

## Endbericht – Sachbericht zum Verwendungsnachweis

<b>Zuwendungsempfänger:</b> Limagrain GmbH Dr. P. BOEVEN, Dr. J. SCHACHT	<b>Förderkennzeichen:</b> <b>2818401D18</b>
<b>Vorhabenbezeichnung:</b> Projekt: HYFLOR - „Erforschung der Genetik der Blühbiologie bei Weizen zur effektiven Erzeugung von Hybridweizen“	
<b>Laufzeit des Vorhabens:</b> 10/2019 - 09/2024	
<b>Berichtszeitraum:</b> Endbericht	

<b>Inhaltsverzeichnis</b>	<b>Seite</b>
I. Kurze Darstellung	
1. Ursprüngliche Aufgabenstellung sowie der wissenschaftliche und technische Stand an den angeknüpft wurde	02
2. Ablauf des Vorhabens	02
3. Wesentliche Ergebnisse sowie ggf. Zusammenarbeit mit anderen Stellen	02
II. Eingehende Darstellung	
1. Verwendung der Zuwendung	03
2. Wichtigsten Positionen des zahlenmäßigen Nachweises	12
3. Notwendigkeit und Angemessenheit der geleisteten Arbeit	12
4. Voraussichtlichen Nutzen im Sinne des Verwertungsplans	12
5. Bekanntgewordener Fortschritt bei anderen Stellen	12
6. Veröffentlichungen der Ergebnisse	12

## **I. Kurze Darstellung**

### **1. Ursprüngliche Aufgabenstellung sowie der wissenschaftliche und technische Stand an den angeknüpft wurde**

Die Landwirtschaft steht vor der Herausforderung, stabile und ausreichende Nahrungs- und Futtermittelproduktion trotz Klimawandel zu gewährleisten. Weizenhybriden nutzen den Heterosiseffekt, der signifikante Ertragsvorteile mit sich bringt, die Resistenzzüchtung erleichtert und die Ertragsstabilität erhöht. In Deutschland sind Weizenhybriden jedoch noch wenig verbreitet, hauptsächlich wegen hoher Produktionskosten und geringem rekurrentem Selektionserfolg. Das Projekt HYFLOR zielt darauf ab, die Bestäubungsleistung und Rezeptivität zu verbessern sowie Methoden zur Erhöhung der Komplementarität von Elternlinien zu entwickeln. Trotz einiger Initiativen werden Weizenhybriden weltweit auf weniger als 1% der Anbaufläche genutzt. Es gibt Herausforderungen bei der Nutzung von männlicher Sterilität und der genetischen Verbesserung des Saatgutansatzes. Ein besseres Verständnis der Genwirkungsweise der heterotischen QTL ist notwendig, aber bisher rudimentär.

### **2. Ablauf des Vorhabens**

Das Verbundprojekt gliedert sich in vier Arbeitspakete (AP). AP1 befasst sich mit der phänotypischen und molekularen Vorhersage der Bestäubungsleistung, wobei Feldversuche mit verschiedenen Genotypen durchgeführt wurden, um die genetische Architektur zu untersuchen und Vorhersagemodelle zu entwickeln. AP2 konzentriert sich auf die phänotypische und molekulare Vorhersage der Rezeptivität, indem die Rezeptivität von Mutterlinien und DHs untersucht, genotypisiert und die genetische Architektur erforscht wird. In AP3 wird die genetische Komplementarität für Stresstoleranz gegenüber biotischen und abiotischen Schadeinflüssen untersucht, wobei Hybriden in Feldversuchen evaluiert und ein quantitatives genetisches Modell zur Untersuchung heterotischer Effekte verwendet wird. AP4 umfasst die reziproke rekurrente genomische Selektion, bei der ein Selektionsprogramm basierend auf früheren Projekten umgesetzt und der Selektionserfolg in Feldversuchen getestet und evaluiert wird.

### **3. Wesentliche Ergebnisse sowie ggf. Zusammenarbeit mit anderen Stellen**

Die Untersuchungen zeigen, dass die phänotypische Variation der Bestäubungsleistung und Rezeptivität durch viele Gene und deren Interaktion mit der Umwelt beeinflusst wird. Ein QTL auf Chromosom 1B erklärt 21,3% der Variation der Bestäubungsleistung und kann für die markergestützte Selektion genutzt werden. Heterosis bei Weizen wird hauptsächlich durch Geninteraktionen und nicht durch Allelinteraktionen innerhalb eines Gens beeinflusst, was die gezielte Selektion auf Komplementarität erschwert. Die Forschungsarbeiten wurden in

Zusammenarbeit mit einem internationalen Hybridweizen-Konsortium unter der Leitung von Prof. Stephen Baenziger durchgeführt.

## **II. Eingehende Darstellung**

Ergänzend zur ausführlichen Darstellung der wissenschaftlichen Ergebnisse des Projektkoordinators IPK wird im Folgenden die Verwendung der Zuwendung bei der Firma Limagrain zusammengefasst.

### **1. Verwendung der Zuwendung**

#### **AP1 Phänotypische und molekulare Vorhersage der Bestäubungsleistung**

In den Anbaujahren 2019/2020 und 2020/2021 wurden an unserem Standort in Verneuil, Frankreich, Kreuzungsblöcke mit einer Population von 100 DH-Linien aus der Kreuzung Piko x Hermann angelegt. Diese DH-Linien wurden als Vaterlinien verwendet und jeweils mit Piko und Hermann als Mutterlinien gekreuzt. Zusätzlich wurden Piko und Hermann jeweils fünfmal sowohl als Mutter als auch als Vater in einem Kreuzungsblock eingesetzt, um die *perse* Bestäubungsleistung zu ermitteln. Insgesamt wurden 110 Kreuzungsblöcke angelegt.

Die zweijährige Prüfung konzentrierte sich auf die Bestäubungsleistung und chemisch-männliche Sterilität. In beiden Jahren wurden in allen Kreuzungsblöcken Tüten gesetzt, um die chemisch-männliche Sterilität zu überprüfen. Die visuelle Antherenextrusion der Vaterlinien wurde im Feld bonitiert, wobei dies im ersten Jahr aufgrund der Covid-19-Pandemie nur einmalig und im zweiten Jahr täglich zur Blüte durchgeführt wurde. Zusätzlich zur Antherenextrusion wurde die Ährendichte mit einem Meterstab erfasst. Das Ährenschieben und der Blühzeitpunkt wurden in Tagen im Jahr für alle Mütter und Väter erfasst. Daten zur Pollenwolke im Feld wurden durch den Einsatz von Pollenfallen erhoben, wobei je Vater zwei Pollenfallen aufgestellt und der Pollenflug über einen Zeitraum von 10 Tagen erfasst wurde. Umweltparameter wie Niederschlag, Einstrahlung und Temperatur wurden ebenfalls erfasst. Zur Ernte wurde der Kornertrag aller Parzellen ermittelt, das geerntete Hybridsaatgut auf den Mutterparzellen sowie die Eigenerträge der Eltern. Neben dem Erntegewicht wurde das Tausendkorngewicht bestimmt, um den Kornansatz zu berechnen. Das erzeugte Hybridsaatgut folgte einem North Carolina III Design und stellte eine Ressource dar, um Dominanzeffekte im Weizen zu untersuchen. Das geerntete Hybridsaatgut wurde an die Projektpartner zur Aussaat der Ertrags- und Beobachtungsversuche versandt.

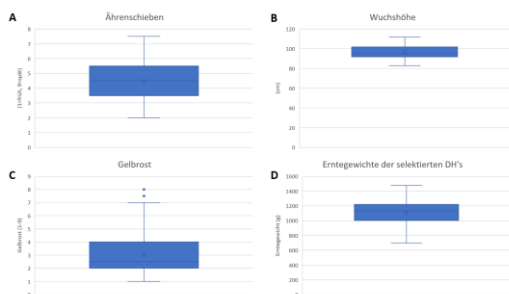
Im Hyflorprojekt sollten Elternlinien mit hoher Antherenextrusion und unterschiedlicher Bestäubungsleistung gekreuzt werden, um die Diversität zu erhöhen. Im Oktober 2020 wurden 30

DH-Linien der Kreuzung Hermann x Benchmark und 142 DH-Linien der Kreuzung KWS Ferrum x Porthus zur Vermehrung (DH0 → DH1) ausgesät. Eine weitere DH-Population Porthus x LGQuadrant stand ebenfalls zur Verfügung. Die Aussaat in Rosenthal fand unter guten Bedingungen statt und im Juni 2021 erfolgte eine milde Selektion für agronomische Eigenschaften.

**Tabelle 1:** Von Limagrain produzierte DH Populationen im AP1

Population	Anzahl DHs
Hermann x Benchmark	24
KWS Ferrum x Porthus	138
Porthus x LG Quadrant	50

Das durchschnittliche Erntegewicht lag bei knapp 300g je DH-Linie, was unter den Erwartungen lag. Da diese Menge für Kreuzungsblöcke an allen Standorten nicht ausreichte, wurde ein weiterer Vermehrungsschritt eingeplant. Alle DH-Linien wurden im Oktober 2021 für einen weiteren Vermehrungsschritt an unserem Standort Rosenthal ausgesät. Im Juni 2022 wurden die Merkmale Ährenschieben, Anfälligkeit für Gelbrost und Wuchshöhe erfasst. Basierend auf diesen Merkmalen erfolgte eine Vorselektion (Abbildung 1). Von 104 DH's wurde die gesamte Parzelle geerntet, während von den restlichen 107 DH's jeweils 5 Ähren als Rückstellprobe dem IPK zur Verfügung gestellt wurden. Die durchschnittlichen Erntegewichte betragen 1.1 kg, was ausreichend ist, um Saatgut für mehrortige Kreuzungsblöcke bereitzustellen. Die 104 DH's dienen der zweiten Projektphase im Arbeitspaket 1. Aufgrund des zusätzlichen nötigen Vermehrungsschrittes der Limagrain DH-Linien wurden im ersten Anbaujahr von KWS und vom IPK produzierte Populationen getestet. Tabelle 2 zeigt die finale Zusammenstellung der beiden Versuchsjahre 2021/22 und 2022/23.

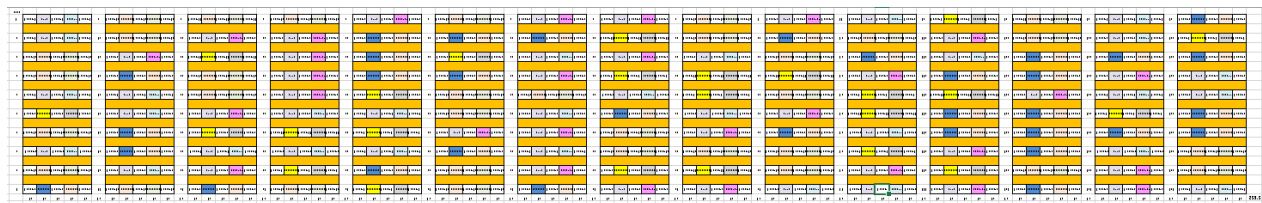


**Abbildung 1:** Erfasste Merkmale in den DH-Verbreitungspopulationen. A Ährenschieben, B Wuchshöhe, C Gelbrost, D Erntegewicht.

**Tabelle 2:** Umfänge der verschiedenen DH-Populationen in den Feldversuchen 2021/22 und 2022/23

Population	Anzahl DHs	Feldversuche	
		2021/2022	2022/2023
Porthus x Benchmark	30	ja	ja
KWS Ferrum x Hermann	36	ja	ja
Benchmark x KWS Ferrum	61	ja	ja
Mulan x Hermann	7	ja	ja
KWS Ferrum x Bussard	16	ja	ja
KWS Livius x Bussard	30	nein	ja
KWS Malibu x Bussard	30	nein	ja
Porthus x LG Quadrant	33	nein	ja
Hermann x Benchmark	24	nein	ja
KWS Ferrum x Porthus	33	nein	ja

Für die Messung der Bestäubungsleistung, Saatgutansatz auf der Mutter, wurden die beschriebenen DH-Populationen in den beiden Feldversuchsjahren analog zum Piko x Hermann Kreuzungsblock-Design (Vater | Mutter 1 | Vater | Mutter 2 | Vater) an unserem Standort in Verneuil in Frankreich angebaut. In beiden Versuchsjahren handelte es sich jeweils um Kreuzungsblöcke mit 150 DH's und zwei Wiederholungen (Abbildung 2).

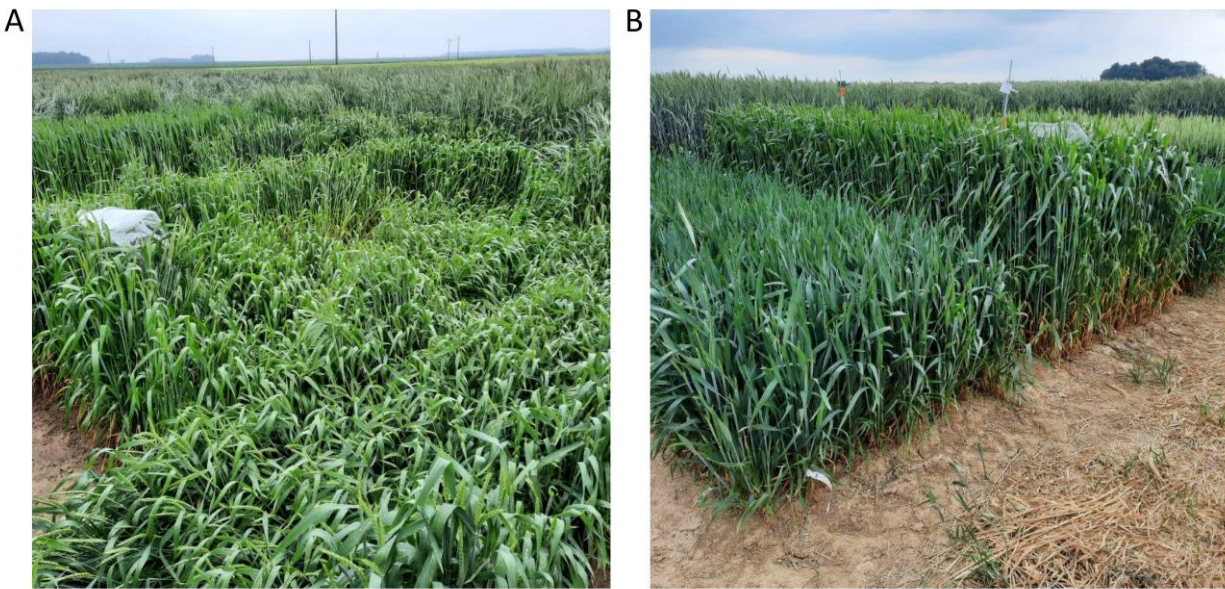


**Abbildung 2:** Schematische Darstellung der 150 Kreuzungsblöcke in Verneuil. Orange Zellen stellen Isolationen dar. Weiße Zellen stellen Väter dar, bunte Zellen die Mütter.

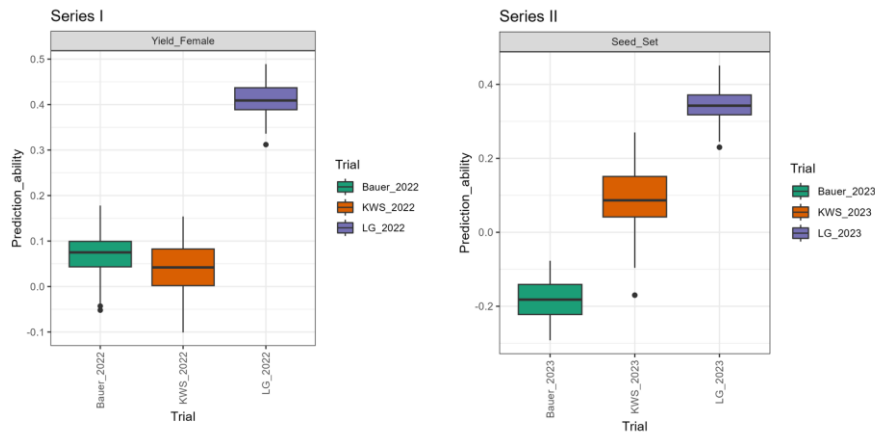
In den Erntejahren 2022 und 2023 wurden ähnliche Verfahren und Messungen für die Bestimmung der Bestäubungsleistung durchgeführt. Beide Jahre umfassten die Behandlung der Mütter mit einem Gametozid im Frühjahr und das Setzen von Tüten in den Kreuzungsblöcken zur Überprüfung der chemisch-männlichen Sterilität. Die visuelle Bonitur der Antherenextrusion der Vaterlinien erfolgte täglich während der Blüte. Zusätzlich wurden die Ährendichte, das Ährenschieben, der Blühzeitpunkt und die Wuchshöhe für alle Eltern erfasst. Daten zur Pollenwolke wurden durch den Einsatz von Pollenfallen erhoben, wobei je Vater zwei Pollenfallen aufgestellt und die Folien täglich gewechselt wurden. Umweltparameter wie Niederschlag, Einstrahlung und Temperatur wurden an beiden Standorten in Verneuil erfasst und dem IPK zur

Verfügung gestellt. Nach der Ernte wurden das Tausendkorngewicht bestimmt und der Kornansatz berechnet. Das geerntete F1-Saatgut wurde in beiden Jahren zunächst gereinigt und nach Deutschland versandt, wo es an die weiteren Projektpartner für Ertragsversuche weitergeleitet wurde.

Das Anbaujahr 2023 wurde durch starkes Lager im Frühjahr erheblich erschwert (Abbildung 3A). Dies beeinträchtigte alle Bonituren und hatte negative Auswirkungen auf den Saatgutansatz. Eine weitere Herausforderung waren die erheblichen Unterschiede in der Wuchshöhe zwischen den männlichen und weiblichen Pflanzen (Abbildung 3B), was bereits im ersten Anbaujahr beobachtet wurde. Zudem gab es erhebliche Differenzen in der Blühsynchronisation. Trotz dieser Schwierigkeiten zeigte das Merkmal Saatgutansatz auf der Mutter, nach der Kuratation der Daten, in beiden Jahren sehr hohe Heritabilitäten und damit Vorhersagegenauigkeiten am Limagrain Standort (Abbildung 4).

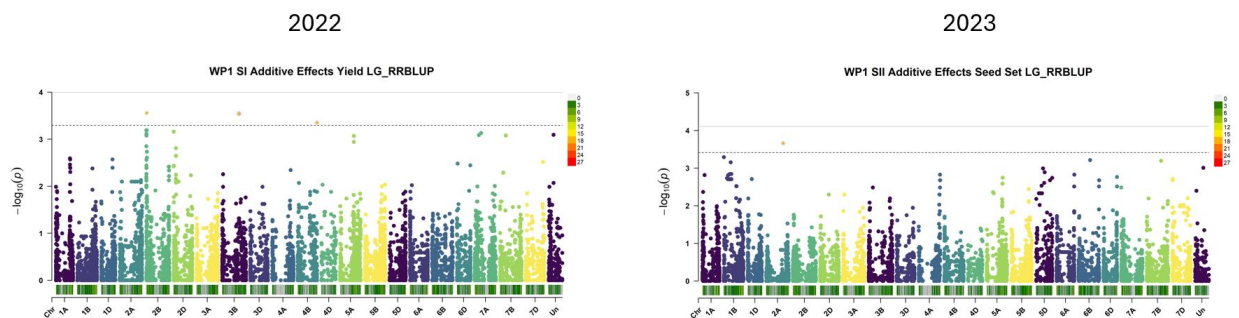


**Abbildung 3:** **A** starkes Lager im Jahr 2023, **B** teilweise zu große Unterschiede in der Wuchshöhe zwischen Vater (zu kurz) und Mutter (zu lang), links Vater und rechts Mutter. Das Bild zeigt zudem die Messung des Pollenflugs mit einer Pollenfalle.



**Abbildung 4:** Kreuzvalidierte genomische Vorhersagegenauigkeiten für das Merkmal Saatgutansatz innerhalb der verschiedenen Umwelten.

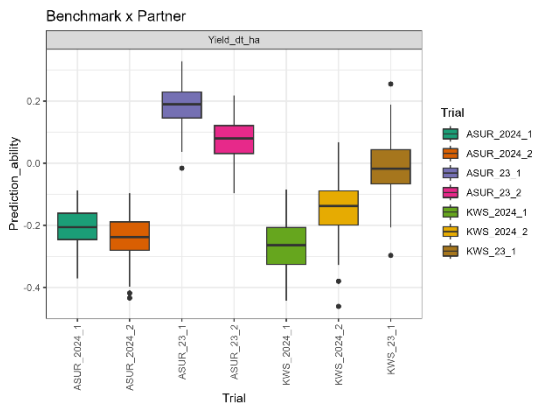
Darüber hinaus wurden die genomischen Daten (SNP-Marker) und die erfassten phänotypischen Daten vom IPK für eine genomweite-Assoziationsstudie integriert. Abbildung 5 zeigt die Manhattan-Diagramme für die Limagrain Daten der Jahre 2022 und 2023. Zwar können einige signifikante Marker-Merkmal-Assoziationen detektiert werden, die erklärte phänotypische Varianz ist jedoch gering und es bestätigt sich eine eher komplexe genetische Architektur für das Merkmal Saatgutansatz.



**Abbildung 5:** Manhattan-Diagramme der genomweiten-Assoziationskartierung für das Merkmal Saatgutansatz auf der Mutter für die Limagrain Daten der Jahre 2022 und 2023

## AP2 Phänotypische und molekulare Vorhersage der Rezeptivität

Aus Vorarbeiten des IPK stand eine Kreuzung der kontrastierenden Eltern Benchmark und Partner zur Verfügung. Aus dieser Kreuzung erzeugte die Firma Limagrain DH-Linien. Im Oktober 2020 wurden insgesamt 112 DH-Linien dieser Kreuzung am Standort Rosenthal für den ersten Vermehrungs- und Selektionsschritt ausgesät. Nach einer milden Selektion konnten im August 2021 insgesamt 99 DH-Linien geerntet werden. Diese Linien wurden im Oktober 2021 am Standort Rosenthal in Doppel-Obs Parzellen für einen weiteren Vermehrungsschritt (DH0 zu DH1) ausgesät. Im August 2022 wurden alle 99 DH-Linien erfolgreich geerntet, mit einem durchschnittlichen Erntegewicht von 873g. Diese Menge war ausreichend, um die geplanten Kreuzungsblöcke mit einem Väter-Mix bei KWS und ASUR in einem Alpha-Lattice Versuchsdesign mit zwei Wiederholungen durchzuführen. Leider waren die Korrelationen für das Merkmal Saatgutansatz zwischen den Versuchen sehr niedrig. Ebenso waren die genomischen Vorhersagegenauigkeiten innerhalb der Orte, als indirektes Merkmal für die Qualität der phänotypischen Daten, sehr gering.



**Abbildung 6:** Kreuzvalidierte genomische Vorhersagegenauigkeiten für das Merkmal Saatgutansatz innerhalb der verschiedenen Umwelten für die Benchmark x Partner Population

Im Arbeitspaket 2 wurde die Rezeptivität von Mutterlinien getestet. Zu Projektbeginn wählte die Firma Limagrain 15 Zuchtstämme aus, die ein breites Blühfenster und ausreichende Antherenextrusion zeigten. Saatgut dieser Stämme wurde 2019 den Partnern KWS und Nordsaat zur Verfügung gestellt, um zweijährige Kreuzungsblöcke mit einem Male-Mix anzulegen. Zehn dieser Stämme wurden für eine Marker-gestützte CMS-Einlagerung ausgewählt und die entsprechenden Rückkreuzungen begannen mit Projektstart. Um das Ausscheiden des Projektpartners Syngenta zu kompensieren, wurden zwei zusätzliche Zuchtstämme für die CMS-Einlagerung ausgewählt. Im Jahr 2021 erfolgte die erste CMS-Erhaltung unter isolierten

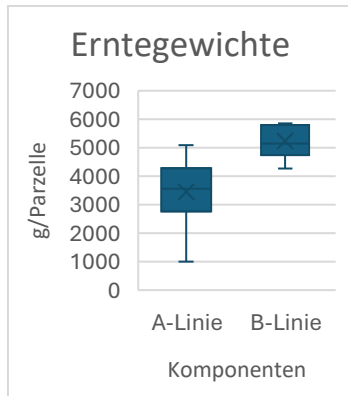
Bedingungen im Feld an unserem Standort in Verneuil. Zur zweiten Projektphase sollte ausreichend CMS Saatgut zur Verfügung stehen. Im Jahr 2022 konnte ausreichend Saatgut der A-Linien für Kreuzungsblöcke zur Ernte 2023 an drei Orten geerntet werden. Für das Erntejahr 2024 wurde eine weitere CMS Vermehrung im Jahr 2022/23 durchgeführt.

Die Kreuzungsblöcke wurden in den Erntejahren 2023 und 2024 an unserem Standort in Verneuil angelegt. Der Anbau der Kreuzungsblöcke erfolgte in einem Streifenanbau (Male – Female – Male). Als Vater kam eine Vätermischung zum Einsatz, um ein möglichst breites Blühfenster zu gewährleisten. Im ersten Versuchsjahr standen 27 CMS Mütter zur Verfügung (8 SZ, 8 KWS und 11 LG), im zweiten Versuchsjahr erneut 27 CMS jedoch mit leicht abweichenden Herkünften (7 SZ, 8 KWS, 12 LG). Neben den CMS Müttern wurden zusätzlich einige B-Linien in den Versuch aufgenommen, um einen Vergleich von Saatgutansatz bei Selbstbefruchtung zu erhalten. Abbildung 7 zeigt das Versuchsdesign im Jahr 2023.

5	M	CMS Sanremo	M	SZ83	M	CMS Stereo	M	LG_Fe_16	M	LG_Fe_15	M	CMS Zyatt	M	LG_Fe_13	M	LG_Fe_06	M	LG_Fe_01	M	SZ88	M	SZ81	M	CMS Extase	M	ORGE	ORGE	LG_Fe_08 FERTILE	LG_Fe_13 FERTILE	Lithium	CMS Roggen
4	M	SZ81	M	LG_Fe_13	M	CMS Montana	M	CMS Extase	M	LG_Fe_16	M	SZ84	M	SZ84	M	LG_Fe_04	M	CMS Lithium	M	CMS Sanremo	M	LG_Fe_16	M	CMS Zyatt	M	ORGE	ORGE	LG_Fe_05 FERTILE	LG_Fe_14 FERTILE	Jersey	Zyatt
3	M	SZ86	M	SZ82	M	LG_Fe_17	M	LG_Fe_10	M	LG_Fe_06	M	LG_Fe_06	M	SZ86	M	LG_Fe_05	M	LG_Fe_05	M	LG_Fe_18	M	SZ83	M	FILLER	M	ORGE	ORGE	LG_Fe_04 FERTILE	LG_Fe_10 FERTILE	Extase	Stereo
2	M	SZ85	M	SZ87	M	LG_Fe_01	M	LG_Fe_18	M	SZ88	M	CMS Lithium	M	CMS Montana	M	LG_Fe_02	M	SZ85	M	CMS Stereo	M	LG_Fe_01	M	SZ87	M	ORGE	ORGE	LG_Fe_03 FERTILE	LG_Fe_17 FERTILE	FILLER	Sanremo
1	M	CMS Jersey	M	LG_Fe_02	M	LG_Fe_05	M	LG_Fe_10	M	LG_Fe_17	M	LG_Fe_04	M	LG_Fe_10	M	CMS Jersey	M	LG_Fe_17	M	SZ82	M	LG_Fe_02	M	LG_Fe_15	M	ORGE	ORGE	LG_Fe_02 FERTILE	LG_Fe_14 FERTILE	Montana	
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	21	22	23	24	25	26	27	28	29	30	31

**Abbildung 7:** Randomisation der Kreuzungsblöcke in AP2 an unserem Standort Verneuil in Frankreich. M=Male, schematische Darstellung

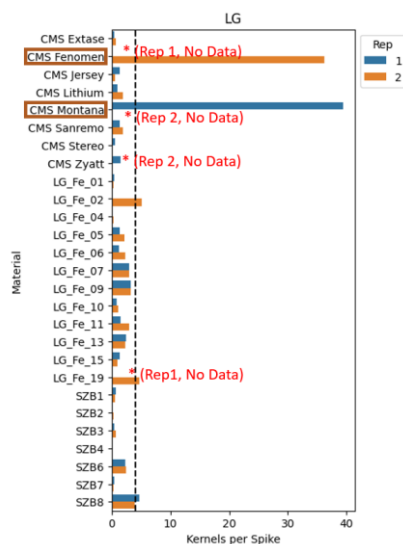
Abbildung 8 zeigt die Erntegewichte der A- und B-Linien. Der Saatgutansatz in den Kreuzungsblöcken betrug durchschnittlich etwa 65% im Vergleich zu den B-Linien. Neben den Erntegewichten wurden auch die Tausendkorngewichte ermittelt. Während der Feldsaison wurden zusätzlich die Merkmale Ährenschieben, Blühbeginn, Blühhöhepunkt, Blühende, Antherenextrusion und Wuchshöhe bonitiert. Tabelle 3 zeigt die quantitativ genetischen Parameter der einzelnen Merkmale. Die Wiederholbarkeiten am Standort in Verneuil waren sehr gut. Zudem wurde die Anzahl der fertilen Pflanzen in den Parzellen der A-Linien bestimmt. Abbildung 9 zeigt hierzu Daten aus dem Erntejahr 2023, insbesondere zwei CMS Stämme zeigten Schwierigkeiten. Weiterführende Auswertungen zeigten sehr schwache Korrelationen zwischen dem Kornansatz perse – Gametozid – CMS. Dies deutet darauf hin, dass eine aufwändigere Einlagerung ins CMS-Cytoplasma für eine Produktionseinschätzung notwendig ist.



**Abbildung 8:** Erntegewichte in den Kreuzungsblöcken. Dargestellt sind getrennt die Gewichte der A- und B-Linien.

**Tabelle 3:** Genotypische Varianz, Fehlervarianz, Wiederholbarkeit und Anzahl der Wiederholungen für die Daten des Limagrain Standortes

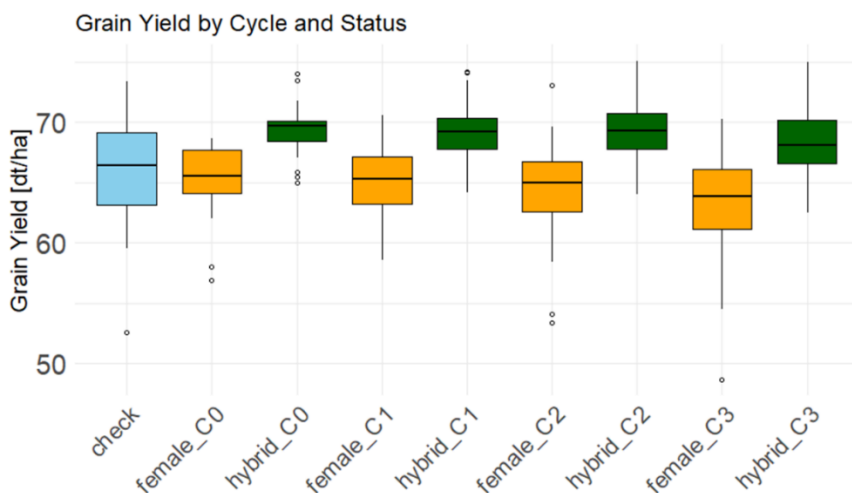
Trait	Vg	Ve	Repeatability	nrep
Plant_height	109.725	1.575	<b>0.993</b>	1.955
Heading_date	63.521	0.143	<b>0.999</b>	1.955
Flow_beg	74.254	0.381	<b>0.997</b>	1.955
Peak_flow	73.127	0.248	<b>0.998</b>	1.955
Flow_end	42.748	0.596	<b>0.993</b>	1.955
kernels_per_spike	0.654	0.452	<b>0.739</b>	1.955
Yield_m2	14477.789	729.807	<b>0.975</b>	1.955
Yield_dt_ha	144.778	7.298	<b>0.975</b>	1.955



**Abbildung 9:** Körner je Ähre nach Selbstbefruchtung unter Tüten zur Prüfung der Sterilität

#### AP4 Reziproke rekurrente genomische Selektion

Im Rahmen des ZUCHTWERT Projekts, gefördert durch das BMEL, wurde ein reziprokes rekurrentes genomisches Selektionsprogramm (RRGS) gestartet. Zu Beginn des HYFLOR Projekts standen Hybriden aus den Zyklen C0, C1-random, C1-selected und C2-selected zur Verfügung. Die Testhybriden für den 4. Zyklus (C3-selected) wurden in der Anbausaison 2019/2020 produziert. Limagrain produzierte erfolgreich 67 Hybriden am Standort Verneuil, wobei die Brutto-Erntegewichte stark variierten. Schließlich wurden 30 Hybriden mit ausreichender Saatgutmenge selektiert. Zusätzlich wurde Saatgut aus den Zyklen C2 (30 Hybriden) und C1 (24 Hybriden) verwendet. Das Saatgut aller Limagrain Hybriden, Eltern und Checks wurde im September 2020 am Standort Rosenthal aufbereitet, verwogen und an die Versuchsstandorte versandt. Die Aussaat des RRGS Versuchs in Adenstedt erfolgte im Oktober 2020. In den insgesamt 700 Ertragsparzellen wurden neben Kornertrag die Merkmale Ährenschieben, Wuchshöhe, Abreife, Hektolitergewicht und Rohproteingehalt erfasst. In den 630 Beobachtungspazellen konnten die Merkmale Ährenschieben, Wuchshöhe, Braunrost, Gelbrost und Ährenfusarium bonitiert werden. Abbildung 10 zeigt eine integrierte Verrechnung der verschiedenen Zyklen des Projektes. Für die Hybriden ist zunächst ein sehr leichter Anstieg und dann in C3 ein leichter Abfall im Kornertrag zu beobachten. Dies lässt sich möglicherweise durch den starken Effekt von Jahreseffekten und durch das relativ kleine genomische Kalibrationsmodell aus dem Hywheat Projekt erklären. In dieser Kalibration waren nur zwei Erntejahre (2012 und 2013) enthalten mit denen die genomischen Vorhersagen im RRGS Projekt durchgeführt wurden. Dies kann als weiterer Grund für den relativ schwachen Selektionsgewinn diskutiert werden.



**Abbildung 10:** Kornerträge der verschiedenen Zyklen und Materialgruppen im RRGS Projekt

## **2. Wichtigste Positionen des zahlenmäßigen Nachweises**

Eine detaillierte Aufstellung entnehmen Sie bitte dem zahlenmäßigen Nachweis.

## **3. Notwendigkeit und Angemessenheit der geleisteten Arbeit**

Die Hybridweizenzüchtung hat das Potenzial, die Herausforderungen einer nachhaltigen Ertragssteigerung angesichts des Klimawandels zu bewältigen. Die Einführung dieser Züchtung ist jedoch komplex und ohne die Unterstützung des BMEL/BLE schwer umzusetzen. Im HYFLOR-Projekt wurden die Grundlagen für eine kostengünstige Produktion von Hybridweizen erforscht und Methoden zur wissenschaftlichen Verbesserung der Komplementarität zwischen Elternlinien entwickelt. Viele der durchgeführten Versuche und Analysen waren neuartig. Die bisherigen Veröffentlichungen bestätigen die Qualität der geleisteten Arbeit.

## **4. Voraussichtlichen Nutzen im Sinne des Verwertungsplans**

Im Projekt HYFLOR wurden Nachwuchswissenschaftler/innen auf dem Gebiet Pflanzenzüchtung und Genetik ausgebildet, die nun ihre Expertise in Unternehmen einbringen. Bearbeitete Fragestellungen wurden bereits in wissenschaftlichen Fachzeitschriften veröffentlicht. Weitere Manuskripte sind in Vorbereitung. Durch die enge Zusammenarbeit zwischen wissenschaftlichen und wirtschaftlichen Partnern konnte der Wissenstransfer zu den indirekten Merkmalen Bestäubungsleistung und Rezeptivität erfolgreich realisiert werden. Die detektierten QTL für Bestäubungsleistung sollen validiert werden.

## **5. Bekanntgewordener Fortschritt bei anderen Stellen**

Das HYFLOR-Konsortium arbeitete an vorderster Front der Hybridweizenforschung und konnte daher nur begrenzt auf relevante Fortschritte anderer Stellen zurückgreifen. Die Arbeiten an einem alternativen Hybridmechanismus, einem genetischen Sterilitätsmechanismus in Verbindung mit einer Farbsortierung der Körner, stellen einen interessanten Fortschritt dar, um die Hybridweizenzüchtung großflächiger umzusetzen.

## **6. Veröffentlichungen der Ergebnisse**

### ***Bereits publiziert:***

- Kumar, D. 2022. Physiological and quantitative genetic analysis of wheat pollen viability and pollen number. Masterarbeit CIHEAM Mediterranean Agronomic Institute of Zaragoza (IAMZ), Spain.
- Rembe, M., J.C. Reif, E. Ebmeyer, P. Thorwarth, V. Korzun, J. Schacht, P.H.G. Boeven, E. Kazman, N. Philipp, S. Kollers, N. Pfeiffer, C.F.H. Longin, N. Hartwig, M. Gils, and Y. Zhao. 2021. Reciprocal recurrent genomic selection is impacted by genotype-by-environment interactions. *Front. Plant Science* <https://doi.org/10.3389/fpls.2021.703419>.
- Schmidt, C., V. Hinterberger, N. Philipp, J.C. Reif, and T. Schnurbusch. 2024., Hybrid grain production in wheat benefits from synchronized flowering and high female flower receptivity, *Journal of Experimental Botany* erae430, <https://doi.org/10.1093/jxb/erae430>

- Schneider, J. 2020. Die Eignung von Elitelinien für die Hybridsaatgutproduktion und als Tester in Kreuzungen mit pflanzengenetischen Ressourcen. Masterarbeit an der Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg.
- Schneider, J., V. Hinterberger, M. Spiller, T. Moittié, M. Gils, M. Wolf, J.C. Reif, and A.W. Schulthess. 2024. First insights into the quantitative genetic composition of the female seed yield for an efficient hybrid seed production in wheat (*Triticum aestivum* L.). *Plant Breeding* <https://doi.org/10.1111/pbr.13160>.
- Wäsch, C. 2022. Impact of male floral traits on seed set in hybrid wheat production. Masterarbeit an der Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg.
- Warnecke, G. 2020. Auswahl von doppelten haploiden Linien aus der Kreuzung Piko mal Hermann für weitere Studien zur Identifizierung exzellenter Bestäubungslinien in der Hybridzüchtung. Masterarbeit an der Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg.

***Im Begutachtungsprozess:***

- Zapata, S.L., A.W. Schulthess, S. El Hanafi, R.H. Schmidt, V. Hinterberger, G. Li, P.H.G. Boeven, J. Chu, M. Gils, Y. Jiang, N. Philipp, V. Pierrick, M. Spiller, J.C. Reif. Disentangling the genetic architecture of key traits for wheat hybrid seed production. *Journal of Experimental Botany*. In review.