

# Vom Klimastress zur Genfunktion

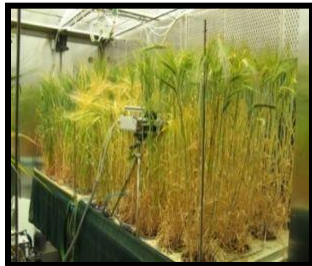
- genetische Analysen zur züchterischen Nutzung  
der genetischen Diversität bei Kulturpflanzen



Institut für Pflanzenbau und Pflanzenzüchtung

Dr. Günther Schweizer

**Kongress „Klimaforschung Bayern“**  
**Bayerisches Staatsministerium für**  
**Umwelt und Gesundheit**  
**24/25. Juni 2013 in München**



## ■ Existenzielle Herausforderung für die Landwirtschaft

- multifaktoriell
- Ziel: Ertragssicherheit & Intensivierung (Wachstum & Essgewohnheit)
- Abiotische Stress:
  - Frühjahrstrockenheit (Wachstum)
  - Sommertrockenheit (Blüte, Ertrag)
  - Kältetoleranz (frühe Aussaat)

## ■ Pflanzenzüchtung:

- Teller-, Tank-, Trog- Diversifizierung
- Entwicklung effizienter Selektionstechniken
- Nutzung der natürlichen genetischen Diversität
- Entwicklung molekularer Marker zur Selektion gegen abiotischen Stress (DNA-Test)

## ■ Zusammenfassung



## **Arbeitsschwerpunkt „Klimaänderung“ an der LfL in Freising:**

[http://www.lfl.bayern.de/arbeitschwerpunkte/klimaaenderung/28\\_arbeitsprogramm\\_klima.pdf](http://www.lfl.bayern.de/arbeitschwerpunkte/klimaaenderung/28_arbeitsprogramm_klima.pdf)

- Ziel 1: Monitoring und Folgenabschätzung
- Ziel 2a: Anpassung Züchtung
- Ziel 2b: Anpassung Produktionstechnik
- Ziel 3: Vermeidung klimaschädlicher Gase

### **Auszug laufender Verbundprojekte zu 2a:**

**„Klimatoleranz bei Gerste**

**– von der Induktion zur Genfunktion“**

**Finanzierung: Bay. StMELF; KL/08/06 und KL/12/06**

**Phenomics, Transcriptomics and Genomics:**

**Marker development and haplotype analysis for candidate genes related to drought stress tolerance**

**Finanzierung: BLE/BMELV; G 127/10 IF**

Energie

Umwelt

Klima

Nahrung

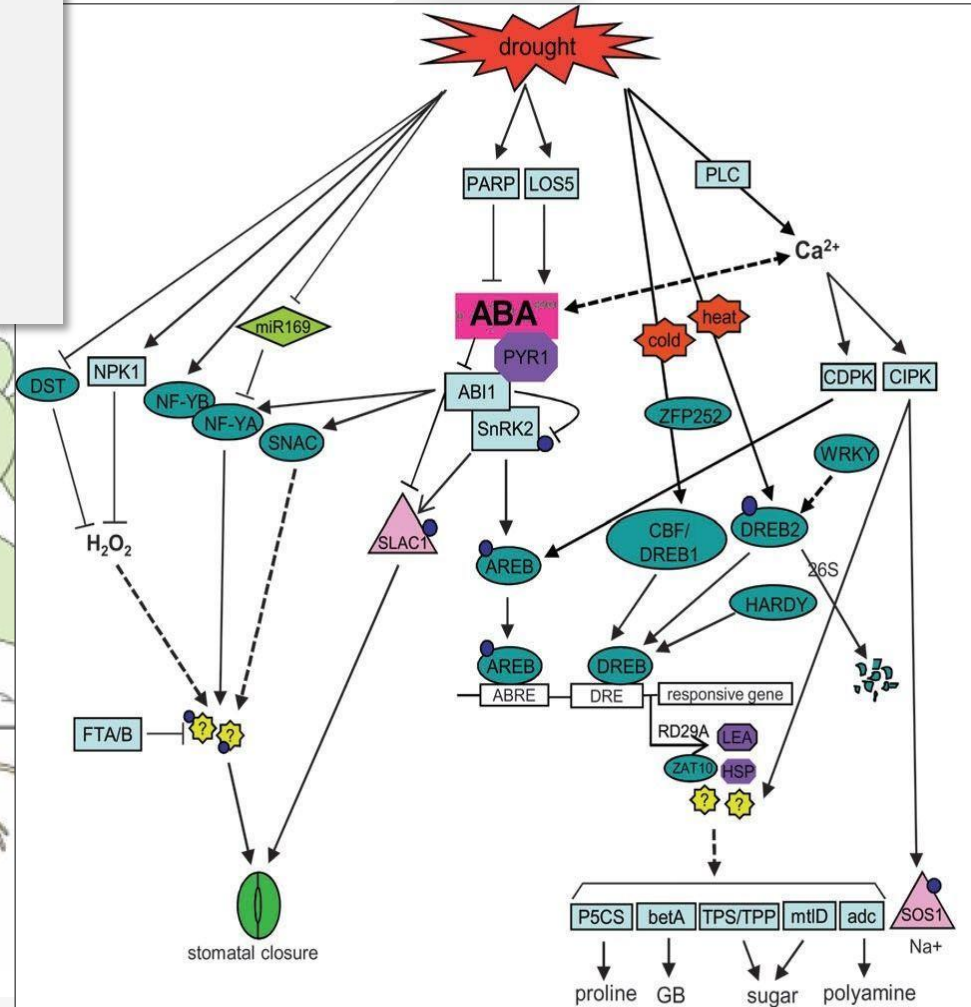
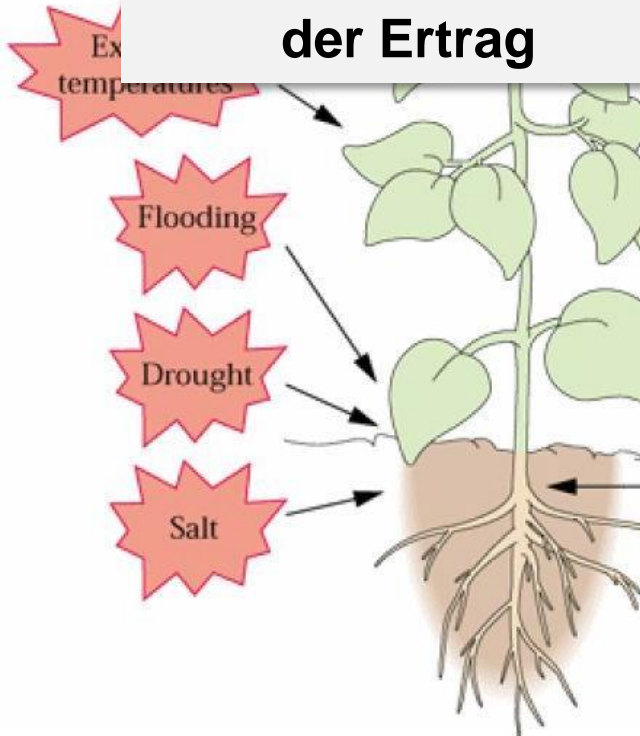
- Wie viele der „guten alten Sorten“ sind denn heute noch im Anbau ?
- Müssen wir **neue** Resistenzen und **bessere** Qualitäten nutzen ?
- Pflanze und **Klima-Stress** - kann sie weglaufen ?



# Regelkreis zur Anpassung an Stress

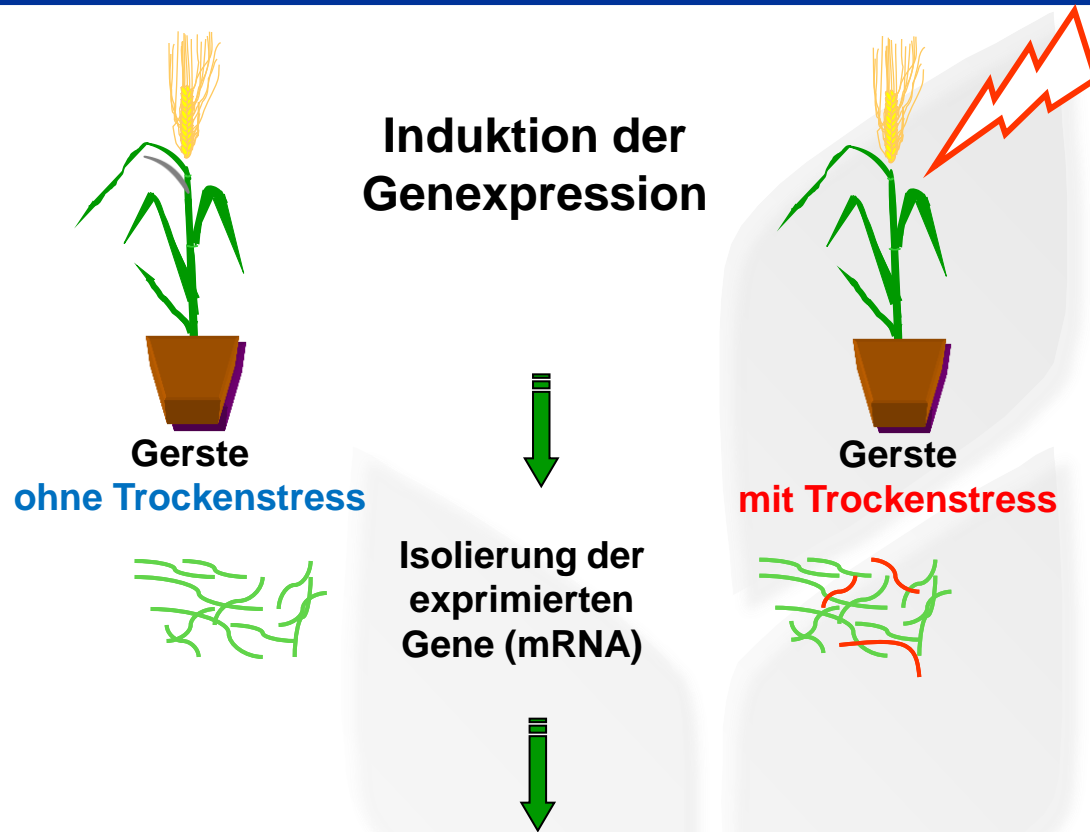
Stresstoleranz wird von vielen Genen beeinflusst

—  
Am Ende steht der Ertrag



aus: Yang et al. Mol Plant (2010) Narrowing down the targets 449-490

# Suche nach Kandidatengen



Pro Zeitpunkt und Pflanze werden  
ca. **36.000** Gene gleichzeitig analysiert  
und ausgewertet

# Genexpression-Barke, T5



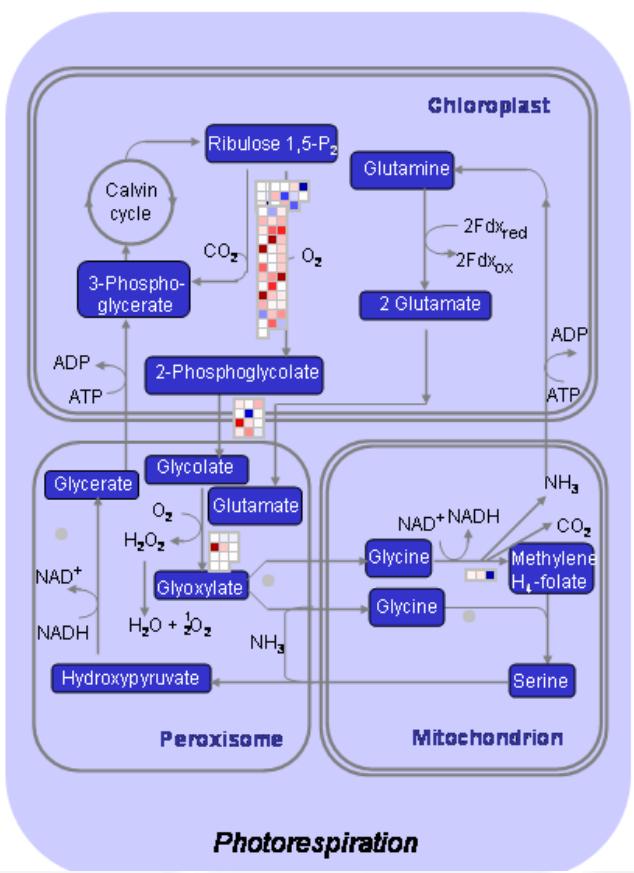
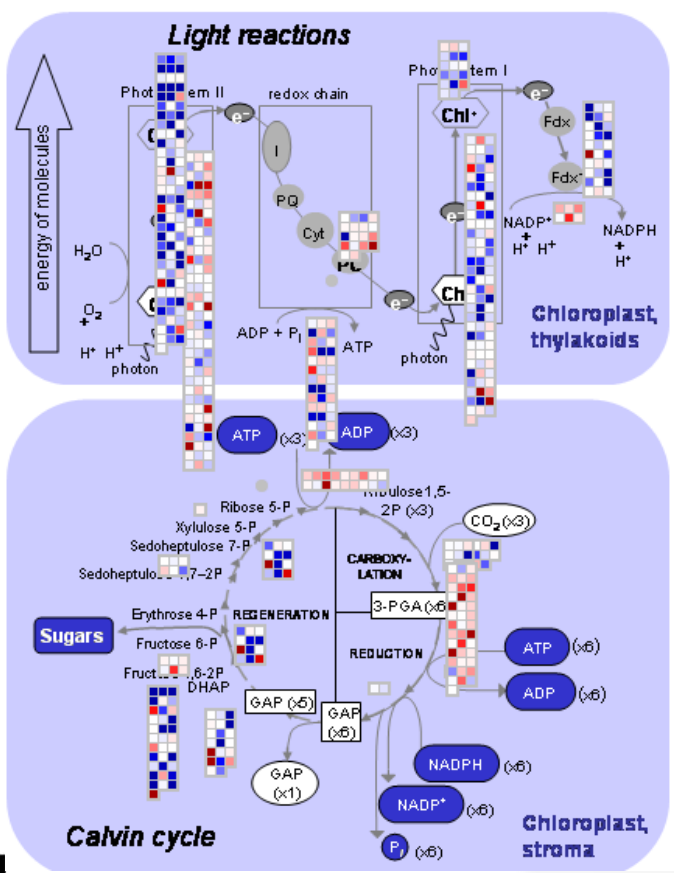
MapManWeb showing: drought stress Barke

Barke\_T5\_dr - Barke\_T5\_con  
 Barke\_T7\_dr - Barke\_T7\_con  
 Barke\_T8\_dr - Barke\_T8\_con

Pathway: /Primary Metabolism/photosynthesis

Visualization: Symbols

Scaling: 0.5



# Genexpression-Barke, T7



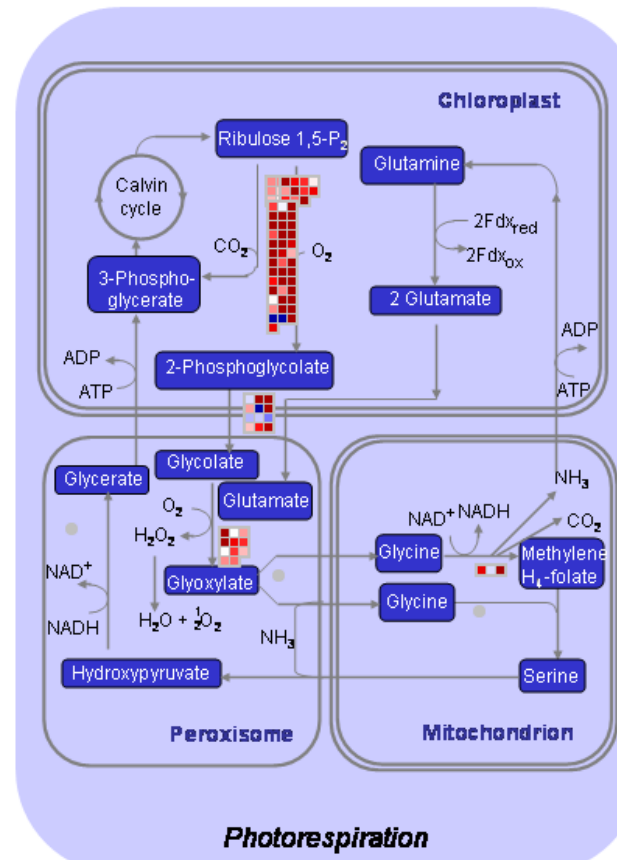
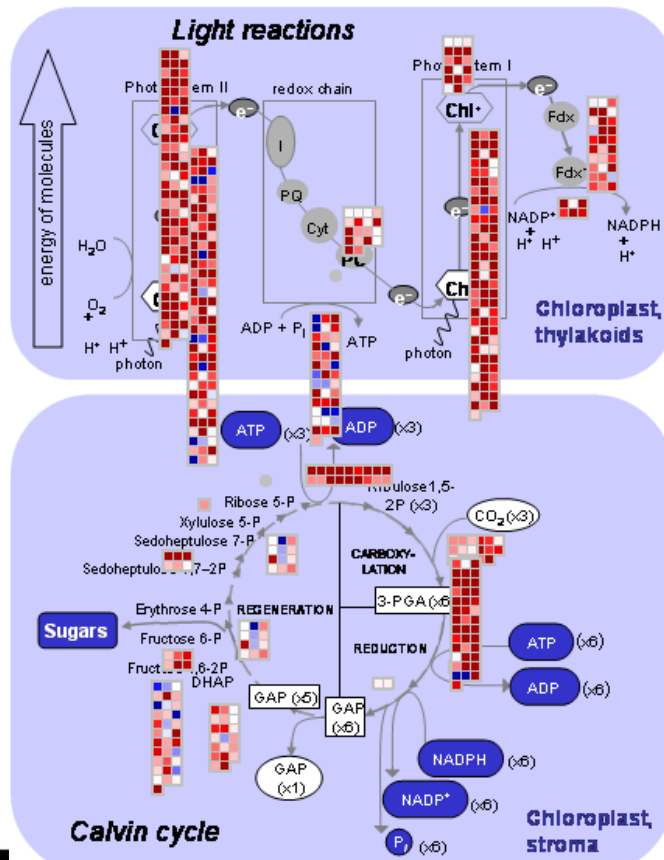
MapManWeb showing: drought stress Barke

[Barke T5 dr - Barke T5 con](#)  
[Barke T7 dr - Barke T7 con](#)  
[Barke T8 dr - Barke T8 con](#)

Pathway: /Primary Metabolism/photosynthesis

Visualization: Symbols

Scaling: 0.5





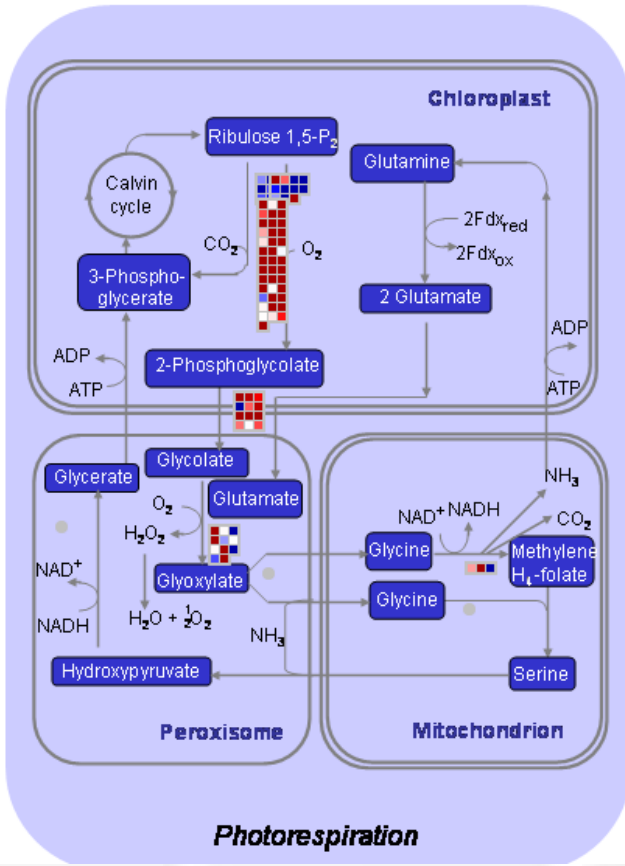
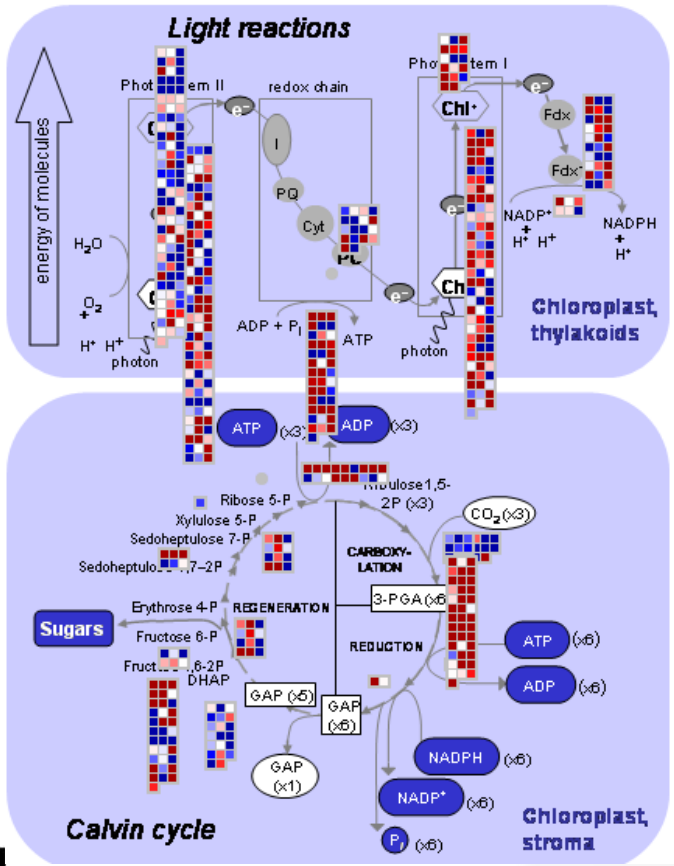
# Genexpression-Barke, T8



MapManWeb showing: drought stress Barke

Barke T5\_dr - Barke T5\_con  
 Barke T7\_dr - Barke T7\_con  
 Barke T8\_dr - Barke T8\_con

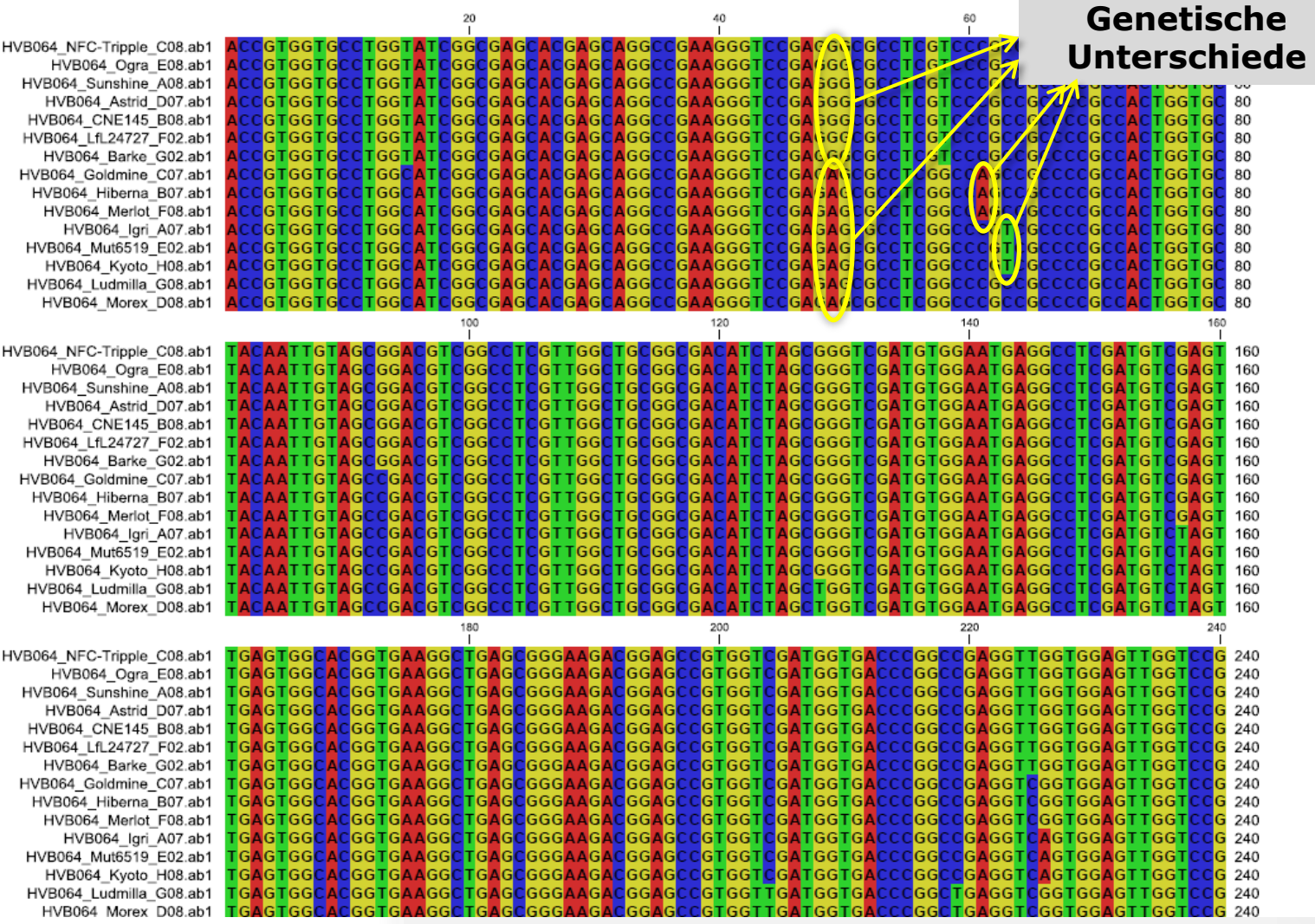
Pathway: /Primary Metabolism/photosynthesis  
 Visualization: Symbols  
 Scaling: 0.5



1 Tag Wiederbewässerung (Barke T8: Trocken – Kontrolle)

# Zuckerspeicher: Sequenzierung des Invertasegens

## Sequenzierung: Genetische Diversität der „Invertase“ bei 15 untersuchten Gersten

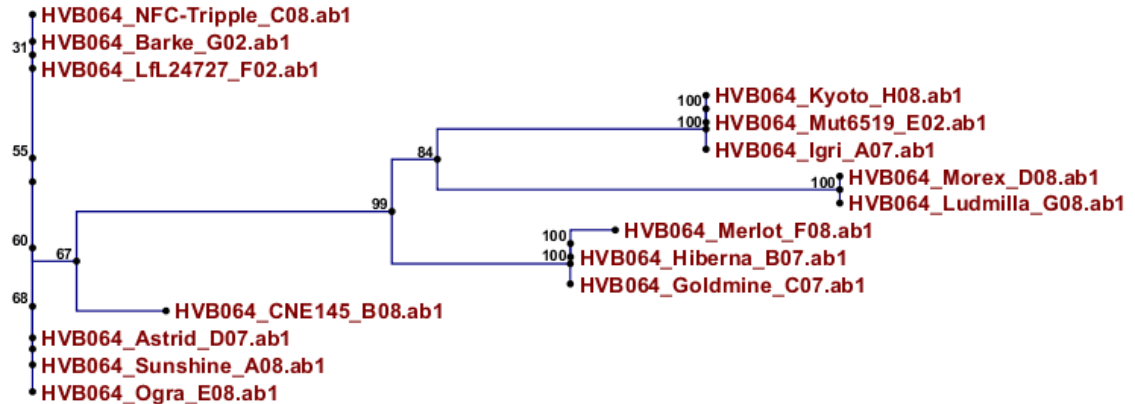


Ausschnitt der DNA-Sequenz von 240 Nucleotiden einer Gersten-Invertase

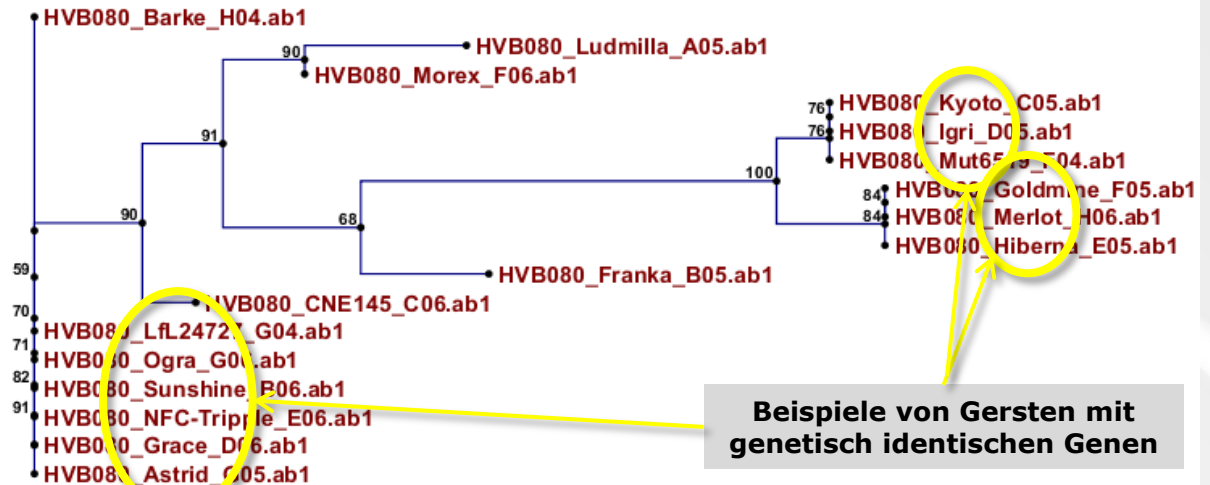
# Zuckerspeicher: Sequenzierung des Invertasegens

Cluster- / Stammbaumanalysen zur Feststellung **funktioneller Gruppen** in **Assoziationsstudien**

## HVB064



## HVB080



Beispiele von Gersten mit genetisch identischen Genen

# DNA-Test: Genetische Marker für Trockenstress

```
HvNCED1_Barke AGACCGGCCACACCTCTTCGACGGCGACGGCATGGTCCACGCCATCCGCATCCGCAACGGCGCCGCCGA 70
HvNCED1_Mutante AGACCGGCCACACCTCTTCGACGGCGACGGCATGGTCCACGCCATCCGCATCCGCAACGGCGCCGCCGA 70
```

## Markerplattform an LfL:

Fluidigm EP1  
192.24 Dynamic Array  
SNP Genotyping



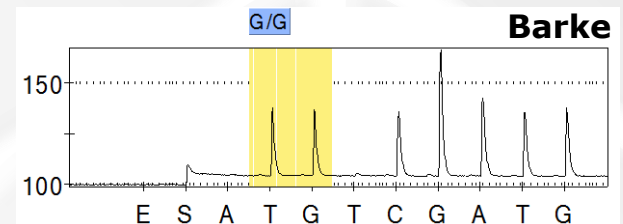
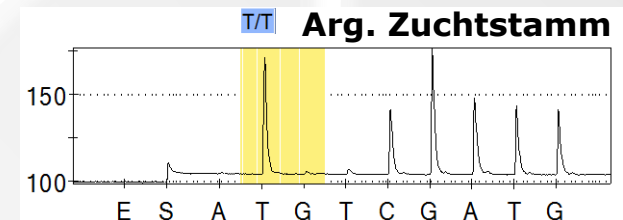
Aus: <http://www.fluidigm.com/ep1-system.html>

**24 SNP-Marker x 192 Pflanzen  
=> 4608 Datenpunkte/Ansatz**

**Kosten:  
0,15 €/Datenpunkt**

DNA-  
Polymorphismus

**Genetischer  
Marker**



# Markerselektion im Zuchtgarten



# Nutzung von Genbankressourcen

## Sortiment Akzessionen

**Getreide** **64.104**  
 Weizen 28.191  
 Gerste 21.244

**Leguminosen** **28.250**  
 Bohnen (*Phaseolus*) 8.640  
 Erbsen 5.633

**Gemüse** **18.538**  
 Tomaten 3.292  
 Zwiebeln 1.545  
 Rüben (*Beta*) 2.509

**Öl-/ Faserpflanzen** **9.737**  
 Raps 1.045  
 Lein 2.338

**Heil- & Gewürzpflanzen** **5.951**

**Mutanten** **2.684**

**Futterpflanzen** **12.406**  
 Gräser 9.774

**Kartoffeln** **5.874**

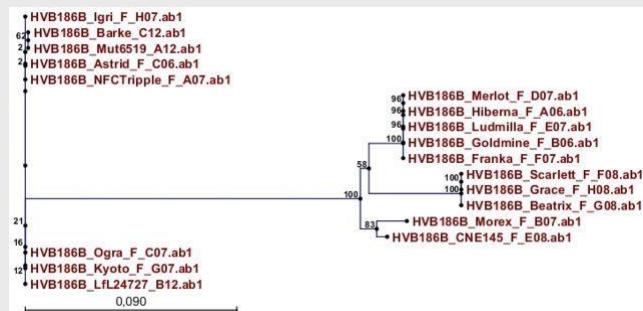
**Total** **148.128**

Pflanzenbau

IPK-Gatersleben; Spitzbergen; INRA; ...

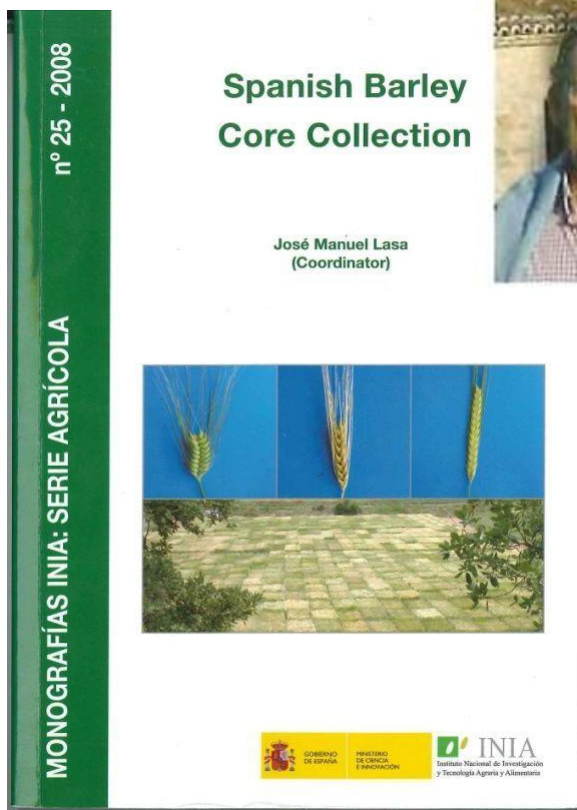


Genomanalyse zeigt die **genetische Diversität** der Gene (Allele) auf.



Verändert nach Thomas Altmann IPK  
 GFP-Jahrestagung 04.11.2010/Bonn  
 Institut für Pflanzenbau und Pflanzenzüchtung

# Spanish Barley Core Collection



## Spanish Barley Core Collection

José Manuel Lasa  
(Coordinator)



**SBCC**

175 lines

**Scald resistant**

41 resistant

Plant  
breeding

Plant Breeding 129, 45–52 (2010)  
© 2009 Blackwell Verlag GmbH

doi:10.1111/j.1439-0523.2009.01700.x

### Screening the Spanish Barley Core Collection for disease resistance

C. SILVAR<sup>1</sup>, A. M. CASAS<sup>1,6</sup>, D. KOPAHNKE<sup>2</sup>, A. HABEKUB<sup>2</sup>, G. SCHWEIZER<sup>3</sup>, M. P. GRACIA<sup>1</sup>, J. M. LASA<sup>1</sup>,  
F. J. CIUDAD<sup>4</sup>, J. L. MOLINA-CANO<sup>5</sup>, E. IGARTUA<sup>1</sup> and F. ORDON<sup>2</sup>


<sup>1</sup>Department of Genetics and Plant Production, Aula Dei Experimental Station, CSIC, PO Box 13034, E-50080 Zaragoza, Spain;

<sup>2</sup>Institute for Resistance Research and Stress Tolerance, Julius Kühn-Institute, Erwin-Baur-Str. 27, D-06484 Quedlinburg, Germany;

<sup>3</sup>Institute for Crop Science and Plant Breeding, Bavarian State Research Centre for Agriculture, D-85354 Freising-Weihenstephan, Germany; <sup>4</sup>ITA, Instituto de Tecnología Agraria, Junta de Castilla y León, PO Box 172, E-47071 Valladolid, Spain;

<sup>5</sup>IRTA, Institut de Recerca i Tecnologia Agroalimentàries, Av. Rovira Roure 191, E-25198 Llérida, Spain;

<sup>6</sup>Corresponding author, E-mail: acasas@cead.csic.es



Sorten müssen unter verschiedenen Stressbedingungen in der Lage sein, diese weitgehend verkraften und in günstigeren Phasen wieder *kompensieren* zu können.

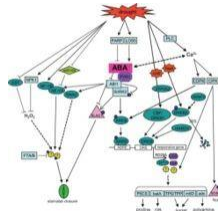
Foto: Schweizer



# Zusammenfassung und Ausblick

Pflanzenzüchtung und ihre Reaktion auf den „Klimawandel“

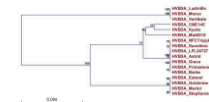
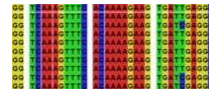
Identifikation  
von Genen und  
Netzwerken



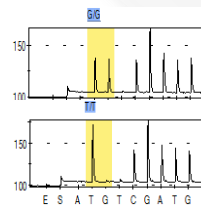
Yang et al. Mol Plant (2010)  
Narrowing down the targets 449-490



Erfassung der  
allelischen  
Diversität und  
deren Wirkung



DNA-Test:  
Marker unterstützte  
Pflanzenzüchtung



Die molekulare **Pflanzenzüchtung** leistet einen schnellen und entscheidenden Beitrag zur Ertragssicherheit unter sich ändernden Produktionsbedingungen.

Das Wissen um den **Genotyp** der Pflanze bildet die Grundlage für die pflanzenbauliche Optimierung.

