

Gwendolin Wehner¹, Heike Lehnert¹, Christiane Balko¹, Albrecht Serfling¹, Dragan Perovic¹, Antje Habekuß¹, Esther Mitterbauer^{1,2}, Jürgen Bender², Hans-Joachim Weigel², Frank Ordon¹

Pflanzenzüchterische Anpassung von Kulturpflanzen an zukünftige Produktionsbedingungen im Zeichen des Klimawandels

Adaptation of crops to future growing conditions in the background of climate change

44

Einleitung

Am Anfang der pflanzlichen Produktionskette steht das Saat- bzw. Pflanzgut und damit dessen genetisch fixiertes Potential, im Verlauf der Vegetationsperiode unter den gegebenen Umweltbedingungen hohe und sichere Erträge mit der geforderten Qualität der Ernteprodukte zu realisieren. Der Pflanzenzüchtung bzw. der vorgelagerten Pflanzenzüchtungsforschung kommt somit im Hinblick auf die Bewältigung zukünftiger Herausforderungen eine besondere Bedeutung zu. Im Jahre 2050 sind ca. 9 Mrd. Menschen zu ernähren. Verschärft wird diese Situation durch die zunehmende Nutzung von Flächen für die Erzeugung nachwachsender Rohstoffe und für die Bioenergiegewinnung, durch sich verändernde Verzehrsgewohnheiten vor allem in den Schwellenländern, und insbesondere durch den Klimawandel (TESTER und LANGRIDGE, 2010). Der Klimawandel wird – regional unterschiedlich – in Deutschland im Wesentlichen durch mildere und feuchtere Winter bzw. trockenere und wärmere Frühlings- und Sommermonate gekennzeichnet sein (KASPAR et al., 2017). Darüber hinaus sind eine stärkere Variabilität des Klimas und das vermehrte Auftreten von Witterungsextremen wie insbesondere Hitzetage und Dürreperioden zu erwarten (GÖMANN et al., 2017). Dies hat einerseits Auswirkungen auf die Erntemenge und die Qualität der Ernteprodukte selbst und andererseits auf das Auftreten von Schaderregern (WHITE et al., 2011). Um auch unter diesen Bedingungen eine leistungsfähige

bzw. effiziente Pflanzenproduktion zu gewährleisten, gilt es, unsere Kulturpflanzen genetisch an diese sich verändernden Produktionsbedingungen anzupassen. Anhand der bedeutenden Kulturpflanzen Weizen und Gerste werden im Folgenden exemplarisch entsprechende Möglichkeiten aufgezeigt.

Verbesserung der Trockenstresstoleranz

Im Rahmen des Klimawandels gewinnt die Toleranz gegenüber Trockenstress auch in Deutschland zunehmend an Bedeutung. Durch die durch Trockenstress ausgelöste frühzeitige Blattseneszenz kommt es zu einem Abbruch der Photosynthese und frühzeitig zu Umlagerungsprozessen von gespeicherten Assimilaten in das Korn (LIM et al., 2007). Da eine Phänotypisierung auf Trockenstress und Seneszenz in den Züchtungsprozess der Gerste (*Hordeum vulgare* L.) nur schwer zu integrieren ist, sind markergestützte Selektionsverfahren von Vorteil. Im Rahmen der Markerentwicklung stellen heute genomweite Assoziationsstudien (GWAS) ein effizientes Werkzeug dar (ZHU et al., 2008), um Marker zu identifizieren, die mit Trockenstress- oder Blattseneszenzparametern in juveniler Gerste assoziiert sind. Unter Nutzung eines effizienten Screeningverfahrens zur Phänotypisierung der Trockenstressreaktion und dadurch induzierter Blattseneszenz (WEHNER et al., 2016b), konnten signifikante Unterschiede in der genotypischen Reaktion auf Trockenstress in 156

Institut

Julius Kühn-Institut – Bundesforschungsinstitut für Kulturpflanzen, Institut für Resistenzforschung und Stresstoleranz, Quedlinburg¹
Thünen-Institut, Institut für Biodiversität, Braunschweig²

Kontaktanschrift

Prof. Dr. Frank Ordon, Julius Kühn-Institut, Bundesforschungsinstitut für Kulturpflanzen, Institut für Resistenzforschung und Stresstoleranz, Erwin-Baur-Str. 27, 06484 Quedlinburg

Zur Veröffentlichung angenommen

21. Dezember 2016

Wintergerstegenotypen nachgewiesen werden (Abb. 1, WEHNER et al., 2015). Anhand dieser Daten und 3.212 SNP Markern des Illumina 9k iSelect Chips wurden GWAS durchgeführt und es konnten für die analysierten Merkmale 47 QTL für die Reaktion auf Trockenstress identifiziert werden (WEHNER et al., 2015). Dabei wurden auf Chromosom 2H und auf Chromosom 5H zwei QTL-Regionen lokalisiert, in denen QTL für unterschiedliche Merkmale, wie Biomasse und Chlorophyllgehalt nachgewiesen wurden. Es konnte gezeigt werden, dass in diesen Regionen Gene lokalisiert sind, welche für Proteine kodieren, die in die Reaktion auf Trockenstress involviert sind. Vier dieser Gene zeigten zudem eine differentielle Expression und es wurden entsprechend fünf eQTL identifiziert (WEHNER et al., 2016a). Die mit den QTL auf Chromosom 2H und 5H assoziierten Marker ermöglichen eine Selektion auf Trockenstresstoleranz und Blattseneszenz in der Gerstenzüchtung.

Nutzung von Mykorrhizasymbiosen

Weizen (*Triticum aestivum*) ist eine der weltweit wichtigsten Kulturpflanzen für die menschliche Ernährung. Die Zunahme von Trockenperioden einhergehend mit reduzierter Nährstoffverfügbarkeit führt zu erheblichen Ertragsverlusten, und stellt daher eine Herausforderung für die Pflanzenzüchtung im Hinblick auf eine Anpassung an veränderte Klimabedingungen dar. Dies kann einerseits durch eine züchterische Verbesserung der Trockenstresstoleranz per se, d.h. die Identifikation und Selektion trockenstresstoleranter Weizengenotypen erfolgen, jedoch könnte auch die gezielte Nutzung von Mykorrhizasymbiosen durch die Selektion von Weizengenotypen, welche von der Symbiose mit Mykorrhizapilzen unter Stressbedingungen profitieren (DAEI et al., 2009), einen weiteren Ansatz zur Verbesserung der Stresstoleranz von Weizen darstellen. Um genetische Unterschiede des Weizens bezüglich der Fähigkeit zur Symbiose mit wurzelendopytisch wachsenden Pilzen zu identifizieren, sowie den Einfluss der Symbiose auf die Kornertragsbildung

unter Trockenstressbedingungen zu untersuchen und mittels assoziationsgenetischer Studien Genomregionen zu identifizieren, welche in diese Merkmale involviert sind, wurden in zweijährigen Trockenstressversuchen unter Gewächshausbedingungen 103 Weizengenotypen unter Trockenstress- (Maximale Wasserkapazität 25%, MWK) und Normalbedingungen (75% MWK) auf genotypische Unterschiede in der Trockenstresstoleranz und die Fähigkeit zur Symbiose mit Mykorrhizapilzen (*Rhizophagus intraradices*, *Claroideoglomus claroideum* und *Claroideoglomus etunicatum*) untersucht. Dabei zeigten sich eine breite genotypische Variation für das Merkmal Mykorrhizierung und es konnten signifikante Ertragsunterschiede zwischen der mykorrhizierten und nicht mykorrhizierten Variante unter Trockenstressbedingungen nachgewiesen werden. Die Mehrzahl der untersuchten Genotypen reagierte mit Ertragssteigerung unter Trockenstressbedingungen auf die Mykorrhizierung. Durch genomweite Assoziationsstudien konnten Genomregionen identifiziert werden, die mit der Mykorrhizierung der Weizenwurzel, bzw. dem Ertrag unter Trockenstressbedingungen assoziiert sind und somit eine Nutzung dieses Merkmals in der Züchtung erlauben.

Anpassung an steigende CO₂-Konzentration

Der Klimawandel ist zudem durch eine kontinuierlich zunehmende CO₂-Konzentration in der Atmosphäre gekennzeichnet, die einen positiven Einfluss auf die C3-Photosynthese hat und – bei ausreichender Wasserversorgung – zu einem Anstieg der Biomasse und des Ertrages bei C3-Pflanzen führt (KIMBALL, 2016). Bisher ist das Wissen über genotypische Unterschiede in der Ausnutzung dieser steigenden CO₂-Konzentration limitiert (MANDERSCHIED und WEIGEL, 1997; ZISKA et al., 2012). In dreijährigen Feldversuchen in sogenannten „Open-Top-Kammern“ unter natürlicher CO₂-Konzentration und zukünftig prognostizierter CO₂-Konzentration von 700 ppm, konnte in Zusammenarbeit mit dem Thünen-Institut gezeigt werden, dass in den 100 analysierten

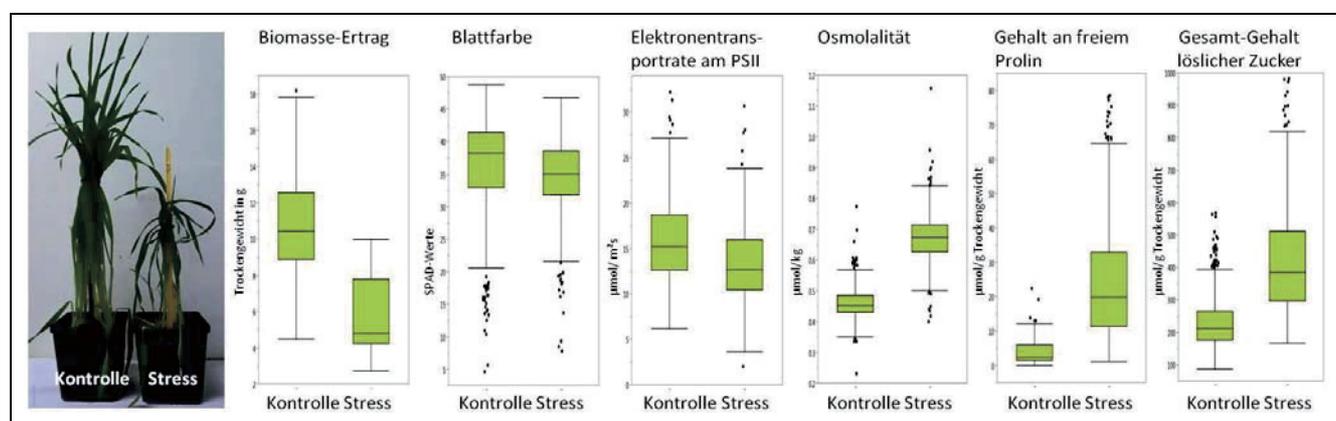


Abb. 1. Gerstenpflanzen zum Zeitpunkt der Phänotypisierung und Ergebnisse der Phänotypisierung unter Kontroll- und Trockenstressbedingungen aus dreijährigen Gewächshausversuchen.

Wintergerstegenotypen eine hohe genetische Variation in der Ausnutzung erhöhter CO₂-Konzentrationen besteht. Bei ca. 75% der untersuchten Genotypen führte das erhöhte CO₂-Angebot zu Wachstums- und Ertragssteigerungen. Im Mittel über alle Genotypen und Versuchsjahre hinweg stieg der Kornertrag um 12% und die oberirdische Biomasse um 13%, wobei einzelne Genotypen wesentlich höhere Biomasse- und Ertragszuwächse erzielten. Eine ähnlich hohe intraspezifische Variabilität in der Reaktion auf die erhöhte CO₂-Konzentration zeigte sich bei Untersuchungen physiologischer Parameter, z.B. Blattchlorophyllgehalt und stabile Kohlenstoffisotope. In genomweiten Assoziationsanalysen wurden insgesamt 142 Marker-Merkmal-Assoziationen für 21 verschiedene Merkmale identifiziert. Jeweils 5 Marker zeigten eine signifikante Assoziation mit den Merkmalen Biomasse- und Ertragszuwachs unter erhöhter CO₂-Konzentration (MITTERBAUER et al., 2015).

Adaption neuer Kulturarten

Neben der Anpassung unserer heimischen Kulturarten an sich ändernde Klimabedingungen, kann eine Anpassung auch durch die Adaption neuer Arten an hiesige Bedingungen erreicht werden. In diesem Zusammenhang, sowie vor dem Hintergrund der Eiweißpflanzenstrategie des Bundesministeriums für Ernährung und Landwirtschaft (BMEL), stellt die Sojabohne eine interessante Alternative dar. Um diese auch in den weniger begünstigten Anbaugebieten Deutschlands zu etablieren, ist eine Verbesserung der Kühletoleranz notwendig. In ersten Untersuchungen konnten deutliche genotypische Unterschiede nachgewiesen werden und basierend auf diesen Daten zielen weitergehende Arbeiten auf die Identifikation molekularer Marker ab (BALKO et al., 2014).

Verbesserung von Resistenzen

Der Klimawandel wird jedoch nicht nur direkte Auswirkungen auf das Pflanzenwachstum haben, sondern auch auf das Auftreten von Schaderregern. In diesem Zusammenhang ist einerseits mit dem Vordringen wärmeliebender Pathogene nach Norden zu rechnen sowie andererseits mit einer Verschiebung der Bedeutung bereits etablierter Schaderreger. Dies gilt z.B. bedingt durch mildere Herbst- und Wintermonate für insektenübertragene Viren, wie dies bereits für das Blattlaus übertragene *Barley yellow dwarf virus* (BYDV), welches erhebliche Ertragsverluste in Gerste und Weizen verursachen kann, in Sachsen-Anhalt gezeigt werden konnte (HABEKUSS et al., 2009), so dass in diesem Bereich eine Verbesserung der Resistenz als Reaktion auf den Klimawandel erforderlich ist. Durch die Kombination von insgesamt drei Genen, welche Toleranz gegenüber BYDV bedingen, konnte gezeigt werden, dass Genotypen mit drei positiven Allelen an den entsprechenden Loci deutlich weniger auf eine BYDV-Infektion reagieren und zudem die Kombina-

tion dieser Loci zu einem niedrigeren Virusgehalt führt, d.h. quantitative Resistenz bedingt (RIEDEL et al., 2011).

Diese wenigen hier aufgeführten Beispiele mögen beleuchten, dass die Pflanzenzüchtungsforschung einen wesentlichen Beitrag liefern kann, den Herausforderungen der Zukunft (s.o.) zu begegnen, indem sie die wissenschaftlichen Grundlagen erarbeitet, die in genetischen Ressourcen vorhandene Variation zu erfassen und effektiv im Hinblick auf die Anpassung unserer Kulturarten an veränderte Klimabedingungen nutzbar zu machen.

Literatur

- BALKO, C., V. HAHN, F. ORDON, 2014: Kühletoleranz bei der Sojabohne (*Glycine max* (L.) Merr.) – Voraussetzung für die Ausweitung des Sojaanbaus in Deutschland. *Journal für Kulturpflanzen* **66** (11), 378-388.
- DAEL, G., M. ARDEKANI, F. REJALI, S. TEIMURI, M. MIRANSARI, 2009: Alleviation of salinity stress on wheat yield, yield components, and nutrient uptake using arbuscular mycorrhizal fungi under field conditions. *Journal of plant physiology* **166** (6), 617-625.
- GÖMANN, H., C. FRÜHAUF, A. LÜTTGER, H. WEIGEL, 2017: Landwirtschaft. In: *Klimawandel in Deutschland. Entwicklung, Folgen, Risiken und Perspektiven*, Hrsg. G.P. BRASSEUR, D. JACOB, S. SCHUCK-ZÖLLER, Berlin, Heidelberg, Springer, S. 183-191.
- HABEKUSS, A., C. RIEDEL, E. SCHLIEPHAKE, F. ORDON, 2009: Breeding for resistance to insect-transmitted viruses in barley – an emerging challenge due to global warming. *Journal für Kulturpflanzen* **61** (2), 53-61.
- KASPAR, F., H. MÄCHEL, D. JACOB, C. KOTTMEIER, 2017: Beobachtung von Klima und Klimawandel in Mitteleuropa und Deutschland. In: *Klimawandel in Deutschland. Entwicklung, Folgen, Risiken und Perspektiven*, Hrsg. G.P. BRASSEUR, D. JACOB, S. SCHUCK-ZÖLLER, Berlin, Heidelberg, Springer, S. 17-26.
- KIMBALL, B.A., 2016: Crop responses to elevated CO₂ and interactions with H₂O, N, and temperature. *Current opinion in plant biology* **31**, 36-43.
- LIM, P.O., H.J. KIM, H.G. NAM, 2007: Leaf senescence. *Annual Review of Plant Biology* **58**, 115-136.
- MANDERSCHIED, R., H. WEIGEL, 1997: Photosynthetic and growth responses of old and modern spring wheat cultivars to atmospheric CO₂ enrichment. *Agriculture, Ecosystems & Environment* **64** (1), 65-73.
- MITTERBAUER, E., J. BENDER, M. ERBS, A. HABEKUSS, F. ORDON, H.-J. WEIGEL, 2015: Growth and Genome-wide Association Analyses of 100 Field-grown Barley Genotypes Exposed to Future CO₂ Concentrations. *Procedia Environmental Sciences* **29**, 192-193.
- RIEDEL, C., A. HABEKUSS, E. SCHLIEPHAKE, R. NIKS, I. BROER, F. ORDON, 2011: Pyramiding of Ryd2 and Ryd3 conferring tolerance to a German isolate of Barley yellow dwarf virus-PAV (BYDV-PAV-ASL-1) leads to quantitative resistance against this isolate. *Theoretical and applied genetics* **123** (1), 69-76.
- TESTER, M., P. LANGRIDGE, 2010: Breeding technologies to increase crop production in a changing world. *Science* **327** (5967), 818-822.
- WEHNER, G., C. BALKO, M. ENDERS, K. HUMBECK, F. ORDON, 2015: Identification of genomic regions involved in tolerance to drought stress and drought stress induced leaf senescence in juvenile barley. *BMC Plant Biology* **15** (125).
- WEHNER, G., C. BALKO, K. HUMBECK, E. ZYPRIAN, F. ORDON, 2016a: Expression profiling of genes involved in drought stress and leaf senescence in juvenile barley. *BMC Plant Biology* **16** (1).
- WEHNER, G., C. BALKO, F. ORDON, 2016b: Experimental Design to Determine Drought Stress Response and Early Leaf Senescence in Barley (*Hordeum vulgare* L.). *Bio-protocol* **6** (5), e1749.
- WHITE, J.W., G. HOOGENBOOM, B.A. KIMBALL, G.W. WALL, 2011: Methodologies for simulating impacts of climate change on crop production. *Field Crop Res* **124** (3), 357-368.
- ZHU, C., M. GORE, E.S. BUCKLER, J. YU, 2008: Status and Prospects of Association Mapping in Plants. *Plant Genome* **1** (1), 5-20.
- ZISKA, L.H., J.A. BUNCE, H. SHIMONO, D.R. GEALY, J.T. BAKER, P.C. NEWTON, M.P. REYNOLDS, K.S.V. JAGADISH, C.W. ZHU, M. HOWDEN, L.T. WILSON, 2012: Food security and climate change: on the potential to adapt global crop production by active selection to rising atmospheric carbon dioxide. *Proceedings of the Royal Society of London B: Biological Sciences* **279**, 4097-4105, DOI: 10.1098/rspb.2012.1005.