Gefördert durch:

Schlussbericht Projekt Fortress - Wheat

Zuwendungsempfänger:
Leibniz-Institut für Pflanzengenetik und Kulturpflanzenforschung (IPK), Prof. Dr. J.C. Reif

Titel der Förderung: Bioökonomie International 2021: (Fortress - Wheat) Untersuchung und Aufklärung neuer genetischer Variation in der Interaktion zwischen Weizen und Rostkrankheiten für einen pestizidreduzierten Weizenanbau

Verantwortlicher Autor: Prof. Dr. Jochen C. Reif

Laufzeit des Vorhabens:
01.10.2022 - 30.09.2025

Berichtszeitraum:
Schlussbericht

Förderkennzeichen:
031B1280C

Das diesem Bericht zugrundeliegende Vorhaben wurde mit Mitteln des Bundesministeriums für Forschung, Technologie und Raumfahrtunter dem Förderkennzeichen 031B1280C gefördert. Die Verantwortung für den Inhalt dieser Veröffentlichung liegt beim Autor.

Inhaltsverzeichnis Seite

I. Kurzbericht

1. Ursprüngliche Aufgabenstellung 01
2. Ablauf des Vorhabens 01
3. Wesentliche Ergebnisse und Zusammenarbeit 02

II. Eingehende Darstellung

1. Verwendung der Zuwendung 03
2. Wichtigste Positionen des zahlenmäßigen Nachweises 08
3. Notwendigkeit und Angemessenheit der geleisteten Projektarbeiten 08
4. Voraussichtlichen Nutzen im Sinne des Verwertungsplans 08
5. Bekanntgewordener Fortschritt bei anderen Stellen 09
6. Veröffentlichungen der Ergebnisse 09

III. Erfolgskontrollbericht

1. Wissenschaftlich-technische Ergebnisse 11
2. Fortschreibung des Verwertungsplans 12
3. Arbeiten, die zu keiner Lösung geführt haben, 13
4. Einhaltung der Ausgaben- und Zeitplanung 14

I. Kurze Darstellung

1. Ursprüngliche Aufgabenstellung

Weizen ist das wichtigste menschliche Nahrungsmittel, das weltweit 20 % der Kalorien und Proteine liefert und für die Bioökonomie von zentraler Bedeutung ist. Pilzkrankheiten haben einen großen Einfluss auf die Getreideproduktion. Unter ihnen sind der durch *Puccinia graminis tritici* (*Pgt*) verursachte Schwarzrost und der durch *Puccinia striiformis tritici* (*Pst*) verursachte Gelbrost zwei der wichtigsten Pilzkrankheiten. Ein wichtiger Bestandteil der EU-Bioökonomie ist die Verringerung des Einsatzes chemischer Fungizide, wodurch die Möglichkeiten der Landwirte zur Bekämpfung von *Pgt* und *Pst* stark eingeschränkt werden. Die Hauptprobleme sind ein begrenztes Verständnis der Vielfalt der Rostrassen, der Dynamik der Rassenentwicklung, der Wechselwirkungen mit der Umwelt und der Auswirkungen auf die Weizenproduktion und lokale und epidemische Ausbrüche von *Pgt* in Italien, Schweden, Frankreich, Deutschland und Russland, die den dringenden Bedarf an *Pgt*-resistenten Linien zeigen. Das Fortress-Wheat Projekt konzentrierte sich auf eine Kernsammlung pflanzengenetischer Ressourcen, die aus der Winterweizensammlung des IPK Gatersleben zusammengestellt wurde. Die Genotypen der Kernsammlung wurden mit Hilfe von Deep Sequencing Ansätzen charakterisiert und die genomischen Daten waren zum Start des Projektes verfügbar. Das Hauptziel des Fortress-Wheat Projektes bestand darin, die Kernsammlung in umfassenden Feldversuchen auf ihre Resistenz gegen *Pgt* und *Pst* zu untersuchen, die Sequenzvielfalt von *Pgt* und *Pst* in verschiedenen Umgebungen zu charakterisieren, neuartige Resistenzgene zu identifizieren, die im Elitezuchtpool fehlen, die Wirts-Pathogen-Interaktionen auf genetischer Ebene mit einem maßgeschneiderten quantitativen genetischen Rahmen zu untersuchen und eine funktionierende Strategie zu entwickeln, um den Einsatz chemischer Fungizide zur Bekämpfung von *Pgt* und *Pst* zu reduzieren.

2. Wissenschaftlicher und technischer Stand, an den angeknüpft wurde

Die pathogenen Rassen von *Pgt* und *Pst* haben sich in den letzten Jahrzehnten rasant diversifiziert und verbreitet. Daraus resultiert eine besorgniserregende Resistenzsituation: Viele Hauptresistenzgene sind bereits überwunden und es fehlen Ansätze zur Erfassung von Resistenzen, die die genetische Diversität der Pathogene berücksichtigen. Zudem ist die genetische Vielfalt in der Elitezüchtung eingeschränkt, weshalb die Suche nach neuen Resistenzgenen in pflanzengenetischen Ressourcen notwendig erscheint. Innovative Ansätze wie die Kombination von Pathogen-Genomdaten und Assoziationskartierungsmodellen eröffnen neue Möglichkeiten, die Interaktionen zwischen Wirt und Pathogen besser zu verstehen und dauerhafte Resistenzen zu identifizieren. Hierzu ist jedoch die Entwicklung entsprechender Assoziationskartierungsverfahren erforderlich.

3. Wesentliche Ergebnisse und Zusammenarbeit

Im Rahmen des „Fortress-Wheat“-Projekts wurden wesentliche Fortschritte bei der Identifizierung und Bewertung von Weizenlinien mit Resistenz gegen Gelbrost (*Pst*) und Schwarzrost (*Pgt*) erzielt. Dabei erfolgte in Zusammenarbeit mit den Partner aus der Privatindustrie mit zwei wissenschaftlichen Einrichtungen eine umfassende Datengenerierung und -analyse auf mehreren Ebenen. Aus der Kernsammlung des IPK Gatersleben wurden 200 pflanzengenetische Ressourcen und 50 Elite-Weizenlinien ausgewählt und an mehreren Standorten evaluiert. Die Phänotypisierungsdaten zeigten eine hohe Wiederholbarkeit und signifikante genotypische Varianzen ($p < 0{,}001$) für die Resistenz gegen beide Rostkrankheiten. Besonders wichtig waren die signifikanten Interaktionen zwischen Genotypen und Umwelten (G × E).

Im Bereich der genetischen Analyse wurden drei genomweite Assoziationskartierungsansätze entwickelt und erfolgreich angewandt, um die genetischen Grundlagen der Resistenz und deren Interaktion mit Umweltfaktoren zu entschlüsseln. Die Modelle berücksichtigten Haupt- und Interaktionseffekte der Umwelt (SNP × E) sowie umweltspezifische Effekte. Die Ergebnisse zeigten beispielsweise für Schwarzrost, dass 637 signifikante ($-\log_{10}P \geq 8{,}69$) Marker-Phänotyp-Assoziationen (MTAs) auf den Chromosomen 1B (635) und 4A (2) identifiziert wurden. Interessanterweise wiesen die meisten dieser MTAs keine signifikanten Umweltinteraktionen auf, was auf stabile Resistenzgene hindeutet. Dennoch wurden 22 signifikante SNP × E-Effekte nachgewiesen, von denen fünf in Einzelumwelt-Analysen bestätigt wurden. Die Kombination der Haupteffekt- und Einzelumwelt-Analysen führte zu einer Gesamtanzahl von 1942 MTAs. Dies unterstreicht die hohe Sensitivität und Leistungsfähigkeit der entwickelten Methoden. Die Ergebnisse wurden im Konsortium sowie im internationalen Rahmen präsentiert und diskutiert. Die entwickelten Verfahren stehen der Privatindustrie zur Nachnutzung zur Verfügung.

II. Eingehende Darstellung

1. Verwendung der Zuwendung

Das IPK Gatersleben war an der Durchführung von drei der insgesamt fünf wissenschaftlichen Arbeitspakete beteiligt. Im Folgenden sind die Ergebnisse für diese drei Arbeitspakete getrennt aufgeführt, wobei die im Antrag definierte Nomenklatur der Arbeitspakete beibehalten wurde.

Arbeitspaket 1 Selektion von *Pgt*- und *Pst*-resistenten Weizenlinien unter Feldbedingungen und Analyse der lokalen Rostpopulationen

Die Kernsammlung für Weizen des IPK Gatersleben umfasst 600 pflanzengenetische Ressourcen und 200 Elitelinien. Für das Fortress-Wheat Projekt wurden 200 pflanzengenetische Ressourcen und 50 Elitelinien ausgewählt. Das Saatgut wurde an die Projektpartner zusammen mit ausgearbeiteten Feldversuchsdesigns versandt. Am IPK wurden wiederholte Feldversuche an zwei Standorten angelegt. Das IPK Gatersleben hat seine im Feld generierten Phänotypisierungsdaten mit denen der Projektpartner zusammengeführt und ausgewertet. Die Ergebnisse der Analysen zeigten hohe Wiederholbarkeiten (Abbildung 1) und Heritabilitäten für Resistenz gegenüber Gelbrost (Tabelle 1) und moderate Heritabilitäten für Resistenz gegenüber Schwarzrost (Tabelle 2). Folglich konnten im Verlauf des Projekts qualitativ hochwertige Daten gewonnen werden. Wichtig für das Projekt war, dass die Interak-tionseffekte zwischen Genotypen und Jahren signifikant waren.

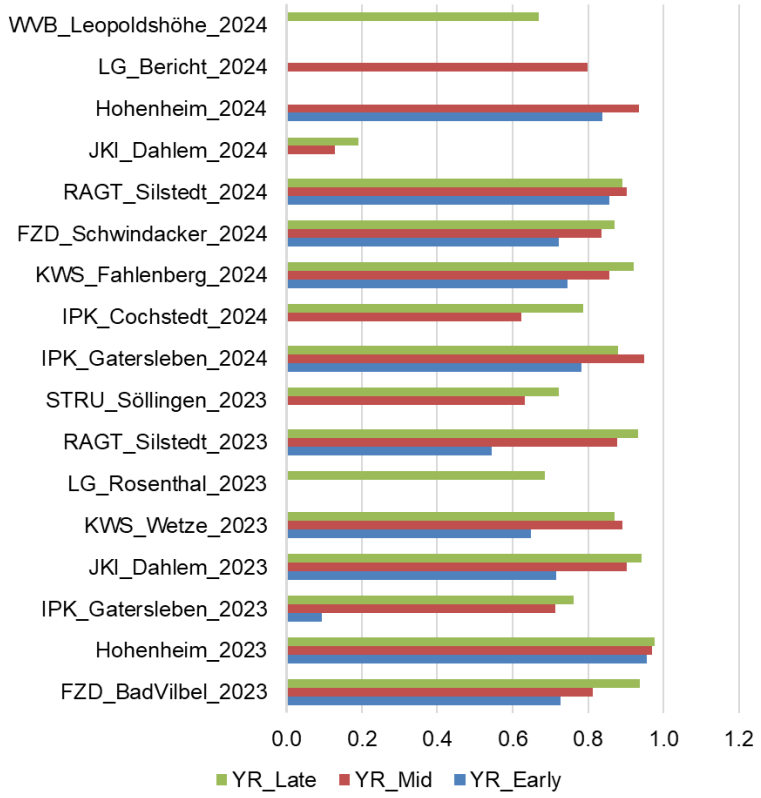

Abbildung 1. Wiederholbarkeiten innerhalb der Umwelten im integrierten Datensatz für Resistenz gegen Gelbrost. Gelbrostbefall wurde zu drei Zeitpunkten gemessen.

Tabelle 1. Varianzkomponentenanalyse für Resistenz gegen Gelbrost. Gelbrostbefall wurde zu drei Zeitpunkten gemessen.

Varianzkomponente	**Früh**	**Mittel**	**Spät**
$\sigma^2_{Genotype}$	0.97	2.33	3.55
$\sigma^2_{Genotype \times Umwelt}$	1.05	1.02	1.17
σ^2_{Fehler}	0.88	0.87	1.31
Heritabilität	0.88	0.96	0.96

Tabelle 2. Varianzkomponentenanalyse für Resistenz gegen Schwarzrost. Schwarzrost wurde zu zwei Zeitpunkten gemessen. Daraus wurde der maximale Wert (Max) ermittelt.

Varianzkomponente	**Früh**	**Mittel**	**Max**
$\sigma^2_{Genotype}$	0.71	0.99	0.85
$\sigma^2_{Genotype \times Umwelt}$	1.10	0.92	0.90
σ^2_{Fehler}	1.38	1.38	1.37
Heritabilität	0.40	0.63	0.61

Arbeitspaket 2 Bewertung zukünftiger *Pgt*-Risiken durch systematische Überprüfung von Rosten auf Berberitze

Im Jahr 2023 wurde in Zusammenarbeit mit der Fa. RAGT ein Standort mit Berberitzen identifiziert. Im Jahr 2023 wurden Blattproben mit *Pgt*-Befall genommen und an den Partner JKI geschickt (Abbildung 2).

Abbildung 2. Sammlung von *Pgt*-befallnen Berberitzen.

Arbeitspaket 4 Verbesserte genomweite Assoziationskartierungsansätze zum Verständnis von Wechselwirkungen zwischen Genen und Umwelten

Im Rahmen des Fortress-Wheat Projekt wurden drei Assoziationskartierungsansätze implementiert. Die Anzahl der Genotypen, Marker und Umwelten seien im Folgenden mit *n*, *k* und *p* bezeichnet. M_a sei die $n \times p$-Matrizen der additiven Markereffekte. Für die Markerkodierung wurde die F_∞-Metrik verwendet: Ist der *j*-te Marker-Genotyp für den *i*-ten Genotyp homozygot für das Referenz-Allel (bzw. heterozygot, homozygot für das alternative Allel), so wird der Marker (*i*, *j*) in M_a mit 1 (bzw. 0, –1) kodiert. Alle drei GWAS-Modelle wurden mit eigenentwickelten R-Skripten implementiert. Für jedes Modell wurde der P3D-Ansatz angewandt: Die Varianzkomponenten wurden im Nullmodell (ohne Marker) einmal geschätzt und für alle Marker fixiert.

Im ersten Modell wurden die Haupteffekte der Markereffekte über alle Umwelten hinweg getestet. Das Modell lautet:

$$y = 1_n\mu + ma + g_a + \varepsilon,$$

wobei *y* der *n*-dimensionale Vektor der adjustierten Mittelwerte aller Genotypen ist, 1_n der *n*-dimensionale Vektor aus Einsen, μ der Populationsmittelwert, *a* die fixen Effekte des getesteten Markers, *m* der *n*-dimensionale Vektoren für Additiveffekte, g_a die Vektoren der gesamten additiven genetischen Effekte mit $g_a \sim N(0, G_a\sigma^2_a)$, wobei die Verwandtschaftsmatrize $G_a = M_aM_a'/c_a$ mit c_a = *Mittelwert(diag(M_a M_a'))* berechnet wurden. Der Vektor der Residuen ist $\varepsilon \sim N(0, I_n\sigma^2_\varepsilon)$, wobei I_n die $n \times n$-Einheitsmatrix ist. Die Signifikanz der geschätzten Effekte $\hat{a}$ wurde mittels eines Wald-Tests geprüft: Die Teststatistik $T_a = \hat{a}^2/var(\hat{a})$ ist χ^2 verteilt mit einem Freiheitsgrad.

Im zweiten Modell wurden die Interaktionseffekte zwischen Markern und Umwelten getestet, wobei die Genotyp-Umwelt-Interaktionen explizit berücksichtigt wurden. Das Modell hat die Form:

$$y = 1_{nk}\mu + 1_k ma + \begin{bmatrix} I_{k-1} \otimes m \\ 0_{n\times(k-1)} \end{bmatrix} a_e + (I_k \otimes 1_n)e + (1_k \otimes I_n)g_a + i_a + \varepsilon,$$

wobei $y = (y_{11}, y_{21}, \ldots y_{n1}, y_{12}, y_{22}, \ldots y_{n2}, \ldots, y_{1k}, y_{2k}, \ldots y_{nk})$ ein *nk*-dimensionaler Vektor ist, y_{ij} die adjustierten Werte des *i*-ten Genotyps in der *j*-ten Umwelt, 1_{nk} der *nk*-dimensionale Vektor aus Einsen, μ der Populationsmittelwert, *e* der *k*-dimensionale Vektor der Umwelteffekte mit $e \sim N(0, I_k\sigma^2_e)$, *a* die fixen Effekte des getesteten Markers, *m* der *n*-dimensionale Vektoren für Additiveffekte, $\otimes$ steht für das Kronecker-Produkt zweier Matrizen, a_e der Interaktionseffekt zwischen Marker- und Umwelten (für die ersten *k-1* Umwelten), $i_a \sim N(0, I_k \otimes G_a \sigma^2_{a\times e})$ die Interaktionseffekte zwischen genetischen und Umwelt-Effekten. Der Interaktionseffekt für die letzte Umwelt wurde aufgrund von Kollinearität nicht modelliert, und $0_{n\times(k-1)}$ bezeichnet die $n \times (k-1)$-Matrix, deren Einträge alle null sind; g_a ist wie oben definiert, $i_a \sim N(0, I_k \otimes G_a\sigma^2_{a\times e})$ ist ein *nk*-dimensionaler Vektor der Interaktionseffekte zwischen den gesamten additiven Effekten und den Umwelten, $\varepsilon \sim N(0, I_{nk}\sigma^2_\varepsilon)$ ist ein nk-dimensionaler Vektor

der Residuen. Die Signifikanz der Interaktionseffekte $\hat{a}_e$ wurde mittels Wald-Tests geprüft: $T_{ae} = \hat{a}_e' \, var(\hat{a}_e)^{-1} \hat{a}_e$ ist χ^2-verteilt mit *k-1* Freiheitsgraden.

Im dritten Modell wurden die additiven Effekte aller Marker jeweils innerhalb jeder Umwelt getestet. Das Modell unterscheidet sich nur geringfügig vom zweiten:

$$y = 1_{nk}\mu + (I_k \otimes m_{\square})a_s + (I_k \otimes 1_n)e + (1_k \otimes I_n)g_a + i_a + \varepsilon,$$

wobei alle Bezeichnungen wie in der oberen Gleichung, mit der Ausnahme, dass a_s der *k*-dimensionale Vektor der umweltspezifischen additiven Effekte des getesteten Markers ist. Das heißt, $a_s = (a_{s1}, a_{s2}, \ldots, a_{sk})'$, wobei für jedes $i \in \{1, 2, \ldots, k\}$ der Wert a_{si} den additiven Effekt des Markers in der *i*-ten Umwelt darstellt. Die Signifikanzen wurden erneut mittels Wald-Test geprüft. Die Teststatistiken lauten: $T_{a_{si}} = \hat{a}_{si}^2 / \mathrm{var}(\hat{a}_{si})$ und folgen einer χ^2-Verteilung mit einem Freiheitsgrad.

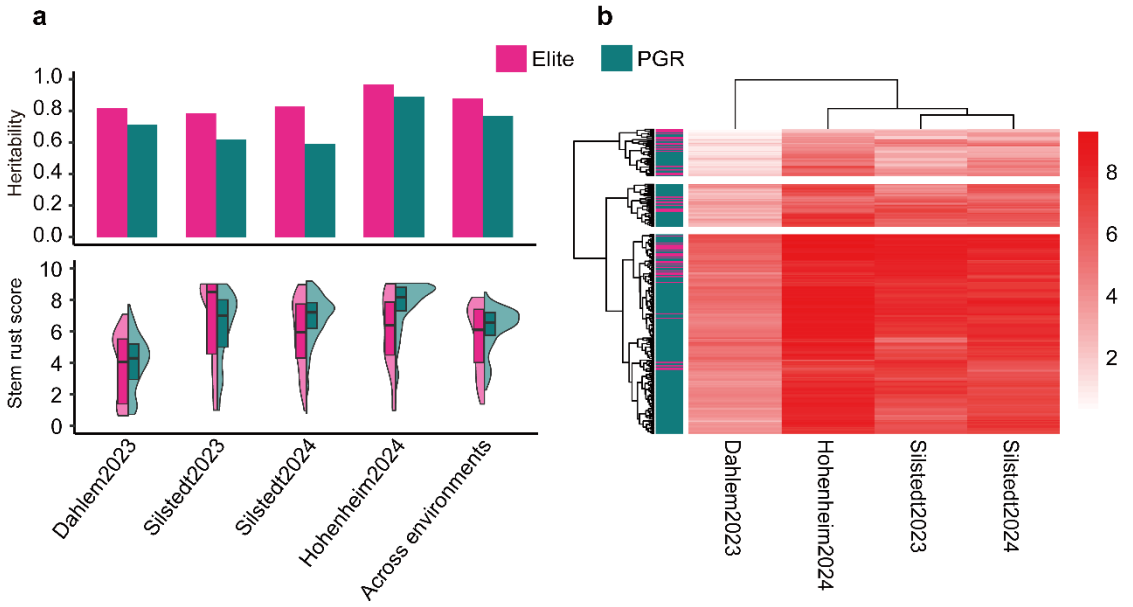

Abbildung 3. Phänotypische Variabilität und Heritabilität der Schwarzrostresistenz (SR) in einer Population aus 200 pflanzengenetischen Ressourcen (PGR) und 50 Elitelinien. **a** Heritabilität (oben) und phänotypische Verteilung (unten) der SR-Schwere in jeder Umwelt sowie über alle Umwelten hinweg für die Elite- und PGR-Gruppen. **b** Heatmap zur Darstellung der Genotyp-Umwelt-Interaktionseffekte für SR, vorhergesagt innerhalb einzelner Umwelten. Zeilen repräsentieren Genotypen, Spalten die Umwelten.

Die Resultate der Assoziationskartierung sind im Folgenden für Schwarzrost exemplarisch dargestellt. Wir bewerteten 250 Genotypen hinsichtlich ihrer Reaktion auf Schwarzrostresistenz unter künstlicher Inokulation mit einer Mischung aus Pathogenrassen. Hierfür nutzten wir die Daten aus vier Umwelten, die eine hohe Qualität aufwiesen. In allen Umwelten zeigten wir, dass die Krankheitsdruckbedingungen die genetische Differenzierung förderten, was zu

signifikanten genotypischen Varianzen (P < 0,001) und Heritabilitätsschätzungen von ≥0,6 innerhalb der Umwelten für die Gruppe an Elitelinien bzw. pflanzengenetischen Ressourcen (PGR) führte (Abbildung 3a). Die Analyse über Umwelten hinweg ergab Schätzungen der Heritabilität von 0,88 für die Elite-Gruppe und 0,77 für die PGR-Gruppe. Die Varianzkomponenten der Genotyp-Umwelt-Interaktionseffekte waren signifikant (P < 0,001) größer als null. Dies veranlasste uns, das Muster der G×E-Interaktion detaillierter zu untersuchen. Unsere Analyse ergab keine deutlichen Cluster von Umwelten und keine signifikanten Unterschiede zwischen der Elite- und der PGR-Gruppe (Abbildung 3b).

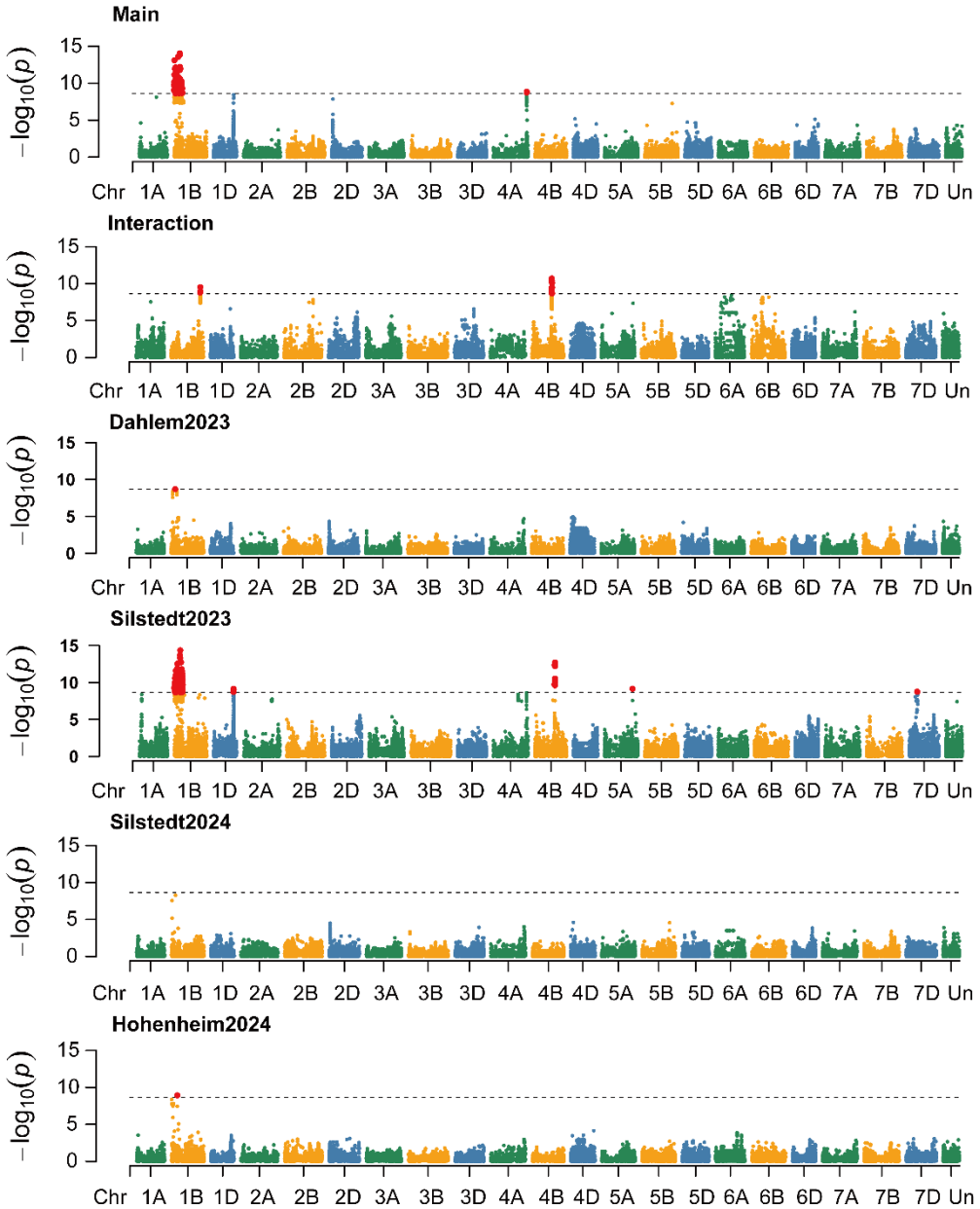

Abbildung 4. Ergebnisse der genomweiten Assoziationsstudie zur Schwarzrostresistenz (SR) über vier Umwelten hinweg. Dargestellt sind Manhattan-Plots für die Haupteffekte, die Marker-Umwelt-Interaktionen sowie die umweltspezifischen Effekte. Die graue horizontale gestrichelte Linie zeigt die genomweite Signifikanzschwelle ($-\log_{10}P = 8{,}69$) nach Bonferroni-Korrektur an.

Wir führten eine genomweite Assoziationsanalyse in den vier Umwelten durch. Dabei kamen die oben beschriebenen Assoziationskartierungsmodelle zum Einsatz. Die Analyse ergab 637 signifikante Marker-Phänotyp-Assoziationen (MTAs; $-\log_{10}P \geq 8{,}69$) auf den Chromosomen 1B (635) und 4A (2) (siehe Abbildung 4). Bemerkenswert ist, dass keiner der 637 MTAs signifikante Umwelt-Interaktionen aufwies. Dennoch konnten 22 signifikante SNP × E-Interaktionseffekte auf Chromosom 1B (drei) und 4B (19) nachgewiesen werden. Bei fünf dieser Interaktionseffekte (alle auf 4B) wurden in den Einzelumwelt-Analysen entsprechende MTAs identifiziert. Zusätzlich zu den 637 MTAs, die bei der Haupteffektanalyse gefunden wurden, identifizierten wir 1291 umweltspezifische MTAs in den Einzelumweltanalysen, die in den Haupteffektanalysen nicht erfasst wurden. Damit erhöht sich die Gesamtanzahl der MTAs auf 1942 und untermauert das Potenzial der entwickleten Assoziationskartierungsansätze.

2. Wichtigste Positionen des zahlenmäßigen Nachweises

Beschreibung	Plan in EUR	Aufwand in EUR
0812 Wissenschaftler	178.902,72	176.259,36
0817 Angestellte	35.601,21	31.044,98
0843 sonstige allg. Verwaltungsausgaben	51.050,39	49.170,41
0844 Dienstreisen	7.000,00	5.363,73
0861 Summe	272.554,32	261.838,48

3. Notwendigkeit und Angemessenheit der geleisteten Arbeit

Der Aufschluss neuer Resistenzgene für die Weizenzüchtung ist ein exzellenter Ansatz, um die Herausforderungen einer nachhaltigen Weizenproduktion und einer pestizidreduzierten Landwirtschaft im Zeichen des Klimawandels zu bewältigen. Allerdings ist die Detektion von Resistenzgenen unter Berücksichtigung ihrer Interaktionen mit der Umwelt herausfordernd und ohne die Unterstützung des BMEL/BLE schwer zu realisieren. Im Rahmen des Fortress-Wheat-Projekts wurde ein Meilenstein erreicht: Eine Kernsammlung im Weizen wurde auf ihre Resistenz gegen *Pgt* und *Pst* untersucht, die Sequenzvielfalt von *Pgt* und *Pst* in verschiedenen Umgebungen charakterisiert und neuartige Resistenzgene identifiziert, die im Elitezuchtpool fehlen. Darüber hinaus wurden die Wirts-Pathogen-Interaktionen auf genetischer Ebene mit einem maßgeschneiderten quantitativen genetischen Rahmen untersucht. Die umfangreichen Datensätze zeichnen sich durch eine sehr hohe Qualität aus. Dies beruht auf einer weitsichtigen Planung, exzellentem Logistik-Management und der Durchführung der Versuche sowie einer herausragenden Pipeline für die Kuration der Daten.

4. Voraussichtlichen Nutzen im Sinne des Verwertungsplans

Das interaktive und komplementäre Projekt erweiterte unser Wissen über Schwarz- und Gelbrostresistenz. Die intensiv charakterisierte Sammlung von pflanzengenetischen Ressourcen

unter verschiedenen Feldbedingungen und die Kenntnis über Resistenzloci sind direkt anwendbar, um Rostkrankheiten in konventionellen und ökologischen Anbausystemen zu bekämpfen. Die enge Einbindung in Züchtungsnetzwerke, unterstützt durch den australischen Partner, erleichtert einen direkten Wissenstransfer. Die beteiligten Forschungseinrichtungen bauten durch die Arbeiten ihre internationale Sichtbarkeit in der Weizenforschung weiter aus. Auf diese Weise werden sie als kompetente Partner für weitere Kooperationen aufgenommen und erhöhen so die Chancen auf Anschlussprojekte. So wurde schon zeitnahe ein weiteres Projekt beim BMLEH eingeworben. Im Rahmen des Projekts wurden hochqualifizierte Fachkräfte für Bereiche die Pflanzenzüchtung qualifiziert, die durch eine hohe Nachfrage aber ein geringes Angebot an Bewerbern charakterisiert sind. Davon profitiert mitunter die deutsche Züchtungsindustrie.

5. Bekanntgewordener Fortschritt bei anderen Stellen

Im Berichtszeitraum wurden Studien zu Resistenzloci gegenüber *Pgt* und *Pst* publiziert. Diese wurden für die Interpretation der Ergebnisse herangezogen.

6. Veröffentlichungen der Ergebnisse

Publikationen (in Begutachtung)

Jiaojiao Wang, Renate H. Schmidt, Guoliang Li, Albrecht Serfling, Jochen C. Reif, and Yong Jiang. From QTL to Candidate Genes: A Data-Driven Approach to Understanding Yellow Rust Resistance in Central European Wheat. In review

Jiaojiao Wang,·Guoliang Li, Tim Kloppe, Kerstin Flath, Philipp Schulz, Mathias Wiegman, Thomas Miedaner, Yong Jiang, and Jochen C. Reif. Discovering Novel Stem Rust Resistance Loci in Wheat Genetic Resources. In review

Vorträge auf internationalen Konferenzen

Jiaojiao Wang. 2024. QTL-by-environment interaction pattern for yellow rust resistance in wheat. 3rd International Wheat Congress, 22-27 Sept 2024, Perth, Australia

III. Erfolgskontrollbericht

Gefördert durch:

Projekt Fortress - Wheat

Zuwendungsempfänger:
Leibniz-Institut für Pflanzengenetik und Kulturpflanzenforschung (IPK), Prof. Dr. J.C. Reif

Titel der Förderung: Bioökonomie International 2021: (Fortress - Wheat) Untersuchung und Aufklärung neuer genetischer Variation in der Interaktion zwischen Weizen und Rostkrankheiten für einen pestizidreduzierten Weizenanbau

Verantwortlicher Autor: Prof. Dr. Jochen C. Reif

Laufzeit des Vorhabens:	**Berichtszeitraum:**
01.10.2022 - 30.09.2025	Schlussbericht

Förderkennzeichen:
031B1280C

Das diesem Bericht zugrundeliegende Vorhaben wurde mit Mitteln des Bundesministeriums für Forschung, Technologie und Raumfahrtunter dem Förderkennzeichen 031B1280C gefördert. Die Verantwortung für den Inhalt dieser Veröffentlichung liegt beim Autor.

1. Wissenschaftlich-technische Ergebnisse

Das Fortress-Wheat Projekt hat wesentliche wissenschaftliche und technische Fortschritte bei der Bekämpfung von Schwarzrost (*Pgt*) und Gelbrost (*Pst*) erzielt, zwei der wichtigsten Pilzkrankheiten, die die globale Weizenproduktion bedrohen. Als wichtigste menschliche Nahrungsquelle liefert Weizen weltweit rund 20 % der Kalorien und Proteine und ist zentral für die Bioökonomie. Der zunehmende Druck, den Einsatz chemischer Fungizide zu reduzieren, macht die Entwicklung resistenter Sorten dringlicher – insbesondere in Anbetracht der rasanten Diversifizierung und Ausbreitung virulenter Rassen in Europa, die bereits mehrere Hauptresistenzgene überwunden haben. Das Projekt setzte daher auf eine ganzheitliche Strategie, die auf der Kernsammlung pflanzengenetischer Ressourcen des IPK Gatersleben basiert, die bereits mit Deep-Sequencing-Technologien charakterisiert war.

Die wissenschaftliche und technische Basis des Projekts zielte darauf ab Methoden zu entwickeln, um die genetische Diversität der Pathogene, die Dynamik der Rassenentwicklung und die Genotyp-Umwelt-Interaktionen (G×E) systematisch zu erfassen. Insbesondere fehlten integrierte Modelle, die die komplexen Wirts-Pathogen-Interaktionen auf genetischer Ebene analysieren und prädiktive Werkzeuge für die Züchtung bieten. Um diese Lücke zu schließen, wurden drei genomweite Assoziationskartierungsansätze entwickelt und implementiert, die Haupteffekte, Umwelt-Interaktionseffekte (SNP × E) und umweltspezifische Effekte berücksichtigten.

Die Ergebnisse zeigten eine hohe Qualität der Datengenerierung: In umfassenden Feldversuchen mit 200 pflanzengenetischen Ressourcen und 50 Elite-Weizenlinien wurden signifikante genotypische Varianzen ($P < 0{,}001$) und Heritabilitäten von ≥0,6 für die Resistenz gegen beide Rostkrankheiten nachgewiesen. Besonders herausragend war die signifikante Wirkung von G×E-Interaktionen, die die Notwendigkeit von multi-environmentalen Ansätzen unterstreichen. Für Schwarzrost wurden beispielsweise 637 signifikante Marker-Phänotyp-Assoziationen (MTAs; $-\log_{10}P \geq 8{,}69$) identifiziert – hauptsächlich auf Chromosom 1B (635) und 4A (2). Interessanterweise wiesen die meisten dieser MTAs keine signifikanten Umweltinteraktionen auf, was auf stabile, dauerhafte Resistenzgene hindeutet. Dennoch wurden 22 signifikante SNP × E-Effekte nachgewiesen, von denen fünf in Einzelumwelt-Analysen bestätigt wurden. Die Kombination der Haupteffekt- und Einzelumwelt-Analysen führte zu einer Gesamtanzahl von 1942 MTAs, was die hohe Sensitivität und Leistungsfähigkeit der entwickelten Methoden unterstreicht.

Zusätzlich wurde erstmals eine systematische Erfassung von *Pgt*-Rassen auf Berberitzen durchgeführt, dem natürlichen Zwischenwirt, der eine sexuelle Rekombination und damit die Entstehung neuer, virulenter Rassen ermöglicht.

Die entwickelten genomweite Assoziationskartierungsansätze, die genetischen Daten und die identifizierten Resistenzgene stehen nun der Züchtungsindustrie und der Forschungsgemeinschaft zur Verfügung und ermöglichen die Entwicklung von Sorten mit dauerhafter Resistenz. Die Ergebnisse tragen maßgeblich zur Reduktion des Fungizideinsatzes, zur Stärkung der Nachhaltigkeit und zur Sicherung der Ernährungssicherheit bei – ein zentraler Beitrag zur Umsetzung der deutschen und europäischen Bioökonomiestrategie.

2. Fortschreibung des Verwertungsplans

Erfindungen/Schutzrechtsanmerkungen und erteilte Schutzrechte, die vom Zuwendungsempfänger oder von am Vorhaben Beteiligten gemacht oder in Anspruch genommen wurden, sowie deren standortbezogene Verwertung (Lizenzen u.a.) und erkennbare weitere Verwertungsmöglichkeiten.

Im Projekt sind keine Erfindungen und Schutzrechtanmerkungen erfolgt.

Wirtschaftliche Erfolgsaussichten nach Projektende (mit Zeithorizont) - z. B. auch funktionale/wirtschaftliche Vorteile gegenüber Konkurrenzlösungen, Nutzen für verschiedene Anwendergruppen/-industrien am Standort Deutschland, Umsetzungs- und Transferstrategien (Angaben, soweit die Art des Vorhabens dies zulässt).

Im Rahmen des Konsortiums wurde ein ganzheitlicher Ansatz verfolgt, um das Verständnis der Pathogene und der genetischen Grundlagen der Pathogenresistenz bei Weizen zu erweitern. Dies ermöglicht eine effektive genomgestützte Züchtung resistenter Sorten. Wir konnten die Relevanz von Genotyp-Umwelt-Interaktionseffekten aufzeigen und dabei den Einfluss der Dynamik der genetischen Pathogenpopulationen untersuchen. Im Rahmen des Projekts haben wir genomweite Assoziationskartierungsansätze entwickelt, um die Genotyp-Umwelt-Interaktionseffekte auf Ebene von Marker-Merkmalsassoziationen zu untersuchen. Diese Ansätze stehen den beteiligten Züchtern für die Entwicklung von markergestützten Selektionsverfahren zur Verfügung. Darüber hinaus gab das Projekt Aufschluss über vorhandene und neue Resistenzloci, die in Zuchtprogramme integriert werden können. Dies wird langfristig einen wichtigen Beitrag zur angestrebten nachhaltigen und gesunden Lebens- und Futtermittelproduktion leisten, wie in der Bioökonomie-Strategie dargelegt. Der geringere Einsatz von Fungiziden durch den Anbau resistenter Weizensorten hat einen sozioökonomischen Nutzen, da er die Kosten für die Landwirtschaft senkt und zu einer gesunden Nahrungsmittelproduktion in den verbündeten Ländern beiträgt.

Wissenschaftliche und/oder technische Erfolgsaussichten nach Projektende (mit Zeithorizont) - u. a. wie die geplanten Ergebnisse in anderer Weise (z. B. für öffentliche Aufgaben, Datenbanken, Netzwerke, Transferstellen etc.) genutzt werden können. Dabei ist auch eine etwaige Zusammenarbeit mit anderen Einrichtungen, Firmen, Netzwerken, Forschungsstellen u. a. einzubeziehen.

Das Projekt Fortress-Wheat ebnet den Weg für eine nachhaltigere Pflanzenproduktion, indem es detaillierte Informationen über die Resistenzloci und ihre Interaktion mit der Umwelt liefert. Darüber hinaus gibt das Projekt Aufschluss über vorhandene und neue Resistenzloci, die in Zuchtprogramme integriert werden können. Die Ergebnisse der Arbeiten wurden bisher in zwei Manuskripten zusammengefasst, die sich derzeit im Begutachtungsprozess internationaler Zeitschriften befinden. Wir sind zuversichtlich, dass dieser Prozess innerhalb der nächsten 12 Monate erfolgreich abgeschlossen sein wird.

Wissenschaftliche und wirtschaftliche Anschlussfähigkeit für eine mögliche notwendige nächste Phase bzw. die nächsten innovatorischen Schritte zur erfolgreichen Umsetzung der Ergebnisse.

Die wissenschaftlichen Fortschritte, die im Forschungsvorhaben erarbeitet werden, besitzen das Potential, die Resistenzforschung in Kulturpflanzen nachhaltig zu beeinflussen. Die beteiligten Forschungseinrichtungen bauen durch die Arbeiten ihre internationale Sichtbarkeit in der Weizenforschung weiter aus. Auf diese Weise werden sie als kompetente Partner für weitere Kooperationen, vor allem im internationalen Raum, aufgenommen und erhöhen so die Chancen auf Anschlussprojekte.

4. Arbeiten, die zu keiner Lösung geführt haben

Alle durchgeführten Arbeiten führten zu Lösungen.

5. Einhaltung der Ausgaben- und Zeitplanung

Die Ausgaben- und Zeitplanung des Gesamtantrages wurde eingehalten.