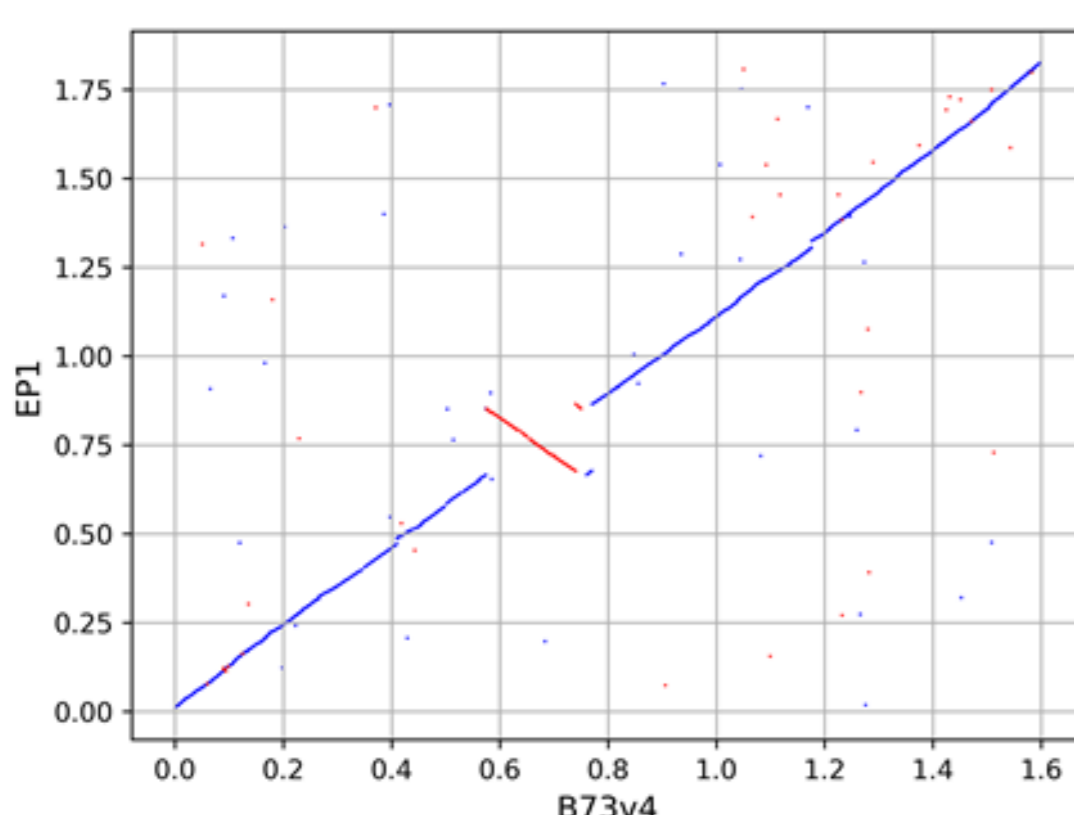


Abb. 4: Abgleich von Sequenzpositionen entlang Chromosom 9 zwischen einer Dent (B73v4) und Flint (EP1) Linie

Kombinierte Datenanalyse

- Assoziationskartierung
- Analyse von Genfunktionen
- Netzwerkanalyse
- Haplotypen-Variation
- Genetische Bürde

Phänotypisierung

Mehrjährige und mehrortige Feldversuche, Aufzeichnung von Wetterdaten



Abb. 3: Feldversuch 2017 in Roggenstein

Nutzung nativer Biodiversität in der Züchtung

¹ Mayer M, Unterseer S, Bauer E, de Leon N, Ordas B, Schön C-C, Theor Appl Genet, 2017, doi: 10.1007/s00122-017-2959-4

² Unterseer S, Seidel MA, Bauer E, Haberer G, Hochholdinger F, Opitz N et al., bioRxiv, 2017, doi: 10.1101/103747