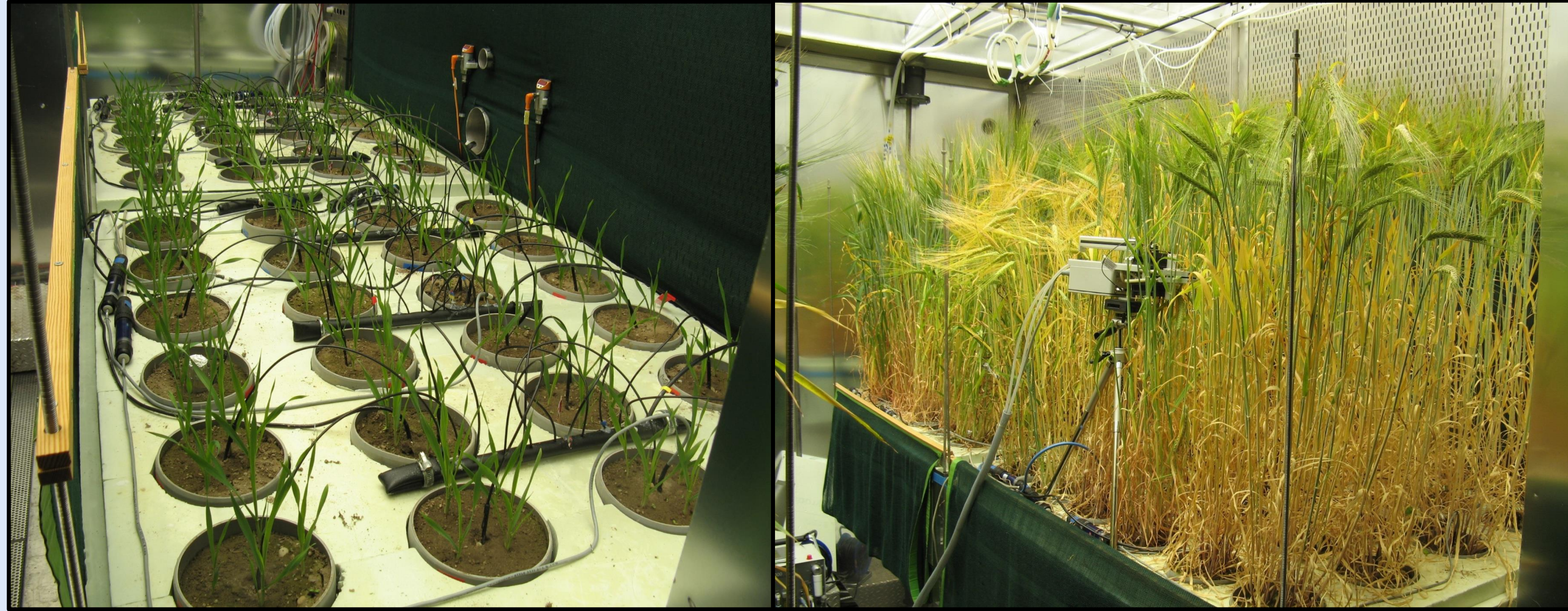


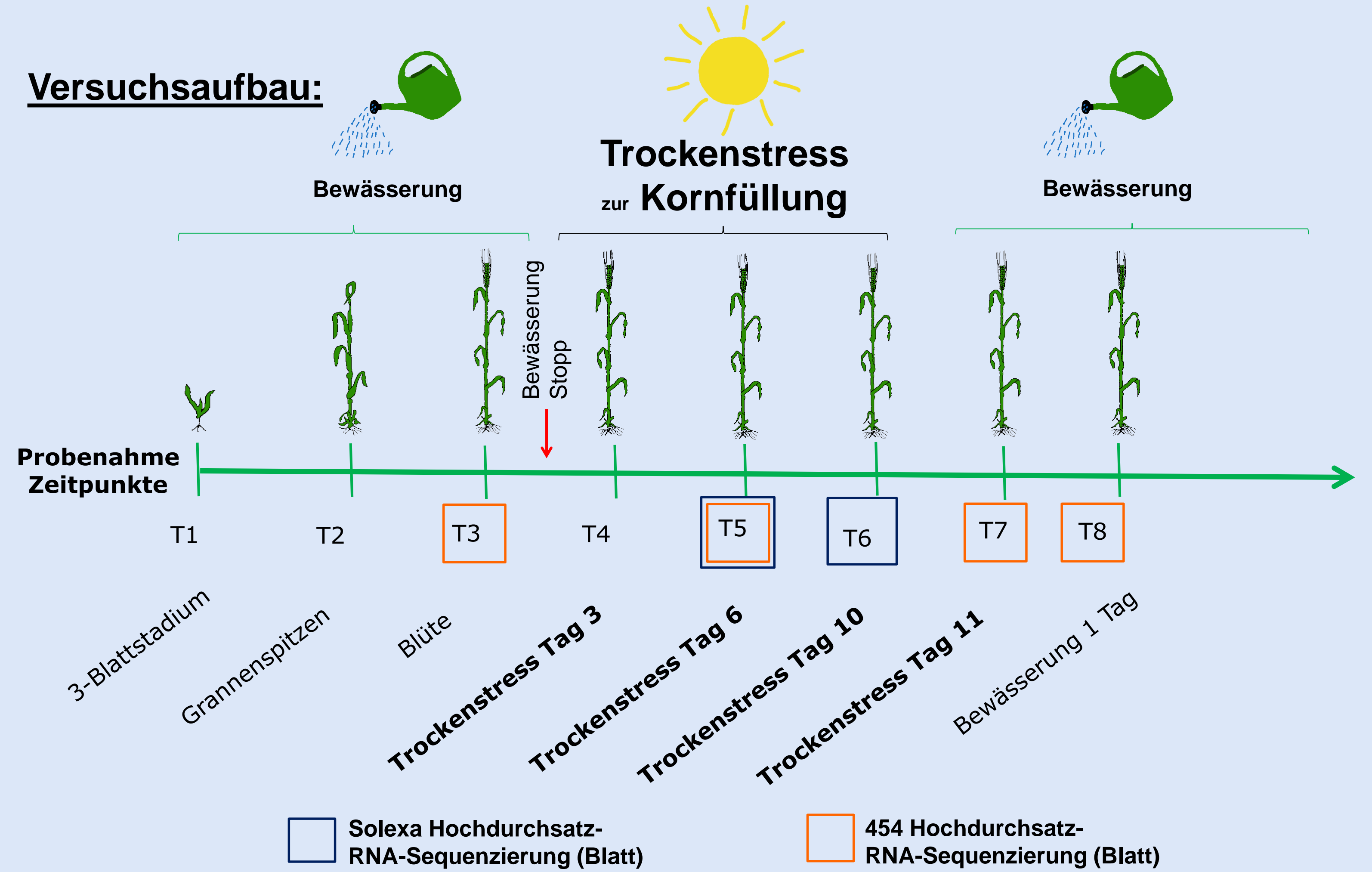
Dem Klimawandel gewachsen sein Identifikation von Stresstoleranzgenen für die Züchtung

Anspruchspartner für Rückfragen:
Dr. Günther Schweizer
guenther.schweizer@LFL.bayern.de



Trockenstress an Gersten im Klimakammerversuch

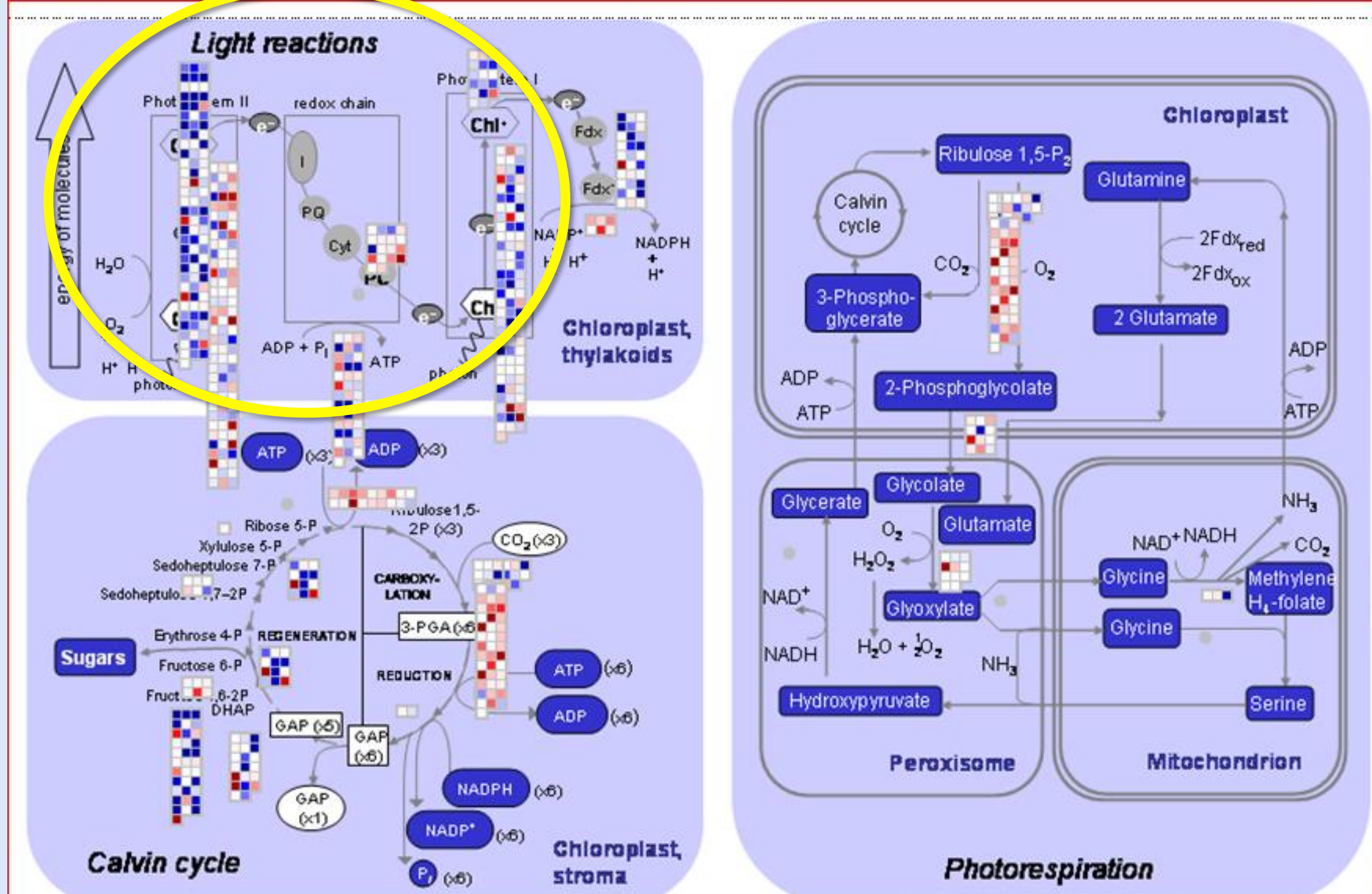
Drei Gersten wurden getestet:
Barke, deutsche Sommerbraugerste
Mut6519, argentinische Gerste, tolerant gegenüber Trockenheit
IP224727, Zuchtstamm der LfL mit guter Stresstoleranz



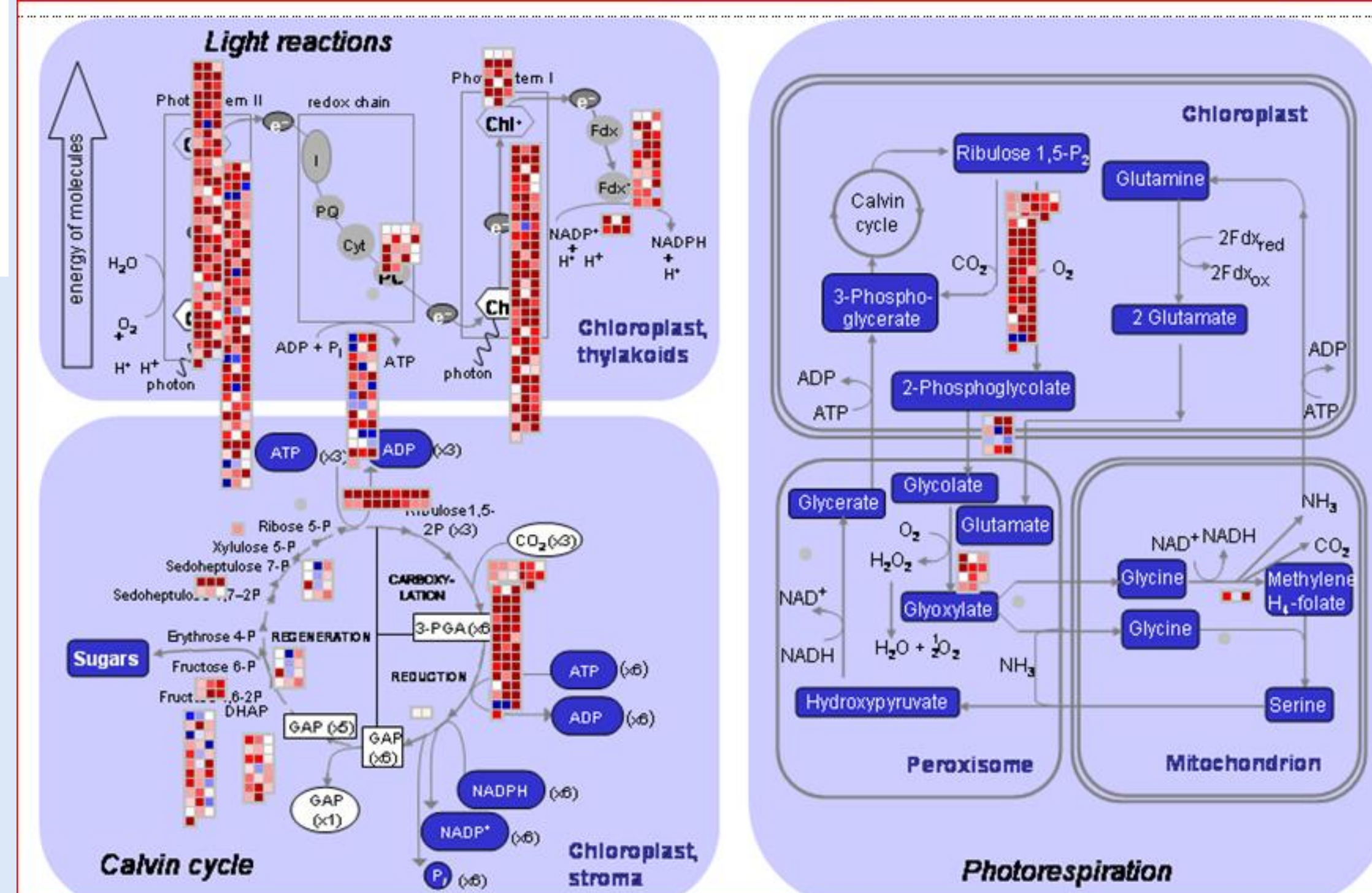
Genexpressionsanalyse mit Hochdurchsatz-Sequenzierung:

Hochparallele Analyse der Genexpression aller Gerstengene im Vergleich von Trockenstress zur bewässerten Kontrolle

06 Tage Trockenheit (Barke T5: Trocken – Kontrolle)

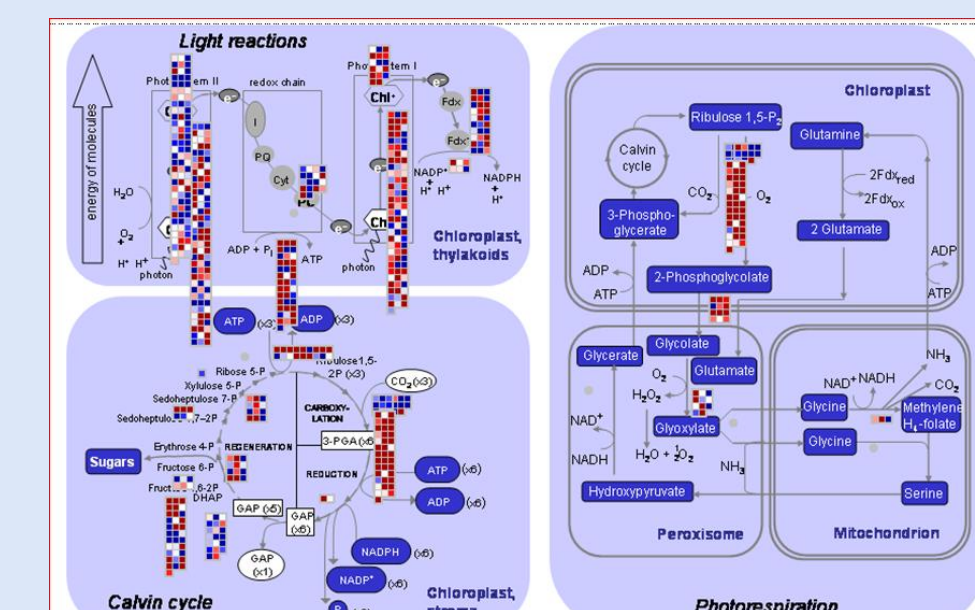


11 Tage Trockenheit (Barke T7: Trocken – Kontrolle)



MapMan Analyse der Genfunktion: Jedes Kästchen repräsentiert den Funktionszustand ein einzelnes Gen im komplexen Zusammenspiel eines Stoffwechselweges (z.B. Photosynthese/light reactions; gelb markiert).

Die Stärke der Genexpression ist durch ihre Farbe dargestellt: Die Genaktivität im Vergleich von Trockenstress zu Bewässert ist bunt dargestellt, die Farben bedeuten:
■ je mehr „blau“ desto hochreguliert, ■ je „röter“ desto herunterreguliert ist die Genexpression des jeweiligen Gens. Bei weißen Kästchen ist die Genexpression im Vergleich von Trockenstress zur Kontrolle unverändert.



1. Tag Wiederbewässerung (Barke T8: Trocken – Kontrolle)

Die Genexpressionsanalyse über die Trockenstressperiode hinweg zeigt, wie eine Sorte ihren Stoffwechsel sehr **stark herunterfährt**. Zunahme der Farbe „rot“ von 6 nach 11 Tagen Trockenheit, sie verfällt in eine Art **Ausharre-Position**, um dann aber, nach Wiederbewässerung (kl. Bild), sofort wieder die **Stoffwechselaktivität in einzelnen Genen hochzufahren** (Zunahme von „blau“).

Die **Strategie der Pflanze** zur Überwindung einer **Trockenstress-Phase** kann mit Hilfe der vorgestellten Technik molekular exakt analysiert und die involvierten Gene als **Selektionsmarker** für die Züchtung verfügbar gemacht werden.

Praxisergebnisse:
Für **107 Kandidatengene** konnten **220 Selektionsmarker** für Smart-Breeding Programme entwickelt werden.
In einer Landsortenanalyse an spanischen Landgersten konnten zudem **neue Allele** eines **Invertasegens** identifiziert werden.

Entwicklung von genetischen Selektionsmarkern für die Züchtung:

Resequenzierung von Kandidatengenen, für Assoziationsstudie und Genkartierung

VB064_NFC-Tripple_C08	GAGGGGCGCCTCGTCC	GTCCCGCC
HVB064_Ogra_E08	GAGGGGCGCCTCGTCC	GTCCCGCC
HVB064_Sunshine_A07	GAGGGGCGCCTCGTCC	GTCCCGCC
HVB064_Astrid_D07	GAGGGGCGCCTCGTCC	GTCCCGCC
HVB064_CNE145_B08	GAGGGGCGCCTCGTCC	GTCCCGCC
HVB064_LfL24727_F02	GAGGGGCGCCTCGTCC	GTCCCGCC
HVB064_Barke_G02	GAGGGGCGCCTCGTCC	GTCCCGCC
HVB064_Goldmine_C07	GAGAGCGCCTCGGCC	GGCCAGCC
HVB064_Hiberna_B07	GAGAGCGCCTCGGCC	GGCCAGCC
HVB064_Merlot_F08	GAGAGCGCCTCGGCC	GGCCAGCC
HVB064_Igri_A07	GAGAGCGCCTCGGCC	GGCCAGCC
HVB064_Mut6519_E02	GAGAGCGCCTCGGCC	GGCCAGCC
HVB064_Kyoto_H08	GAGAGCGCCTCGGCC	GGCCAGCC
HVB064_Ludmilla_G08	GAGAGCGCCTCGGCC	GGCCAGCC
HVB064_Morex_D08	GAGAGCGCCTCGGCC	GGCCAGCC

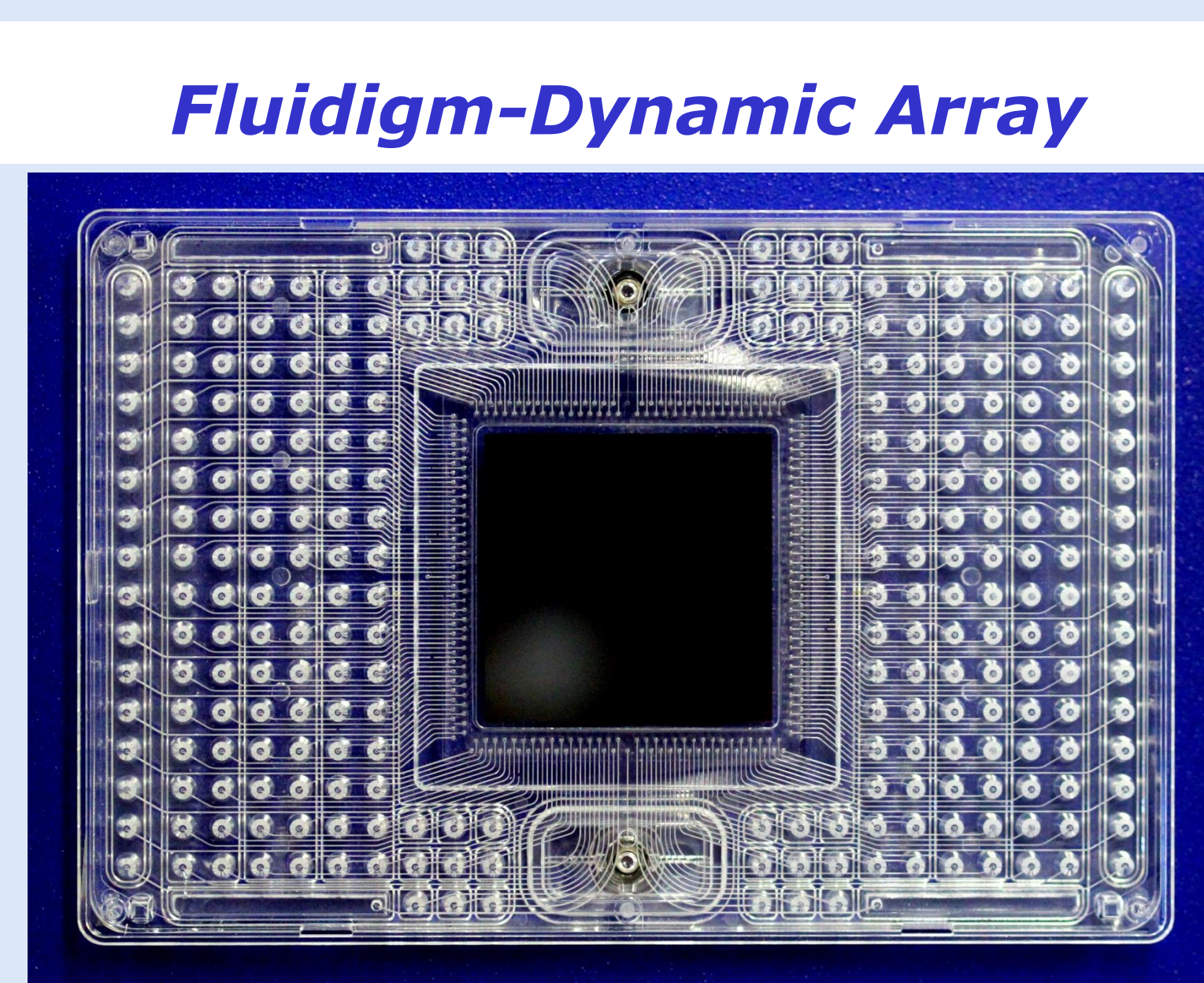
A/G T/G T/G A/C C/T

Haplotyp-spezifische SNP-Marker



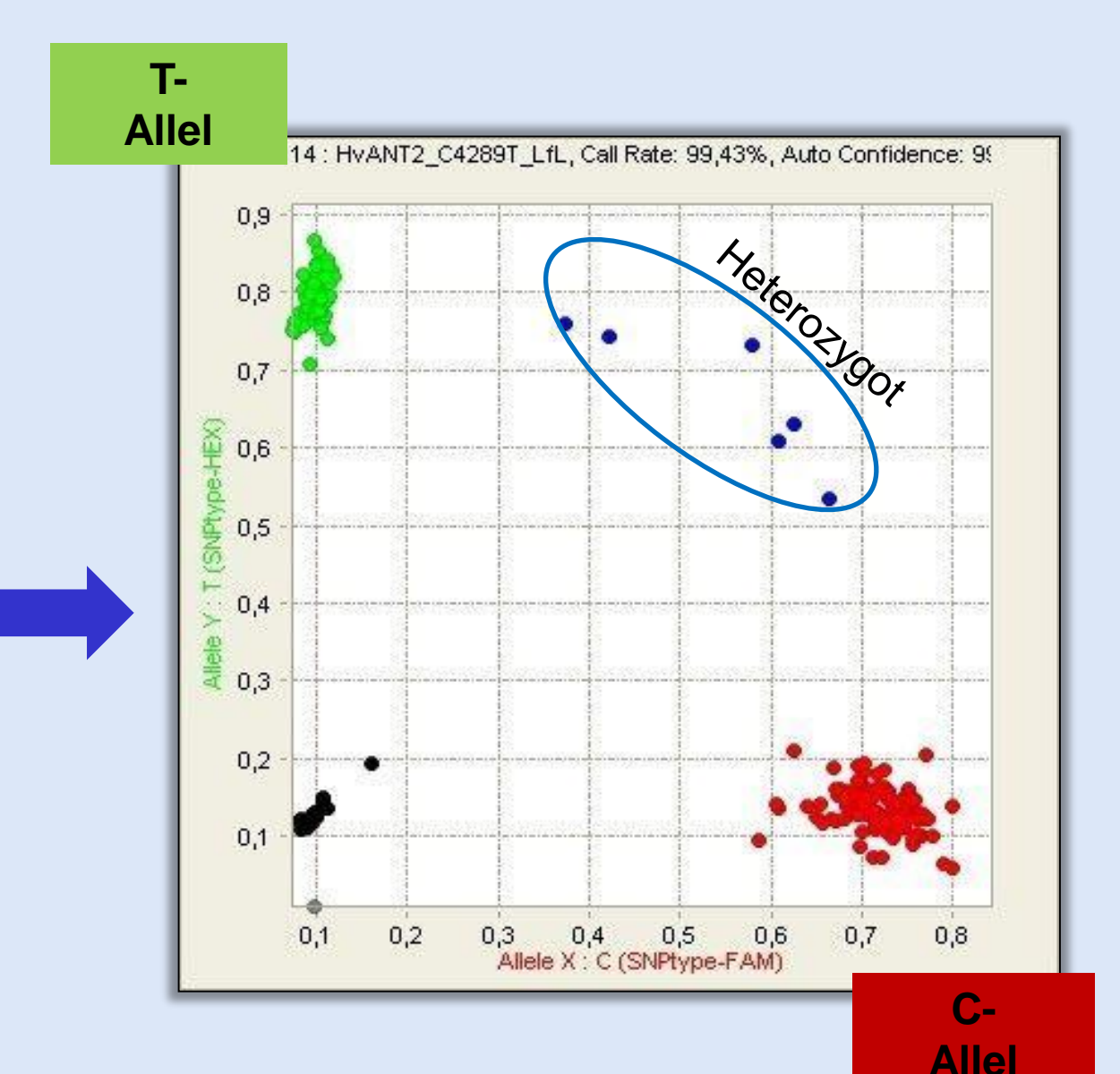
Umsetzung der SNPs in Hochdurchsatz-Genotypisierungssysteme

Fluidigm Genotypisierung an der LfL



24 Marker x 192 Pflanzen
4608 Datenpunkte/Ansatz

Fluidigm SNP-Marker-Analyse



Einzelergbnis: Jeder Punkt zeigt an, welche der 192 Sorten das gewünschte T- oder C-Allel tragen.

Im Rahmen des StMELF-Projektes konnten für **107 Trockenstress-relevante Kandidatengene** **220 haplotyp spezifische SNP-Marker** für die Marker-Selektion zur Verfügung gestellt werden.