

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

¹ Bayerische Landesanstalt für Landwirtschaft, ² Helmholtz Zentrum München,
³ Technische Universität München

Winterweizen ist neben Mais die bedeutendste landwirtschaftliche Kulturpflanze in Bayern und reagiert auf klimatische Veränderung, wie z. B. Trockenheit, besonders empfindlich. Während der letzten Sommer wurden zum Teil dramatische Ertragseinbußen beim Winterweizen verzeichnet. Ausgehend von aktuellen Klimavorhersagen muss zunehmend mit ausgeprägten und langanhaltenden niederschlagsarmen Phasen insbesondere im Frühjahr und Frühsommer gerechnet werden. Aus diesem Grund gewinnt nun die Widerstandsfähigkeit gegenüber klimabedingten Stressfaktoren zunehmend an Bedeutung. Das Merkmal „Trockentoleranz“ ist von mehreren Faktoren abhängig und kann sich zwischen einzelnen Weizenpflanzen innerhalb einer Population und zwischen Pflanzen verschiedener Weizensorten sowohl im Zeitpunkt/Pflanzenstadium als auch der Ausprägung unterscheiden. Vor diesem Hintergrund erscheint es besonders wichtig, die molekularen Faktoren und Gene zu finden, die an der Ausprägung der Trockentoleranz beteiligt sind.



Abbildung: links: Weizenpflanzen in der Phänotypisierungsanlage; rechts: Versuchspartellen mit Weizenlinien aus der BMW-Population.

Dazu nutzten wir die Bayerische Magic Wheat (BMW)-Population der Bayerischen Landesanstalt für Landwirtschaft, die einen hohen Anteil der genetischen Vielfalt des für Bayern relevanten Zuchtmaterials abdeckt. Die in dieser Weizenpopulation vorhandene Vielfalt in der Trockenstresstoleranz wurde im Projekt mit Hilfe der Isotopendiskriminierung ($\delta^{13}\text{C}/^{12}\text{C}$) als physiologisches Merkmal für die intrinsische Wassernutzungsfähigkeit (iWUE) systematisch untersucht. Die Ergebnisse identifizierten insgesamt sechs verschiedene genomische Regionen, welche nun als Marker für die iWUE der verschiedenen Weizensorten genutzt werden können. Die im Hinblick auf ihre iWUE „extremsten“ Weizensorten wurden anschließend unter kontrollierten Stressbedingungen anhand verschiedener Pflanzenmerkmale umfassend charakterisiert. Dabei konnten wir signifikante Unterschiede in wichtigen agronomischen Merkmalen wie z. B. Biomasse sowohl zwischen Kontroll- und Stressbedingungen als auch zwischen den Gruppen mit hoher und niedriger iWUE feststellen. Die vergleichende Analyse der Genexpressionen aus diesem Experiment sowie eine anschließende Netzwerkanalyse identifizierte schließlich Kandidatengene im Weizengenom, welche nun als genetische Marker für Trockenstresstoleranz in Züchtungsprogrammen eingesetzt werden können.