

Trockenstresstoleranter Weizen

Sepideh Jafarian^{1,2}, Manuel Geyer¹, Franz Buegger², Klaus F.X. Mayer^{2,3}, Nadia Kamal^{2,3}, Jörg-Peter Schnitzler², Manuel Spannagl², Lorenz Hartl¹

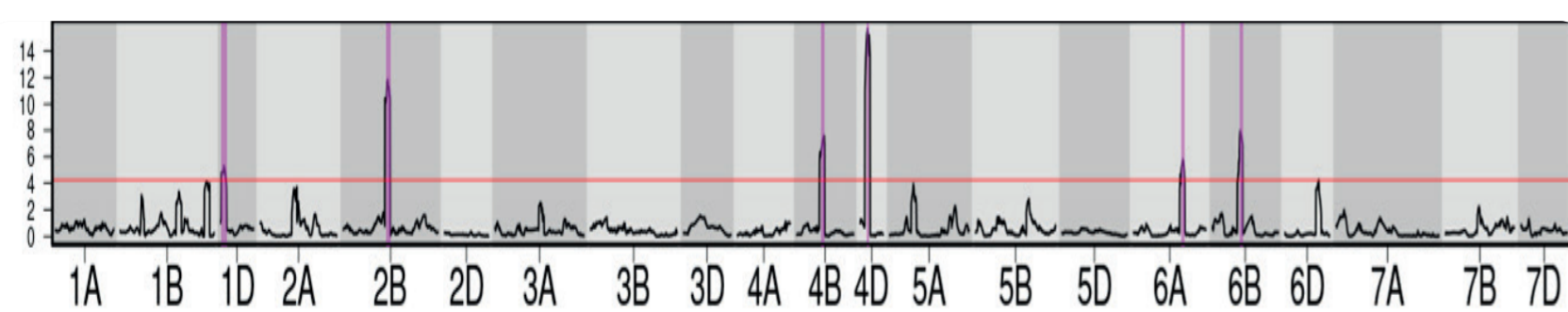
¹LfL, Bayerisches Forschungszentrum für Landwirtschaft, ²Helmholtz Zentrum München, ³Technische Universität München

Motivation und Ziele



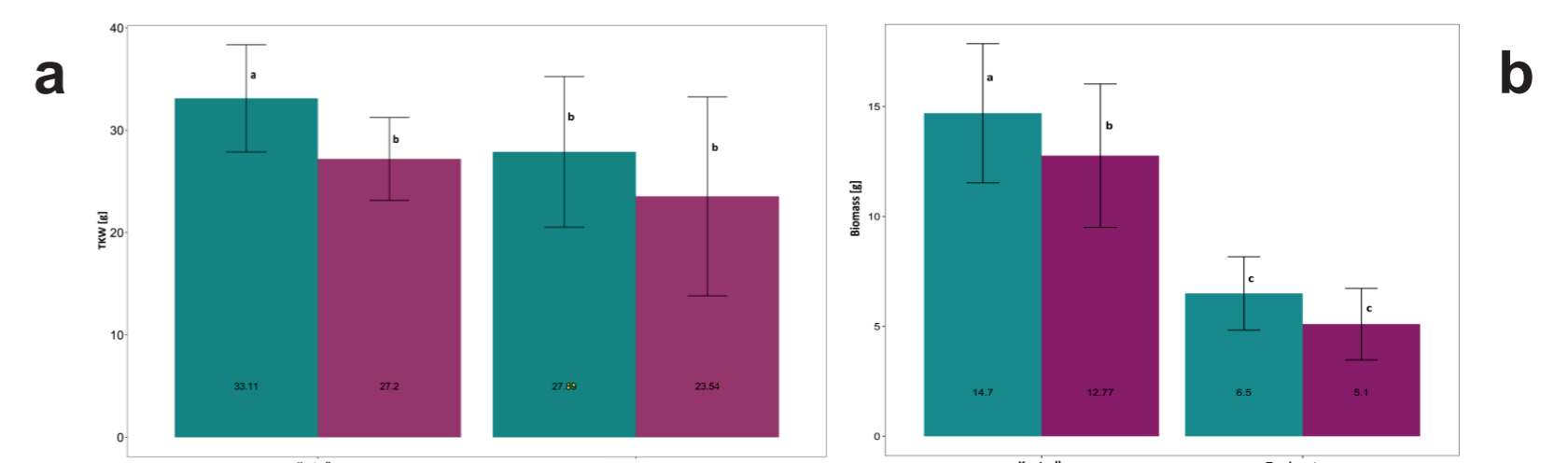
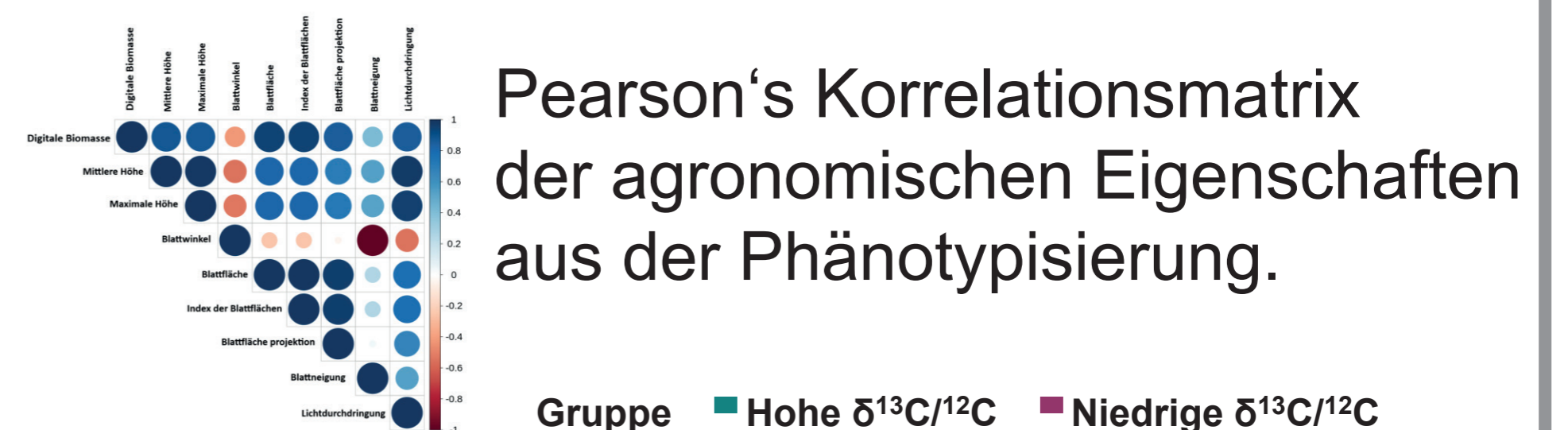
Klimawandel und Dürreperioden stellen eine zunehmende Bedrohung für den Ertrag von Winterweizen dar. Vor diesem Hintergrund ist es wichtig, die molekularen Grundlagen und Mechanismen von Trockenstresstoleranz in Weizen aufzuklären. Von besonderer Bedeutung hierbei ist die Identifizierung von beteiligten Genen, welche als Marker sowie direkt in Züchtungsprogrammen eingesetzt werden können. Im Projekt^[1] nutzten wir die Bayerische Magic Wheat Population (BMW)^[2], um die Diversität von Trockenstresstoleranz im lokalen Material zu studieren. Dabei nutzen wir Isotopendiskriminierung ($\delta^{13}\text{C}/^{12}\text{C}$) als physiologisches Merkmal für die intrinsische Wassernutzungsfähigkeit (iWNE) in Weizen.

Genomische Marker für WNE



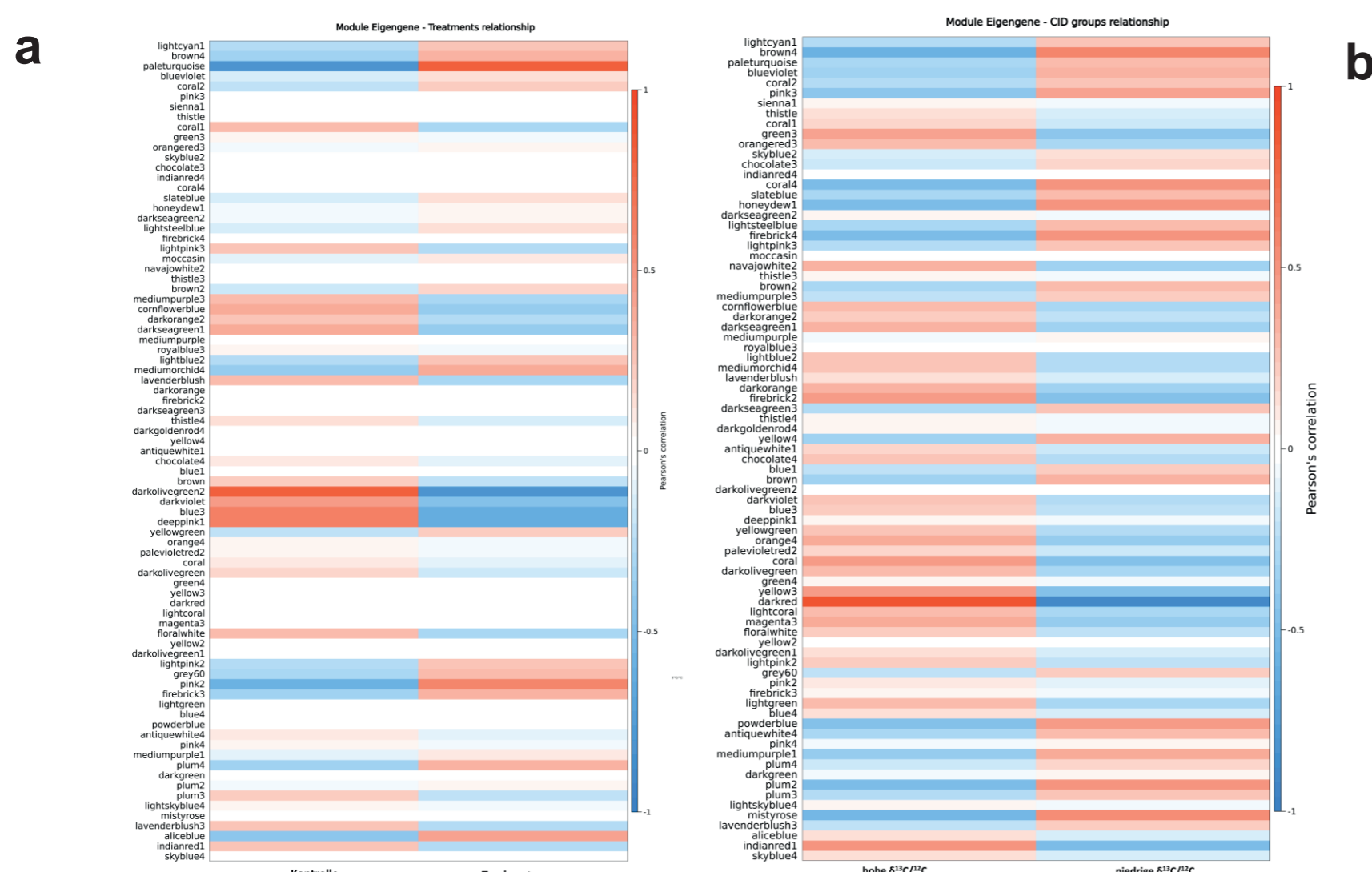
Die genomweite Assoziationsstudie identifizierte sechs signifikante genomische Regionen mit Bezug zu $\delta^{13}\text{C}/^{12}\text{C}$. Diese können als genetische Marker für Trockenstresstoleranz dienen. Für das Projekt wurden die Extremsorten in Bezug auf $\delta^{13}\text{C}/^{12}\text{C}$ selektiert, und unter Trockenstress und Kontrollbedingungen phänotypisiert. →

Phänotypisierung der extremen Linien



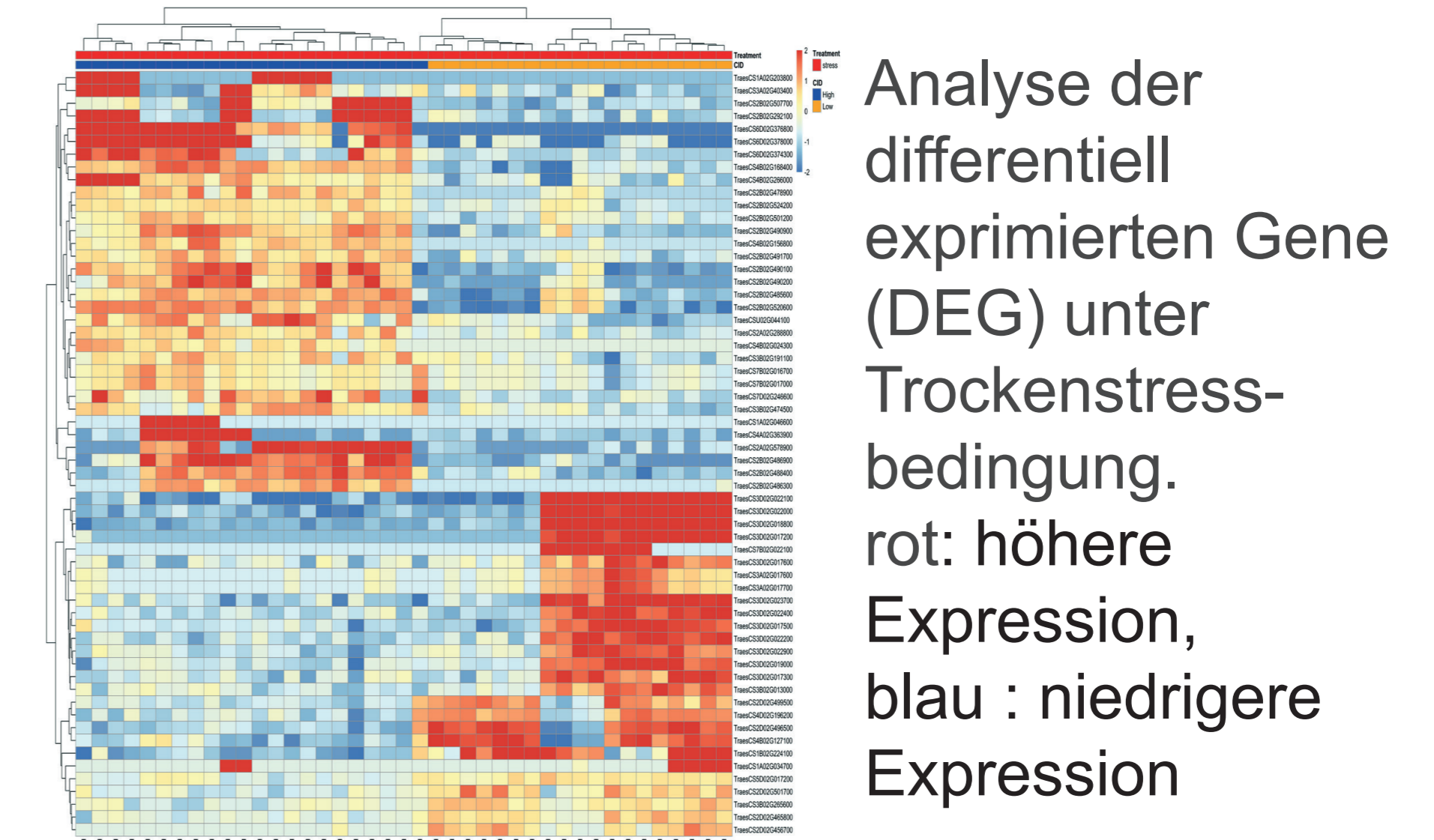
Biomasse (a) und Tausendkorngewicht (TKG) (b)

Netzwerkanalyse der Kandidatengene



Korrelation der Eigengene der Module mit Stress- oder Kontrollbedingung (a) und $\delta^{13}\text{C}/^{12}\text{C}$ -Gruppen (b) Korrelation mit Expression: rot = positiv, blau = negativ

Kandidatengene für Trockenstresstoleranz



[1]: <https://www.bayklimafit.de/teilprojekte/projekt-2-1-1>
 [2]: Stadlmeier M, Hartl L, Mohler V. Usefulness of a Multiparent Advanced Generation Intercross Population With a Greatly Reduced Mating Design for Genetic Studies in Winter Wheat. Front Plant Sci. 2018 Dec 6;9:1825.doi: 10.3389/fpls.2018.01825.