

Verbundprojekt zur Züchtung von Sojabohnen für die Fütterung in Süddeutschland

Christine Riedel, Stefanie Gellan, Günther Schweizer und Joachim Eder

Projektziele

- Entwicklung von verbesserten an die klimatischen Bedingungen angepassten Sojazuchtmaterials
- Aufstellung und Beschreibung eines Genpools für die Züchtung in Bayern
- Optimierung der Selektion durch phänotypische, molekulargenetische und analytische Verfahren

Projektpartner

- Bayerische Landesanstalt für Landwirtschaft
- Saatzucht Bauer GmbH & Co. KG
- Saatzucht Streng-Engelen GmbH & Co. KG
- Freiherr von Moreau Saatzeit GmbH
- Landessaatzeitanstalt der Universität Hohenheim

Pflanzenmaterial

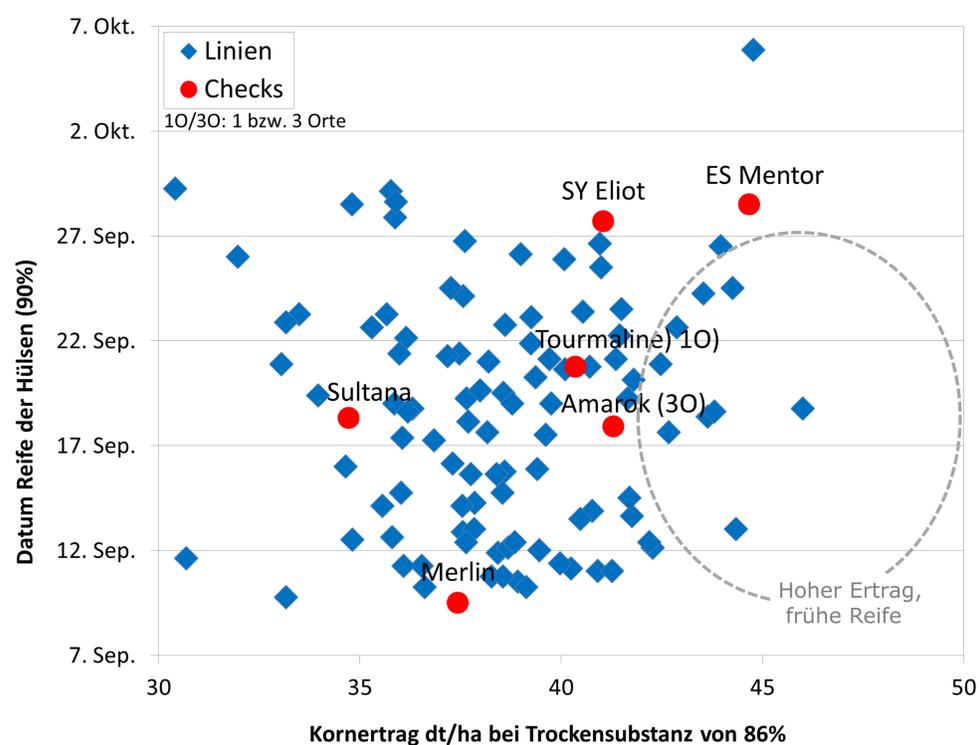
- Nachkommenschaften** (F₃-F₅) aus Kreuzungen von Herkünften der frühen bis sehr frühen Reifegruppen (00/000) aus Deutschland, Österreich, Schweiz und Kanada
- Genbankherkünfte** aus Genbanken weltweit

Phänotypische Charakterisierung

- Beobachtungsanbau** von jährlich 4000 Nachkommenschaften und 200 Genbank-Akzessionen; Selektionsschwerpunkt Frühreife (bis RG 00) und Ertragsfähigkeit
- Leistungsprüfung** von 100 selektierten Linien ab 2016 im Parzellenversuch (Ertrag, Reife, Protein)
- Bestimmung der **Futterqualität** mittels Nahinfrarot (NIR)-spektroskopie (Protein, Fett, Aminosäuren)
- Kühletoleranztests** in Feld und Klimakammer (zur Blüte)

Leistungsprüfung Nachkommenschaften 2017

- Material selektiert aus F₅-Linien 2015; Vermehrung 2016
- Parzellenversuch 2017 mit 100 F₇-Linien und 5 Vergleichssorten (analog BSA); 4 Orte in Bayern; 2 Wiederholungen



Mittlere Kornerträge und Abreifetermine der geprüften Kreuzungsnachkommen im Vergleich zu Standardsorten 2017 an vier Orten

Ziel erreicht: Identifikation von Linien mit hohen Erträgen ähnlich 'ES Mentor' (00) bei gleichzeitig früherer Abreife für weitere züchterische Bearbeitung bzw. Sortenanmeldung

Protein: z.T. hohe Gehalte in Ernte 2016; 2017 ausstehend

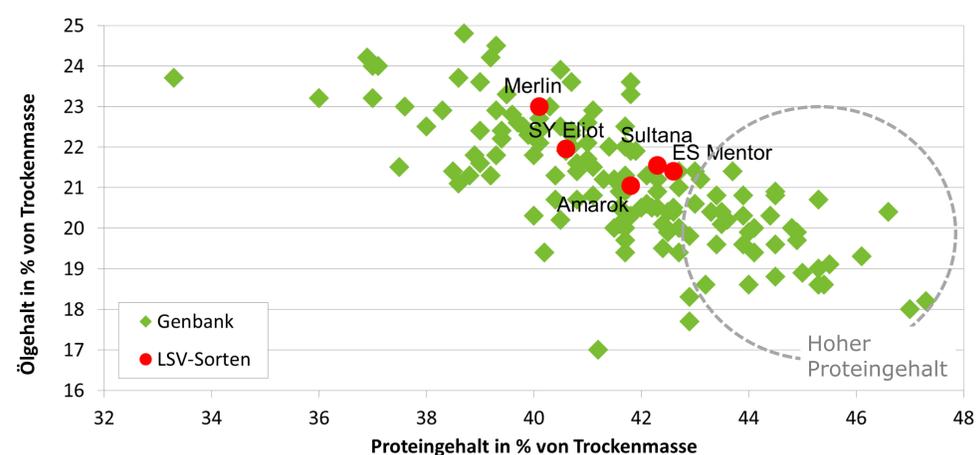
Fortführung der Zusammenarbeit zwischen LfL und privaten Züchtern in der Bayerischen Pflanzenzüchtungsgesellschaft (BPZ)

Genetische Charakterisierung

Nutzung und Entwicklung molekularer Marker für Kreuzungsnachweis, markergestützte Selektion (MAS), Clusteranalysen und Assoziationsstudien

Evaluierung Genbankmaterial 2015-2017

450 Akzessionen aus vier Genbanken mit Herkunftsschwerpunkt in Japan, China, Korea und Kanada



Protein- und Ölgehalte (NIR) von Genbankakzessionen und Sorten Freising 2016

Proteingehalt: Große Variationsbreite; im Vergleich zu Futtersorten z. T. bis 4% höherer Proteingehalt 2016

Trypsininhibitoraktivität: Variationsbereite 2016 von ausgewählten Akzessionen ist ähnlich Sorten (23-41 mg/g)

Weitere Bearbeitung ausgewählten Materials zu **Genetik** und **Ertragspotential** zur Erstellung von markerbasierten Kreuzungsplänen in Projekt ab 2017 (Bayerisches StMELF)