

## Verbesserung der Kältetoleranz von Mais

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

Eine erfolgreiche und ressourcenschonende Pflanzenproduktion unter zukünftig instabilen Temperatur- und Niederschlagsverteilungen erfordert eine verbesserte pflanzliche Stress-toleranz. Ziel unseres Projekts ist die Nutzung genetischer Ressourcen zur züchterischen Anpassung einer der wichtigsten Nutzpflanzen Bayerns an die Folgen des Klimawandels.

Eine Verbesserung der Mais-Kältetoleranz ermöglicht frühere Aussaattermine und eine raschere Jugendentwicklung zu Beginn der Vegetationsperiode. Eine schnelle Bodenbedeckung trägt wesentlich zur Verminderung von witterungsbedingter Bodenerosion und zur Reduzierung der Nährstoffauswaschung bei und ermöglicht Einsparungen im Herbizideinsatz. Zudem kann die Pflanze die Vegetationsperiode effizienter nutzen und die Auswirkungen von Sommertrockenheit durch eine frühere Blüte vermeiden. In unserem Projekt wollen wir genetische Faktoren identifizieren, die an der Ausprägung von Kältetoleranz beteiligt sind. Das heutige Mais-Elitematerial zeigt nur wenig genetische Variation für dieses Merkmal. Deshalb nutzen wir in unseren Untersuchungen die genetische Vielfalt von Landrassen, die sich über Jahrhunderte optimal an lokale Klimaverhältnisse angepasst haben und ein hohes Potential zur Verbesserung der pflanzlichen Stresstoleranz tragen.

Unsere Analysen von 35 europäischen Landrassen zeigten, dass es für die Erforschung von Kältetoleranz vielversprechender ist, große Stichproben aus einer kleinen Auswahl an Landrassen zu untersuchen, anstatt jeweils kleine Stichproben aus möglichst vielen Landrassen zu ziehen<sup>1</sup>. Aus drei kältetoleranten Flint-Landrassen (Hartmais) wurden zunächst rund 1000 genetisch stabile Linien erzeugt. Alle Linien wurden 2017 an zwei Standorten getestet und zeigten eine große Variation für das Merkmal „Frühe Jugendentwicklung“. Um die genetische Grundlage dieser Variation aufzuspüren, haben wir die Linien mit einem hochauflösenden Testverfahren auf molekularer Ebene analysiert. Auch molekular weist unser Versuchsmaterial eine hohe Variation auf und bietet daher beste Voraussetzungen, um die Regionen im Erbgut zu identifizieren, die die Kältetoleranz von Mais maßgeblich beeinflussen.



Abbildung: Feldversuch 2017

Als Basis für unsere weiterführenden Untersuchungen haben wir die weltweit erste Referenzsequenz für eine europäische Flint-Linie (EP1) erstellt<sup>2</sup>. Diese Sequenz ermöglicht eine präzise molekulare Analyse des Flint-Landrassenmaterials.

<sup>1</sup> 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

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