

Kulturpflanzen für zukünftige Herausforderungen FIT MACHEN

Frank Ordon, Anne Bartelmann, Sylvia Seddig, Antje Habekuß (Quedlinburg)

Im Jahr 2050 müssen die Agrarflächen der Welt rund 9 Milliarden Menschen ernähren. Verschärft wird diese Situation durch die zunehmende Nutzung von Flächen für die Erzeugung nachwachsender Rohstoffe und für die Bioenergiegewinnung, durch sich ändernde Verzehrsgewohnheiten vor allem in den Schwellenländern, und insbesondere durch den Klimawandel. In Deutschland wird der Klimawandel – regional unterschiedlich – im Wesentlichen durch mildere und feuchtere Winter bzw. trockenere und wärmere Frühsommer- und Sommermonate gekennzeichnet sein.

Dies wirkt sich einerseits auf die Erntemenge und die Qualität der Ernteprodukte aus und andererseits auf das Auftreten von Schaderregern. Um auch unter diesen Voraussetzungen eine leistungsfähige Pflanzenproduktion zu gewährleisten, müssen unsere Kulturpflanzen genetisch an die sich ändernden Bedingungen angepasst werden – eine große Aufgabe für die Pflanzenzüchtung und die Pflanzenzüchtungsforschung.

Pflanzenzüchterisches Instrumentarium

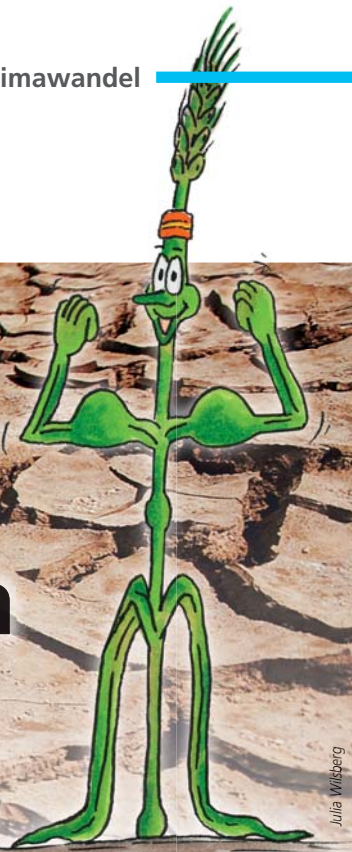
Ausgangspunkt jeder pflanzenzüchterischen Tätigkeit ist die Erfassung der genetischen Variation im primären, sekundären oder tertiären Genpool einer Kulturart, das heißt in der Kulturart selbst (primärer Genpool) und deren verwandten Arten. Die Nutzung des Genpools benachbarter Arten, welche durch eine eingeschränkte bzw. nicht vorhandene Kreuzbarkeit mit den Kulturarten begrenzt ist, wird heute durch Zell- und Gewebekulturtechniken wie Embryo Rescue oder Protoplastenfusion möglich. Hierbei werden aus Zellverbänden oder einzelnen Zellen ganze Pflanzen regeneriert oder zellwandlose Zellen werden miteinander verschmolzen und dadurch ihr genetisches Material kombiniert. Schließlich erlauben es gentechnische Verfahren, genetische Variation zu schaffen, die weit über das mit anderen Verfahren zu erzielende Maß hinausgeht.

Sind entsprechende erwünschte Eigenschaften identifiziert, stehen heute Antheren- und Mikrosporenkulturtechniken zur Verfügung, die es ermöglichen, aus haploiden Zellen reinerbige diploide Pflanzen zu regenerieren.

Durch diese sowie durch molekulare Markertechniken, die die Variation direkt auf DNA-Ebene erfassen, können diese Eigenschaften im Selektionsprozess schneller genutzt werden. Bedingt durch eine ständige Weiterentwicklung der Markertechnologien (Hochdurchsatz-Markertechnologien) und der Sequenzierungstechniken werden auch bei unseren Kulturarten in absehbarer Zeit hochdichte Markerkarten bzw. komplette Genom-Informationen zur Verfügung stehen, welche es erlauben, beschleunigt Gene bzw. genetische Netzwerke zu identifizieren, die einer entsprechenden Merkmalsausprägung zugrunde liegen (Abb. 1). Diese Fortschritte ermöglichen es, schneller und gerichteter auf die künftigen Herausforderungen zu reagieren. Die BMELV-Fachtagung „Landwirtschaft 2025 – Anforderungen an den effizienten Pflanzenbau“ im Februar 2011 gab hier einen detaillierten Überblick.

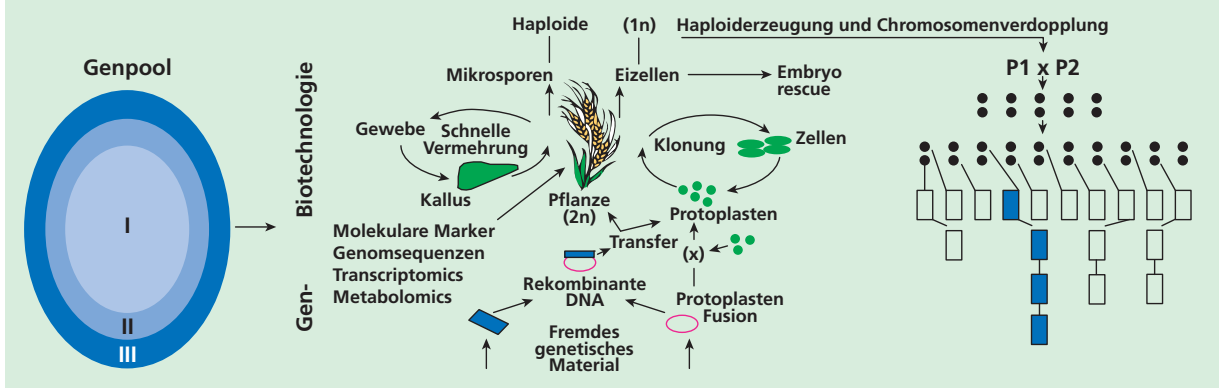
Anpassung an den Klimawandel – Ausgewählte Beispiele

Unter Nutzung dieses Instrumentariums werden am Institut für Resistenzforschung und Stresstoleranz des Julius Kühn-Instituts verschie-



Julia Witzberg

Abb. 1: Überblick über Einsatzmöglichkeiten biotechnologischer Verfahren zur Nutzung genetischer Variation in der Pflanzenzüchtung (mod. Friedt und Ordon 2006)



dene Projekte bearbeitet, um die wissenschaftlichen Grundlagen zu legen, unsere Kulturpflanzen an die sich ändernden Klimabedingungen genetisch anzupassen. Beispielsweise werden umfangreiche Untersuchungen bei Kartoffel, Gerste, Weizen, Ackerbohne und Raps durchgeführt, um Genom-Regionen zu identifizieren, die an der Trockentoleranz beteiligt sind. Zu diesem Zweck werden verschiedene Genotypen dieser Kulturarten mehrjährig in Rain-Out-Shelter-Versuchen (Abb. 2) unter Trockenstress gesetzt und Parameter wie der Chlorophyllgehalt, die Chlorophyllfluoreszenz, der Gehalt löslicher Zucker, der Prolinegehalt, die Ertragsleistung sowie weitere Merkmale erfasst. Diese Versuche finden in einer gestressten und einer bewässerten Kontrollvariante statt. Parallel zu dieser Phänotypisierung (= Charakterisierung der äußeren Merkmale und Eigenschaften) werden die entsprechenden Genotypen mit molekularen Markern analysiert, die das gesamte Genom abdecken. Im nächsten Schritt wird mit statistischen Verfahren (Assoziationsgenetik) die Variation in der Trockentoleranz mit Unterschieden auf der DNA-Ebene assoziiert. Auf diese Weise lassen sich molekulare Marker identifizieren, die an der Ausprägung der Trockentoleranz beteiligt sind und die in einem folgenden Schritt für eine effektive Selektion auf Trockentoleranz auf DNA-Ebene genutzt werden können.

Die Kartoffel, eine für die Welternährung bedeutsame Kulturpflanze, reagiert besonders sensibel auf Trocken- und Hitzestress. In umfangreichen Analysen zur Trockenstresstoleranz der Kartoffel wurden an unserem Institut deutliche genotypische Unterschiede im



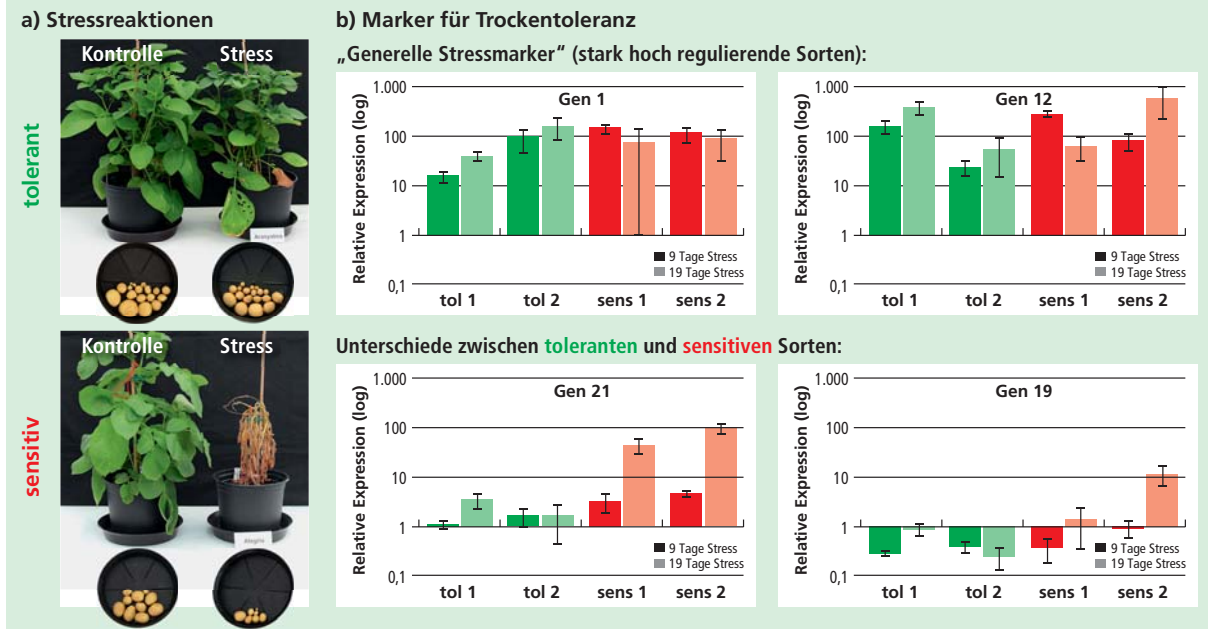
Abb. 2: Erfassung der Trockentoleranz verschiedener Weizengentypen in Rain-Out-Shelter-Versuchen

Hinblick auf die physiologischen Parameter, aber auch hinsichtlich der Ertragsleistung festgestellt. So wurden einige Genotypen nach Trockenstress irreversibel welk (seneszent), während andere nach erneuter Wassergabe vollständig regenerierten (Abb. 3A). Diese genotypischen Unterschiede spiegeln sich auch in den Ertragsleistungen wider, die in einem weiten Rahmen um 10–70 % zurückgingen. Während für einige Gene, die mit der Trockenstresstoleranz in Verbindung stehen, in Real Time PCR-Analysen keine bzw. nur geringe genotypische Unterschiede in der Expression nachgewiesen werden konnten, wurden auch Gene identifiziert, die differentiell in toleranten bzw. sensiblen Genotypen exprimiert werden (Abb. 3B). Diese werden nun auf einem breiten Genotypenspektrum, dessen Reaktion auf Trockenstress bekannt ist, analysiert. Im Rahmen dieses Projektes konnte somit gezeigt werden, dass im primären Genpool der Kartoffel genetische Variation hinsichtlich Trockenstresstoleranz auf phänotypischer und molekularer Ebene vorhanden und für eine Verbesserung der Trockentoleranz nutzbar ist.

Der Klimawandel erfordert jedoch nicht nur, bei uns bereits etablierte Kulturarten züchterisch anzupassen – auch Pflanzenarten, die künftig unter veränderten Klimabedingungen eine Rolle spielen könnten, müssen bearbeitet werden. Vor diesem Hintergrund werden Arbeiten zur Verbesserung der Kühltoleranz der Sojabohne bzw. der Winterhärte der Ackerbohne durchgeführt. Diese Arbeiten sind nicht nur im Hinblick auf die Anpassung an veränderte Produktionsbedingungen und einer Auflockerung der Fruchtfolge von Interesse, sondern können unter Umständen auch einen Beitrag leisten, die ‚Eiweißlücke‘ in Deutschland zu schließen.

Trockenheit während der Frühlings- und Sommermonate wirkt nicht nur durch den reinen Wassermangel ertragslimitierend, sie lässt auch die Nährstoffe schlechter verfügbar werden. In diesem Zusammenhang ist die Fähigkeit der Pflanzenwurzel, eine Symbiose mit Pilzen einzugehen (Mykorrhiza), interessant. Mit den Pflanzenwurzeln vergesellschaftete Pilze ermöglichen der Pflanze, Nährstoffe besser zu mobilisieren und das im Boden vorhandene Wasser besser zu nutzen. Im Institut werden genotypische Unterschiede hinsichtlich der Fähigkeit des Weizens, sich mit solchen Pilzen „zu vernetzen“ („Mykorrhizierbarkeit“), erfasst. Dabei soll die Frage geklärt werden, inwieweit Mykorrhiza in Abhängigkeit vom Genotyp die

Abb. 3: Phänotypisierung von Kartoffelgenotypen unter dem Einfluss von Trockenstress (A) und Identifikation von Genen, die an der Trockentoleranz beteiligt sind (B)



Trockenstresstoleranz erhöhen und die Nährstoffaufnahme unter diesen Bedingungen verbessern kann. Diese Unterschiede könnten dann gezielt züchterisch genutzt werden.

Der ursächlich für den Klimawandel verantwortliche steigende CO₂-Gehalt hat prinzipiell zunächst einen positiven Effekt auf das Pflanzenwachstum (sog. CO₂-Düngeeffekt). Gemeinsam mit dem Institut für Biodiversität des Johann Heinrich von Thünen-Instituts (vTI) wird der Frage nachgegangen, ob es genetische Unterschiede in der Ausnutzung des CO₂-Düngeeffektes in der Gerste gibt und welche Regionen im Gersten-Genom in diesem Fall dafür verantwortlich sind. Der Klimawandel wird nicht nur direkte Auswirkungen auf das Pflanzenwachstum haben, auch das Auftreten von Schaderregern hängt mit ihm zusammen: Einerseits ist mit dem Vordringen wärmeliebender Pathogene nach Norden zu rechnen, andererseits wird sich die Bedeutung bereits etablierter Schaderreger verschieben. Vor diesem Hintergrund gilt es, Resistenzen gegen Pilze, Bakterien, Viren sowie Insekten zu identifizieren, die Genetik der Resistenz aufzuklären und

molekulare Marker zu entwickeln, die es erlauben, diese Resistenzen beschleunigt in adaptiertes Material einzubringen bzw. Strategien zu entwickeln, die zu dauerhafteren und wirksameren Resistenzen führen. Der Klimawandel wird – bedingt durch mildere Herbst- und Wintermonate – zu einer steigenden Bedeutung insektenübertragener Viren führen. Konkretes Beispiel: das von Blattläusen übertragene *Barley yellow dwarf virus* (BYDV), welches erhebliche Ertragsverluste in Gerste und Weizen verursachen kann, sodass in diesem Bereich eine Verbesserung der Resistenz als Reaktion auf den Klimawandel erforderlich ist. Nachdem zunächst doppelhaploide (DH)-Gerstenlinien erstellt wurden und diese auf das Vorhandensein der positiven bzw. negativen Allele von drei an der BYDV-Toleranz beteiligten Loci analysiert wurden, konnte gezeigt werden, dass DH-Linien mit drei positiven Allelen (Genvarianten) an den entsprechenden Loci deutlich weniger auf eine BYDV-Infektion reagieren (Abb. 4). Zudem führt die Kombination der Loci *Ryd2* und *Ryd3* zu einem niedrigeren Virusgehalt, das heißt zu einer quantitativen Resistenz.

Diese wenigen hier aufgeführten Beispiele mögen belegen, dass die Züchtungsforschung an Kulturpflanzen einen wesentlichen Beitrag liefern kann, den Herausforderungen der Zukunft zu begegnen. Sie liefert die wissenschaftlichen Grundlagen, die Variation in den genetischen Ressourcen zu erfassen und effektiv im Hinblick auf die Anpassung unserer Kulturarten an veränderte Klimabedingungen nutzbar zu machen. ■



Abb. 4: BYDV-Toleranz/Resistenz in Wintergerste. Reaktion einer Linie mit den positiven Allelen (*Ryd2*, *Ryd3*, QTL+, rechts) im Vergleich zu einer Linie mit den negativen Allelen (*ryd2*, *ryd3*, OTL-, links) nach experimenteller Virus-Inokulation im Feld.



PD Dr. Frank Ordon, Anne Bartelmann, Dr. Sylvia Seddig, Dr. Antje Habeck, Julius Kühn-Institut, Institut für Resistenzforschung und Stresstoleranz, Erwin-Baur-Str. 27, 06484 Quedlinburg. E-Mail: frank.ordon@jki.bund.de