

Schlussbericht

zum Projekt

Thema:

TERTIUS – Genom-basierte Strategien zur Nutzung des tertiären Genpools für die Züchtung klimaangepassten Weizens

Zuwendungsempfänger:

Julius Kühn-Institut, 06484 Quedlinburg

Förderkennzeichen:

28A8406A18

Laufzeit:

01.04.2020 - 31.03.2025

Berichtersteller:

Dr. Bernd Hackauf

Datum der Veröffentlichung:

12.11.2025

Gefördert durch:



Bundesministerium
für Landwirtschaft, Ernährung
und Heimat

Projektträger



Bundesanstalt für
Landwirtschaft und Ernährung

aufgrund eines Beschlusses
des Deutschen Bundestages

Das diesem Bericht zugrundeliegende Vorhaben wurde aufgrund eines Beschlusses des Deutschen Bundestages mit Mitteln des Bundesministeriums für Landwirtschaft, Ernährung und Heimat (BMLEH) über die Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung (ptble) als Projektträger des BMEL unterstützt. Die Verantwortung für den Inhalt dieser Veröffentlichung liegt beim Autor.

Inhaltsverzeichnis

1. Kurzfassung	3
2. Kurze Darstellung	4
2.1 Aufgabenstellung	4
2.2 Voraussetzungen, unter denen das Vorhaben durchgeführt wurde	4
2.3 Zusammenarbeit mit anderen Stellen	6
3. Eingehende Darstellung der durchgeführten Arbeiten	7
3.1 Verwendung der Zuwendung und erzielte Ergebnisse	7
3.1.1 Genomische Werkzeuge	7
3.1.2 Genomweite Ansätze	9
3.1.3 Präzisionsphänotypisierung	14
3.1.4 Spezifische Merkmale	15
3.1.5 Erweiterung der genetischen Vielfalt	17
3.2 Wichtigste Positionen des zahlenmäßigen Nachweises	17
3.3 Notwendigkeit und Angemessenheit der geleisteten Projektarbeit	17
3.4 Voraussichtlicher Nutzen und Verwertbarkeit der Ergebnisse	18
3.5 Fortschritt auf dem Gebiet des Vorhabens bei anderen Stellen	19
3.6 Erfolgte oder geplante Veröffentlichungen	20
3.6.1 Publikationen in Zeitschriften ohne 'peer review'-Verfahren	20
3.6.2 Beiträge auf Konferenzen	20
3.6.3 Geplante Veröffentlichungen in Zeitschriften mit 'peer review'-Verfahren	21
3.6.3 Ausgewählte Literatur	21
4. Danksagung	21

1. Kurzfassung

Übergeordnetes Ziel des Projekts TERTIUS war die Entwicklung von Weizenprototypen mit optimierter Wurzelleistung, verbesserter Wassernutzungseffizienz und hoher Backqualität, die sich auch unter Trockenstress durch eine stabile Kornertragsleistung auszeichnen. Eine ausreichende genetische Variation im Zuchtmaterial ist dabei grundlegende Voraussetzung für nachhaltigen Zuchtfortschritt.

Im Projekt wurden genom-basierte Züchtungsstrategien eingesetzt, um die genetische Vielfalt im deutschen Weizengenpool gezielt zu erfassen und zu erweitern. Hierzu nutzten wir vorhandene genomische Ressourcen und implementierten innovative Konzepte zur Integration zusätzlicher genetischer Variation in laufende Weizenzuchtprogramme.

Ein Schwerpunkt lag auf der Entwicklung und umfassenden phänotypischen und genotypischen Charakterisierung einer Population rekombinanter Inzuchtlinien (RIL) mit definierter genetischer Konstitution der T1AL.1RS-Translokation aus dem Roggen 'Insave' sowie der T1BL.1RS-Translokation aus 'Petkuser' Roggen.

TERTIUS verfolgte sechs komplementäre Ziele:

- i) Einsatz genomanalytischer Verfahren der Präzisionszüchtung, um durch Nutzung von Weizen-Roggen-Translokationen die genetische Variation des Wurzelsystems in Winterweizen zu erhöhen;
- ii) Nutzung genetischer Ressourcen im Hintergrund der Sorte 'Asory', um neue, an deutsche Zielumwelten angepasste Weizengenotypen mit verbesserter Nährstoff- und Wasseraufnahme sowie hoher Ertragsstabilität unter Trockenstress zu entwickeln;
- iii) Charakterisierung der Stressphysiologie dieser Genotypen mittels innovativer Verfahren zur Phänotypisierung von Wurzelarchitektur, Sprosswachstum und photosynthetischer Leistungsfähigkeit;
- iv) Prüfung der Trockenstresstoleranz der entwickelten Genotypen mit optimiertem Wurzelsystem unter praxisnahen Standortbedingungen;
- v) Aufklärung der genetischen Architektur der Wassernutzungseffizienz durch genomweite Assoziationsanalysen; und
- vi) Nutzung funktionell charakterisierter Sequenzinformationen, um das genetische Potenzial zur Steigerung der Wassernutzungseffizienz in Elitezuchtmaterial zu identifizieren und für praktische Züchtungsprogramme verfügbar zu machen.

2. Kurze Darstellung

2.1 Aufgabenstellung

TERTIUS war ein Forschungs- und Entwicklungsverbund zwischen der Deutschen Saatveredelung (DSV), der Saatzucht Streng-Engelen (SSE) und der Secobra Saatzucht (SEC) als Wirtschaftspartner sowie der Bayerischen Landesanstalt für Landwirtschaft (LfL) und dem Julius Kühn-Institut (JKI) mit den Instituten für Pflanzenbau und Bodenkunde (JKI-PB) sowie Züchtungsforschung an landwirtschaftlichen Kulturen (JKI-ZL) als Wissenschaftspartner.

Die Wirtschaftspartner und die LfL stellten Linien mit 1RS-Translokationssegmenten für die Leistungsprüfung unter Trockenstress zur Verfügung und führten gemeinsam mit dem JKJ umfangreiche Feldversuche und Kreuzungsarbeiten zur Einlagerung von Roggentranslokationen in das Weizengenom durch.

Die LfL hatte zuvor eine F_2 -Population aus der Kreuzung 'Asory' × 'Kamerad' (AxK) etabliert und nutzte ihre Hochdurchsatz-Phänotypisierungsanlage 'Moving Fields' zur Erfassung von Stressreaktionen.

Das JKJ-PB war verantwortlich für die Exaktversuche zum Einfluss von Roggentranslokationen auf das Wurzelsystem sowie für die Präzisionsphänotypisierung unter kontrolliertem Trockenstress.

Das JKJ-ZL übernahm die wissenschaftliche Koordination des Projekts, die Entwicklung molekularer Selektionsmarker und einer RIL aus AxK, die Genotypisierung der Pflanzenmaterials sowie die Identifizierung potenziell wertvoller Genvarianten aus der 'Cadenza'-TILLING-Population. Die JKJ-Standorte Braunschweig-Bundesallee und Groß Lüsewitz fungierten als Standorte der TERTIUS-Feldphänotypisierungsplattform.

Das Projekt gliederte sich in sechs Arbeitspakete, die auf der Bündelung komplementärer Expertise in den Bereichen klassische Pflanzenzüchtung, Pflanzenbau, Genetik und Genomanalyse basierten.

2.2 Voraussetzungen, unter denen das Vorhaben durchgeführt wurde

In Deutschland dominieren nach wie vor Liniensorten den Anbau von Weizen. Ihre züchterische Verbesserung erfordert umfangreiche Prüf- und Selektionsprogramme, die mit hohem Zeit- und Ressourcenaufwand verbunden sind.

Um Zuchtfortschritt bei komplexen Merkmalen wie Ertrag, Nährstoffeffizienz und Trockenstresstoleranz zu beschleunigen, besitzen genom-analytische Verfahren eine Schlüsselfunktion. Sie ermöglichen es, genetische Variation präzise zu erfassen und gezielt in die Züchtung einzubringen. Mit der Veröffentlichung der vollständigen Weizengenomsequenz liegt erstmals eine umfassende Grundlage vor, um Alleldiversität in Elite- und Ressourcengenotypen systematisch auf Sequenzebene zu beschreiben und für die Verbesserung von Weizen nutzbar zu machen.

Eine der zentralen Herausforderungen im Klimawandel besteht darin, die Wassernutzungseffizienz des Weizens zu erhöhen. Morphologie und Architektur des Wurzelsystems sind dabei entscheidende Faktoren für die Aufnahme von Wasser und Nährstoffen und bestimmen wesentlich die Ertragsstabilität unter Trockenstress. Studien der Universität Giessen haben gezeigt, dass züchterische Selektion, insbesondere auf Blütezeit und Wuchshöhe, unbeabsichtigt zu einer Reduktion der Wurzelbiomasse in modernen Sorten geführt hat.

Damit wird die Optimierung des Wurzelsystems zu einem zentralen Zuchtziel für die Anpassung an zunehmend auftretende Dürreereignisse.

Eine vielversprechende Option zur Verbesserung der Wurzelleistung bietet der tertiäre Genpool des Weizens und hier insbesondere der Roggen. Roggen zeichnet sich durch ein tiefreichendes, stark verzweigtes Wurzelsystem und eine hohe Effizienz bei der Nährstoffaufnahme aus. Translokationen aus dem Roggengenom, vor allem der kurze Arm von Chromosom 1 (1RS), sind seit Jahrzehnten in Weizengenome integriert, zunächst wegen ihrer Resistenz gegenüber Krankheiten, inzwischen aber auch wegen ihrer positiven Effekte auf Trockenstresstoleranz und Wurzelentwicklung.

Vergleichende Untersuchungen zeigen, dass Weizenlinien mit 1RS-Translokationen eine deutlich höhere Wurzelbiomasse und -verzweigung aufweisen als isogene Linien ohne dieses Segment. Diese Merkmale führen unter Trockenstressbedingungen zu einer stabileren Wasseraufnahme und damit zu einem verbesserten Ertrag.

Im Bundessortenversuch 2018 zeigte die Sorte 'Asory', die eine T1AL.1RS-Translokation trägt, an 26 Standorten eine um bis zu 10 % höhere Kornertragsleistung als die übrigen geprüften Qualitätsliniensorten. Demgegenüber erreichte die Sorte 'Kamerad' mit einer T1BL.1RS-Translokation unter denselben Bedingungen ein geringeres Ertragsniveau. Diese Unterschiede verdeutlichen, dass der züchterische Nutzen von Roggentranslokationen stark vom genetischen Hintergrund abhängt, in den sie eingelagert sind, sowie von der genetischen Variation innerhalb der jeweiligen 1RS-Segmente selbst.

Die genetische Diversität dieser Translokationssegmente und ihre Bedeutung für die Wassernutzungseffizienz sind bisher kaum untersucht. Hier setzte TERTIUS an:

Das Projekt sollte Aufschluss darüber geben, inwieweit Roggentranslokationen zur Erweiterung der genetischen Basis des Weizens beitragen und wie sie gezielt genutzt werden können, um Wurzelleistung und Trockenstresstoleranz zu verbessern, ohne die Backqualität zu beeinträchtigen. Damit reagiert TERTIUS auf die zentrale Herausforderung der modernen Weizenzüchtung: die Integration genetischer Vielfalt unter gleichzeitiger Wahrung technologischer Qualitätseigenschaften.

Gemessen am Potenzial des Roggens wird derzeit nur ein Bruchteil seiner genetischen Vielfalt für die züchterische Verbesserung von Weizen genutzt. Um genetische Engpässe zu vermeiden, ist ein kontinuierlicher Zustrom neuer Variation erforderlich.

Die Erschließung von Landrassen und alten Sorten bietet hierfür einen vielversprechenden Ansatz. Durch moderne Hochdurchsatz-Genotypisierung können bislang ungenutzte Allele identifiziert und in Elitematerial eingebracht werden. Neuere Analysen an globalen Landrassensammlungen zeigen, dass eine erhebliche Zahl polymorpher Genvarianten außerhalb des heutigen Elitespektrums liegt und damit ein bislang kaum genutztes Reservoir genetischer Anpassung darstellt.

Parallel dazu wächst das Wissen über die molekularen Grundlagen der Stresstoleranz. Sequenzierte und funktionell charakterisierte Kandidatengene können gezielt genutzt werden, um adaptive Allele in Zuchtprogramme zu integrieren.

TERTIUS greift diese Entwicklung auf, indem es molekulare Marker und genomische Informationen für die Selektion von Weizenlinien mit verbesserter Wurzelleistung und effizienter Wassernutzung bereitstellt – als Beitrag zur Entwicklung klimaresilienter und qualitativ hochwertiger Weizensorten für den nachhaltigen Ackerbau in Deutschland.

2.3 Zusammenarbeit mit anderen Stellen

TERTIUS war aktiv in die internationale Allianz zur Anpassung des Weizens an Hitze und Dürre (AHEAD) eingebunden (unter dem Dach der International Wheat Initiative). Ziel des Netzwerks ist es, durch koordinierte internationale Zusammenarbeit Züchtungsstrategien zu entwickeln, die Weizen an die Herausforderungen des Klimawandels anpassen.

Im Rahmen dieser F&E- und Züchtungsgemeinschaft erfolgte ein kontinuierlicher Informationsaustausch zu Keimplasmen, Technologien und Konzepten zur Verbesserung der Hitze- und Dürretoleranz. Dabei wurde das Alleinstellungsmerkmal von TERTIUS deutlich: die Kombination aus bundesweit vergleichender Feldphänotypisierung unter den Extrembedingungen des Jahres 2018 und 2019 sowie einem klaren molekularen/kartierungsbasierten Ansatz zur Nutzung von Roggentranslokationen in Elitehintergründen. Die umfassende Charakterisierung der Sorten 'Asory' und 'Kamerad' diente international als Referenzbeispiel für praxisnahe, standortübergreifende Evidenz.

Durch die Einbindung in AHEAD/International Wheat Initiative wurde die Sichtbarkeit der BMLEH-Forschungsförderung zur Klimaanpassung von Weizen deutlich erhöht. Zugleich entstanden Synergieeffekte durch Zugang zu internationalem Fachwissen und technologischen Ressourcen (u. a. Markerplattformen, Vergleichsdaten), die ein vertieftes Verständnis der genetischen Grundlagen der Dürretoleranz und deren züchterische Nutzung ermöglichen.

3. Eingehende Darstellung

3.1 Verwendung der Zuwendung und erzielte Ergebnisse

3.1.1 Genomische Werkzeuge

Wir haben die mittels des 25k Weizen/Roggen/Triticale SNP-Arrays nachgewiesene genetische Diversität zwischen der T1RS.1AL-Translokation aus der A-Weizensorte 'Asory' und der T1RS.1BL-Translokation aus dem B-Weizen 'Kamerad' genutzt und deren Herkunft aus Roggen rekonstruiert. Neben der LfL-Sammlung mit 1RS-Translokationen in im genetischen Hintergrund von 184 Weizensorten bzw. -stämmen haben wir mehr als 2000 DNA-Profile des kurzen Arms von Chromosom 1R analysiert, die im Rahmen des transnationalen Projektes RYE-SUS für Populationen und Inzuchtlinien aus Roggen erhoben worden sind. Der im Rahmen von TERTIUS erstellte phylogenetische Baum offenbart erstmals, dass mit der T1RS.1AL-Translokation in der A-Weizensorte 'Asory' und der T1RS.1BL-Translokation in dem B-Weizen 'Kamerad' gegenwärtig nur ein sehr geringen Teil der genetischen Vielfalt des Roggens genutzt wird. Der phylogenetische Baum visualisiert ebenfalls, dass den Wirtschaftspartnern über eine neue, bislang züchterisch nicht genutzte 1RS-Translokation zur Verfügung gestellt werden konnte. Die Genotypisierungsdaten der in TERTIUS verwendeten Zuchtlinien sowie einer Vielzahl an weiteren Weizengenotypen bilden mit 23.282 polymorphen SNP-Markern in 2.458 Genotypen die Grundlage für genomweite Analysen. Die genomischen Positionen in der Weizengenomsequenz konnten für 20.954 Marker ermittelt werden. Damit stand eine ausreichend hohe Markerdichte für Analysen zur Bestimmung von Selektionssignaturen zur Verfügung. Selektionssignaturen grenzen Regionen des Genoms ab, die funktionell wichtig sind oder waren und daher entweder natürlicher oder künstlicher Selektion unterworfen waren. In TERTIUS wurden zwei unterschiedliche und komplementäre Methoden, der integrierte Haplotype Homozygoty Score (iHS) und Tajima's D, angewandt, um Spuren natürlicher oder züchterischer Selektion für Merkmale von wirtschaftlicher Bedeutung bei Weizen zu identifizieren. Insgesamt konnten wir 272 (iHS) und 1186 (Tajima's D) Marker identifizieren, deren Allelverteilung auf eine nicht zufällige Evolution hindeuten. Der Abgleich dieser Bereiche mit der Referenzgenomsequenz des Weizens ergibt eine Vielzahl dort annotierter Gene, deren Funktionen mit agronomischen Merkmalen assoziiert werden können.

Wie oben beschrieben, wurde die Diversität mittels 25k SNP-Array nachgewiesen. Diese Unterschiede spiegeln sich in 44 SNPs zwischen T1AL.1RS und T1BL.1RS auf dem kurzen Arm des Roggenchromosoms 1R wider. Auf Grundlage dieser Information wurden Primer für 39 SNPs (89 %) für die kompetitive Allel-spezifische PCR (KASP) abgeleitet. Insgesamt konnten 17 (44 %) neue KASP-Marker erfolgreich etabliert werden. Zusammen mit einem bereits publizierten KASP-Assay zum Nachweis der 1RS.1BL-Translokation wurden 287 F₂-Individuen der von der LfL entwickelten Population 'Asory' × 'Kamerad' genotypisiert.

Die auf Basis dieser Daten erstellte genetische Karte beschreibt ein 77 cM umfassendes Intervall auf dem kurzen Arm von Chromosom 1R, das vollständig in die Referenzgenomsequenz des Roggens integriert werden konnte (Abb. 1). Der markergestützte Nachweis von Rekombinationen zwischen den beiden 1RS-Translokationssegmenten belegt, dass durch Kreuzungen genetisch divergenter Translokationsträger (z. B. 'Asory' und 'Kamerad') neue genetische Diversität generiert werden kann, und dank der in TERTIUS entwickelten KASP-Marker mit zuvor nicht erreichter Präzision erfasst wird. Damit steht der Züchtung ein steuerbares Instrument zur Feinerlegung des 1RS-Segments und zur zielgerichteten Fixierung günstiger Allelkombinationen zur Verfügung.

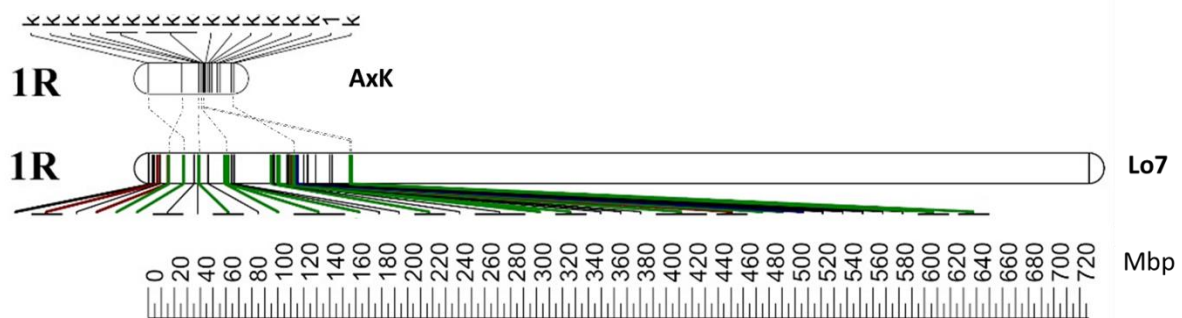


Abbildung 1: Integration der genetischen Karte des kurzen Arms von Chromosom 1R in der Kartierungspopulation 'Asory' x 'Kamerad' (AxK) in die Referenzgenomsequenz der Roggeninzuchtlinie Lo7.

Zur funktionellen Analyse wurde eine Transkriptomsequenzierung (MACE-Technologie) auf dem Illumina HiSeq2000-System durchgeführt. Hierbei wurden cDNA-Populationen aus Wurzeln sequenziert und zur Identifizierung wurzelspezifisch exprimierter Transkripte mit Referenzgewebe aus Keimblättern verglichen.

Die Resequenzierung erfolgte an vier markergestützt definierten Genotypen-Pools der F₂-Population ('Asory' × 'Kamerad'):

- Pool 1: 1AL.1AS / 1BL.1BS
- Pool 2: 1RS.1AL / 1BL.1BS
- Pool 3: 1AL.1AS / 1RS.1BL
- Pool 4: 1RS.1AL / 1RS.1BL

Für diese vier Gruppen wurden durchschnittlich 13,35 Mio. Transkriptsequenzen aus Wurzelgewebe *de novo* generiert, von denen 85 % in die Referenzgenomsequenz des Weizens integriert werden konnten.

Die F_{2:3}-Linien der Population 'Asory' × 'Kamerad' zeigten eine ausgeprägte genetische Differenzierung auf Transkriptomebene. Insgesamt konnten in den Wurzeln 7 526 SNPs in exprimierten Genen identifiziert werden, die gleichmäßig über das Weizengenom verteilt sind. Diese Ergebnisse bestätigen die funktionelle Divergenz der beiden Roggen-Translokationen

und liefern eine Molekulardatenbasis für die Analyse von Genexpressionsmustern unter Trockenstress.

3.1.2 Genomweite Ansätze

Die Feldprüfungen umfassten vier Prüffahre unter landwirtschaftlichen Praxisbedingungen (Abb. 2); im Rahmen der Projektlaufzeit trat gemäß Deutschem Wetterdienst (DWD) ausgeprägte Dürre nur in 2022 auf. **Die Ergebnisdarstellung fokussiert daher den Vergleich 2021 (gute Wasserversorgung) versus 2022 (Dürre).** Im Dürrejahr 2022 überstieg die Varianz der GenotypxUmwelt-Interaktionen (GxE) die genetische Varianz, was die starke Umfeldabhängigkeit der Leistung unter Trockenstress belegt. Die hohen Heritabilitäten konnten wir nur durch die Prüfung an sieben Standorten erreichen; die breite Umweltstreuung war damit Voraussetzung für belastbare Schätzwerte und eine robuste Stabilitätsbewertung. Die Ergebnisse dieser Studie sind zur Veröffentlichung in Theor. Appl. Genet. eingereicht und werden gegenwärtig fachlich begutachtet. In diesem Bericht erfolgt daher eine zusammenfassende Darstellung.

Verwendung der Zuwendung (Kurzüberblick):

- Durchführung mehrjähriger Feldprüfungen (2021–2022) an 7 Standorten (14 Umwelten) zur Erfassung von Ertrag, Qualitäts- und Architekturmerkmalen.
- Hochdurchsatz-Genotypisierung von ~500 Elite-Winterweizenlinien (Illumina 25k SNP) inkl. Marker/Nachweis für T1AL.1RS und T1BL.1RS.
- Bioinformatik & Statistik: REML/BLUE/BLUP, Stabilitätsmetriken (AMMI/WAASB/HMRPGV), GWAS/Modellierung, Auswertung von GenotypxUmwelt-Interaktionen.
- Aufbau von Marker-, Daten- und Referenzressourcen für die unmittelbare Nutzung in Zuchtprogrammen.



Abbildung 2: TERTIUS-Leistungsprüfung Winterweizen am JKI-Standort in Groß Lüsewitz.

Studiendesign und Datenbasis

- Material: Elite-Panels aus drei Unternehmensprogrammen + öffentlichem Programm; Linien mit T1AL.1RS, T1BL.1RS und Doppel-1RS.
- Merkmale: Kornertrag und -komponenten, Proteingehalt/NIR-Qualität, phänologische und Bestandsmerkmale.
- Qualitätssicherung: Standardisierte Feldpläne/Checks, einheitliche Labor- und Auswerteprotokolle.

Zentrale Ergebnisse

- Genetische Vielfalt: Hohe Diversität im deutschen Elitepool (keine Diversitätsverarmung erkennbar).
- Translokationsnutzung: Beachtliche Frequenzen von T1AL.1RS und T1BL.1RS → systematische, aber differenzierte Nutzung in der Praxis.
- Klimastress-Signal: 2022 (trocken/warm) mit deutlich reduziertem Ertragsniveau ggü. 2021; $G \times E > G$ → starke Umweltinteraktionen, Verletzlichkeit der Weizenproduktion
- Leistungs- & Stabilitätsvorteile:
 - T1AL.1RS und Doppel-1RS: höhere Erträge und größere Stabilität unter Trockenstress (signifikant).
 - T1BL.1RS: stabil, aber im Mittel geringerer Ertrag.
 - 1RS-Träger überrepräsentiert unter den stabilsten Genotypen → Beitrag zur Klimaresilienz.
- Qualität: Leichte Absenkung des Proteingehalts, keine signifikanten Qualitätsverluste im Gesamtsystem → Kombination Resilienz + Qualität möglich.
- Kontextabhängigkeit: Translokation \times genetischer Hintergrund signifikant → 1RS-Effekte nicht rein additiv, sondern hintergrundabhängig.
- Züchtungsrelevanz: Evidenz, dass T1AL.1RS/Doppel-1RS den klassischen Ertrag-Protein-Trade-off teilweise aufheben kann.

Wissenschaftlicher Beitrag

- Erste systematische Bewertung beider 1RS-Translokationen in deutschem Elitematerial unter realen Klima-/Stressbedingungen.
- Etablierung einer markerbasierten Nachweismethodik (1AL/1BL.1RS) und eines multi-environmentalen Referenzdatensatzes.
- Ableitung Epistasie-sensitiver Selektionsstrategien (Kontext/Background berücksichtigen statt nur Haupteffekte).

Verwertung und Transfer

- Direkte Nutzung der Marker- und Stabilitätsbefunde in Zuchtprogrammen (Introgression/Selektion auf T1AL.1RS bzw. Doppel-1RS in passenden Hintergründen).

- Ressourcenbereitstellung (Markerpanels, Datensätze, Referenzlinien) für Anschlussprüfungen/Validierungen.
- Andockpunkte an internationale Initiativen (AHEAD, RYE-X) und Unternehmenspipelines (präkompetitive Nutzung).

Die im Rahmen von TERTIUS durchgeführte genomweite Assoziationsstudie diente dazu, die genetischen Grundlagen der beobachteten Unterschiede in Ertragsleistung und Klimaresilienz zwischen Genotypen mit und ohne Roggen-Translokationen (1RS) aufzuklären. Aufbauend auf den Feldversuchen an sieben Standorten wurden mehr als 500 Elite-Winterweizenlinien umfassend genotypisiert und mit den phänotypischen Daten der Mehrumweltprüfungen verknüpft. Dadurch konnte erstmals in deutschem Elitematerial der Einfluss der beiden 1RS-Varianten (T1AL.1RS und T1BL.1RS) sowie ihrer Kombination auf das Leistungs- und Qualitätsprofil genomweit quantifiziert werden. Ziel war es, QTL-Regionen und Gen-Netzwerke zu identifizieren, die zur Ertragsstabilität unter Trockenstress beitragen, und die wissenschaftliche Grundlage für eine Epistasie-informierte Selektionsstrategie zu schaffen.

Zentrale Ergebnisse

- Populationsstruktur: Drei Hauptcluster erkennbar; keine Trennung nach 1RS-Status → breite züchterische Durchmischung.
- Genetische Diversität: mittleres $r^2 = 0,17$, LD-Halbwertsdistanz 2,7–3,4 Mbp (genomweit); keine Hinweise auf Diversitätsverarmung.
- Varianzanteile: Signifikante G×E-Interaktionen ($G \times E > G$) unter Dürrebedingungen 2022; Heritabilitäten $H^2 = 0,56$ (Kornertrag) bis 0,96 (Kornform).
- GWAS-Ergebnisse:
 - Insgesamt 191 signifikante Marker-Trait-Assoziationen (MTAs) über 13 Merkmale.
 - Hotspots auf Chromosomen 2A, 3A, 5B und 6B.
 - Höchste erklärte phänotypische Varianz: bis 31,7 % (YDV 6B) und 22,4 % (PHT 4D; Rht-D1).
 - Qualitätsbezogene MTAs (GPC, GPD) größtenteils unabhängig von Ertrags-QTLs.
 - QTL Qgpd.jki-1A.1 erklärte 11,1 % der Varianz → möglicher Marker für N-Effizienz.
- Epistasie-Netzwerk:
 - 40 signifikante Interaktionen zwischen 1RS-Markern und SNPs für Ertrag, Höhe, Proteingehalt.
 - T1AL.1RS × Qgyd.jki-6B.1: positive Interaktion, fördert Ertrag unter Trockenstress.
 - T1BL.1RS × Qgyd.jki-2D.1: negative Interaktion, mindert Ertrag in Umwelten mit guter Wasserversorgung.
 - Qgyd.jki-2D.1 fungiert als zentrales Epistasie-Hub, reguliert Leistung je nach Translokationstyp.
- Genkandidaten:

- 736 annotierte Gene in relevanten QTL-Bereichen.
- Auffällige Kandidaten: WRKY-Transkriptionsfaktoren, Dehydrin-Gene, Trehalose-6-P-Phosphat-Synthasen, Aquaporine, Cell-Wall-Modifikatoren.
- Hohe funktionale Übereinstimmung mit Dürre-Response-Clustern (CoDReGs) auf 1RS und 6B.

Schlussfolgerungen und Nutzen

- Roggenchromatin (1RS) beeinflusst die Ertragsstabilität nicht durch additive Effekte, sondern durch hintergrundabhängige epistatische Wechselwirkungen.
- Gezielte Nutzung von T1AL.1RS und Doppel-1RS kann den klassischen Ertrags-Protein-Trade-off reduzieren.
- Die Identifikation stabiler Loci und Interaktionsnetzwerke erlaubt die Optimierung von Selektionsmodellen in Zuchtprogrammen (Marker-assisted und Genomic Selection).
- Die gewonnenen Datensätze und Marker werden den beteiligten Zuchtunternehmen bereitgestellt und fließen in aktuelle Vorhaben zur Klimaresilienz (AHEAD, RYE-X) ein.

Ergänzend zum ursprünglichen Arbeitsplan wurde im Rahmen von TERTIUS die genomische Selektion (GS) zur Bewertung der züchterischen Nutzbarkeit von Roggen-Translokationen (1RS) im deutschen Elite-Weizenmaterial angewendet. Ziel war es, Modelle zu entwickeln, die eine zuverlässige Vorhersage von Ertrags- und Qualitätsmerkmalen ermöglichen und so die Kreuzungspartnerwahl in den Zuchtprogrammen optimieren.

Die Analyse umfasste 505 Winterweizenlinien aus vier Programmen, geprüft in bis zu 14 Umwelten (7 Standorte × 2 Jahre).

Die Heritabilität (H^2) lag zwischen 0,56 (Proteinertrag) und 0,93 (Pflanzenhöhe); für Ertrag wurde $H^2 = 0,79$, für Proteingehalt $H^2 = 0,76$ geschätzt. Unter Trockenstress (2022) überstieg die Varianz der Genotyp×Umwelt-Interaktionen die genetische Varianz – die hohe Heritabilität war nur durch die Prüfung an mehreren Orten erreichbar.

Die Vorhersagegenauigkeit (Prediction Ability) der Modelle lag durchschnittlich bei 0,6, mit besten Ergebnissen für Ertrag und Proteingehalt. Eine PA von 0.6 bedeutet, dass ~36 % der phänotypischen Varianz (r^2) durch das GS-Modell erklärbar ist. Diese Vorhersagegenauigkeit liegt im oberen Bereich international publizierter Werte für komplexe, umweltabhängige Merkmale wie Kornertrag. Dies unterstreicht die hohe Qualität der Datengrundlage sowie die Praxistauglichkeit der erarbeiteten Modelle für den Einsatz in kommerziellen Zuchtprogrammen.

Die Einbeziehung von 1RS-Markern erhöhte die Modellstabilität und verbesserte die Vorhersagegenauigkeit um etwa 2 %. Kombinationen aus SNP- und Haplotypmarkern zeigten eine leichte, aber konsistente Verbesserung gegenüber Einzel-SNP-Modellen.

Auf Basis der genomischen Varianzschätzungen konnten optimale Kreuzungspartner identifiziert werden, die gleichzeitig hohe Zuchtwerte für Ertrag ($> 8 \text{ Mg ha}^{-1}$) und eine breite genetische Diversität ($gd \approx 0,3\text{--}0,35$) aufweisen. Damit ermöglicht die Anwendung der genomischen Selektion eine systematische Nutzung der Roggen-Translokationen, unter gleichzeitiger Wahrung genetischer Vielfalt und Steigerung des Zuchtwertes.

Fazit

Das Dürrejahr 2022 hat die Verletzlichkeit der Weizenproduktion unter realen landwirtschaftlichen Bedingungen quantifiziert. Der durchschnittliche Ertragsrückgang von 13,7 % dokumentiert eindrücklich, dass auch moderne Elitesorten den Folgen klimatischer Extreme nur begrenzt standhalten. Das hohe Leistungspotenzial ist weiterhin vorhanden, wird unter Trockenstress jedoch nur unzureichend ausgeschöpft. Diese Beobachtung unterstreicht die zentrale Notwendigkeit einer züchterischen Bearbeitung von Trockenstresstoleranz als strategischem Ziel. Die Ergebnisse belegen zugleich, dass genetische Diversifizierung über Roggen-Translokationen einen nachweisbaren Beitrag zur Stabilisierung von Ertrag und Wassernutzungseffizienz leisten kann, ein Ansatz, der in TERTIUS erstmals unter Praxisbedingungen validiert wurde.

In deutschem Elite-Winterweizen fanden wir eine **breite Präsenz beider 1RS-Translokationen: T1BL.1RS in 21,7 % und T1AL.1RS in 14,6 %** der geprüften Genotypen. Zudem trägt rund **1 %** der untersuchten Linien **beide 1RS-Segmente (Doppel-1RS)**. Diese Doppelträger zeigten **unter Dürrebedingungen einen signifikant höheren Kornertrag** gegenüber Vergleichsgruppen. Das Frequenzmuster spiegelt den historischen Erfolg von **T1BL.1RS** (u. a. Krankheitsresistenz, Wurzeltiefe/Biomasse, Proteingehalt im Korn) und die jüngere, gezielte Einführung von **T1AL.1RS** wider. TERTIUS bestätigt die **systematische Integration beider Segmente** in Deutschland, mit **klaren züchterischen Implikationen**: Mit dem entwickelten **KASP-Marker-Set** konnten **natürlich vorkommende Rekombinationen zwischen den beiden genetisch divergenten 1RS-Segmenten** (aus *Asory* und *Kamerad*) nachgewiesen, präzise verfolgt und züchterisch genutzt werden. Dadurch entsteht **neue genetische Diversität** innerhalb des 1RS-Abschnitts, die sich gezielt in vorteilhafte Subregionen („no-drag windows“) überführen lässt.

Die Verarbeitungsqualität wurde **indirekt** über den **Kornproteingehalt (GPC)** und **abgeleitete Indizes** adressiert. Unter Trockenstress zeigte sich der erwartete **Zielkonflikt Ertrag vs. Protein**, dessen Ausprägung jedoch **hintergrund- und umweltabhängig** ist. Für **1RS-Träger** konnten Konfigurationen identifiziert werden, die den GPC **stabil halten** bzw. den Zielkonflikt **abschwächen**, wenn **Indexselektion** (Ertrag+GPC) und **markerbasierte 1RS-Feinzerlegung** („no-drag windows“) kombiniert werden. Eine **vertiefte Qualitätsprüfung** (Teigeigenschaften) ist vom Projektpartner LfL stichprobenartig durchgeführt worden.

TERTIUS ermöglichte die klare Evidenz, dass Roggenchromatin (1RS) die Ertragsstabilität und Anpassungsfähigkeit modernen Winterweizens unter Trockenstress ohne zwingende Qualitätseinbußen steigert. Die Ergebnisse belegen, dass TERTIUS die methodische Grundlage für strategisch gesteuerte, Marker-basierte Nutzung von 1RS-Introgressionen in deutschen Zuchtprogrammen geschaffen hat.

3.1.3 Präzisionsphänotypisierung

Zur Validierung der Feldbefunde wurde ein **Rain-out-Shelter-Versuch** mit definierten **Bewässerungsregimen** durchgeführt (Trockenstress: 30–50 % nFK; Kontrolle: > 70 % nFK). Die Bodenfeuchte wurde wöchentlich mittels **DIVINER 2000** gemessen, die Bewässerung durch **automatisierte Gießbalken** (Shelter) bzw. **Tropfbewässerung** (Kontrolle) präzise gesteuert. Ergänzend erfolgten phänologische Bonituren (BBCH-Skala), Blattflächenindex- und Chlorophyllmessungen (SunScan, SPAD 502) sowie spektrale und thermale **Multikopter-Aufnahmen** zur Ermittlung vegetationsphysiologischer Parameter. Unter **optimaler Wasserversorgung** traten zwischen den Genotypen keine signifikanten Unterschiede im Relativertrag auf. **Unter Trockenstress** zeigten dagegen **Genotypen mit 1RS-Translokationen**, insbesondere jene mit **T1AL.1RS** und **Doppel-1RS**, signifikant ($P < 0,05$) höhere Erträge als Linien mit **T1BL.1RS** oder ohne 1RS-Segment. Die Vergleichssorte *Campesino* blieb trotz T1AL.1RS-Segment hinter den Leistungen von *Asory* zurück, was auf **phänologische Unterschiede** (Frühreife) und **interagierende genetische Hintergründe** hinweist. Diese Resultate bestätigen die **zentralen Befunde des Feldversuchs**, wonach die in *Asory* vermittelte **Dürretoleranz** im Wesentlichen auf die **T1AL.1RS-Translokation** zurückzuführen ist.

Zur Untersuchung des **Wurzelsystems** wurde parallel ein **Gefäßversuch** im randomisierten Blockdesign durchgeführt. Die Wurzelbiomasse wurde in **Bodenschichten bis 160 cm Tiefe** nach der Methode von Subira et al. (2016) quantifiziert. Die Ergebnisse belegen, dass *Asory* sowohl unter Trockenstress als auch unter optimalen Bedingungen eine **überdurchschnittlich hohe Wurzelbiomasse** bildet. Genotypen mit 1RS-Segment reagierten zudem unter Trockenstress mit einer **verstärkten Wurzelbildung**, während Vergleichssorten ohne 1RS keine signifikanten Anpassungsreaktionen zeigten.

Die Kombination aus **kontrollierter Phänotypisierung** und **genotypischer Charakterisierung** erlaubt somit, **Effekte einzelner Translokationssegmente von Hintergrundeffekten zu trennen**. Damit wurden die Voraussetzungen geschaffen, um in der biparentalen Population *Asory* × *Kamerad* die **genetische Architektur der Dürretoleranz** aufzuklären und **wissenschaftlich fundierte Empfehlungen** für den künftigen züchterischen Einsatz von **1RS-Translokationen** abzuleiten.

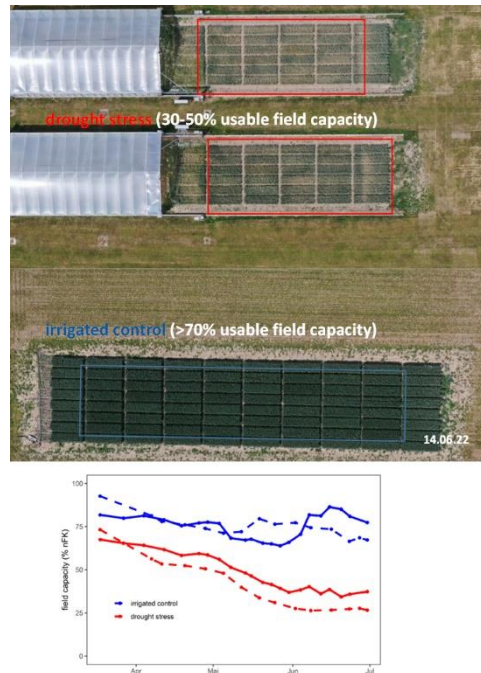


Abbildung 3: Rain-out-Shelter-Anlage zur Präzisionsphänotypisierung von Winterweizen unter kontrollierten Trockenstressbedingungen (JKI Braunschweig, 2022). Das Versuchsdesign ermöglichte den Vergleich zwischen optimaler Wasserversorgung und definiertem Trockenstress zur Validierung der 1RS-Effekte.

3.1.4 Spezifische Merkmale

In einem **nicht-transgenen, auf Mutagenese basierenden Ansatz** wurde geprüft, in welchem Umfang **Trockenstresstoleranz** über gezielte **Genvarianten in Schlüsselfaktoren der Wassernutzungseffizienz** verbessert werden kann. Grundlage für diese Arbeiten bildet eine auf **EMS-Mutagenisierung** beruhende **TILLING-Population** der Sommerweizensorte ‘Cadenza’, bestehend aus **1200 sequenzierten Mutanten**, deren Punktmutationen über *Ensembl Plants* annotiert sind. Damit steht eine Ressource zur Verfügung, mit der gezielt **Mutationslinien in Kandidatengen** ausgewählt und für die Forschung bereitgestellt werden können.

Auf Basis einer Literaturrecherche wurden **73 Gene** identifiziert, die an der **Regulation der Wassernutzungseffizienz** beteiligt sind. Nach Homologiesuche im Weizengenom und Filterung nach verfügbaren Mutationen blieben **49 Gene** mit geeigneten Varianten übrig. Unter Berücksichtigung funktioneller Proteindomänen und erwarteter Effekte auf die Proteinaktivität

wurde die Auswahl auf **drei Gene** eingegrenzt, die in unterschiedlichen physiologischen Prozessen eine Rolle spielen. Diese Gene liegen auf **verschiedenen Chromosomen** und ermöglichen dadurch **perspektivisch eine Pyramidisierung von Trockenstresstoleranzgenen.**

Bei der Mutationsauswahl wurde auf eine gleichmäßige Verteilung über die **Subgenome A, B und D** sowie auf die **Art der Punktmutation** geachtet (Aminosäureaustausch, Splice-Site- oder Nonsensemutation). Insgesamt wurden **48 Mutationslinien** beim **John Innes Centre** bestellt; zwei Linien trugen jeweils zwei der ausgewählten Mutationen.

Da jede Mutationslinie zusätzlich zahlreiche Hintergrundmutationen enthält, werden die Linien wiederholt mit dem nicht mutierten **Wildtyp 'Cadenza'** rückgekreuzt, um die genetische Hintergrundvariation zu reduzieren und den Effekt der Zielmutationen eindeutig zuzuordnen. Für nahezu alle Zielmutationen standen **KASP-Marker** bereits zur Verfügung; lediglich zwei Marker mussten neu abgeleitet werden. Damit wurde die Grundlage für die **nachfolgende Generierung, Verifizierung und phänotypische Evaluierung spaltender Linien** geschaffen.

Validierung und Linienentwicklung

- **M5-Validierung:** Von 33 definierten Mutationen in den ausgewählten Kandidatengenen konnten **23** mittels Markeranalyse in spaltenden M5-Linien erfolgreich validiert werden.
- **M6-Fortschritt (2023):** Kontrastierende M6-Linien wurden 2023 im Freiland vermehrt und phänotypisch evaluiert; die Feldprüfung auf Trockenstresstoleranz war planmäßig für 2024 vorgesehen.

Rückkreuzungen und Nachkommentests

- **12 weitere Mutationen:** Bereits 2022 auf den Wildtyp rückgekreuzt; 2023 wurden **95 Einzelpflanzen analysiert**, davon **84 heterozygot** für die jeweilige Mutation. → Die Folgegeneration wurde 2023 im Gewächshaus kultiviert und einem **Nachkommentest** unterzogen, um **aufsplattende Linien** zu identifizieren.
- **Verbleibende 10 homozygote Mutationen:** Im Berichtszeitraum mit 'Cadenza' rückgekreuzt; Ziel ist die **Generierung spaltender Linien** in den nachfolgenden Generationen für phänotypische Tests.

Bewertung:

Die **molekulare Validierungsquote (23/33)**, der **Aufbau kontrastierender M6-Materialien** und die **breit angelegten Rückkreuzungsprogramme** sichern die genetische Grundlage für die geplanten Feldprüfungen zur **Trockenstresstoleranz** und schaffen verwertbare Ressourcen für nachfolgende **Selektions- und Zuchtprogramme.**

3.1.5 Erweiterung der genetischen Vielfalt

Durch genom-weite DNA-Profile konnten Roggentranslokationen identifiziert werden, die bislang züchterisch nicht in deutschem Winterweizen genutzt worden sind. In TERTIUS wurden Kreuzungen mit diesen Roggentranslokationen durchgeführt und zu fortgeschrittenen Inzuchtlinien entwickelt. Das Material wurde phänotypisch selektiert (u. a. Wuchstyp, Ährenarchitektur), für Feld-Evaluation vorbereitet und an die drei kommerziellen Zuchtprogramme übergeben, so dass es in einem präkompetitiven Pre-Breeding-Kontext weitergeführt werden kann.

3.2 wichtigste Positionen des zahlenmäßigen Nachweises

Der größte Teil der Kosten des Vorhabens ist durch Personalausgaben entstanden (Abb. 4). Die Vergabe von Aufträgen zur Genotypisierung decken etwas mehr als 14% und Sachausgaben 6,1% der Gesamtkosten des Vorhabens ab. Kosten für Dienstreisen zur Präsentation von Ergebnissen des Vorhabens sowie zur Weiterbildung der über das Projekt zeitlich befristet beschäftigten wissenschaftlichen Mitarbeiterin auf nationalen und internationalen wissenschaftlichen Fachtagungen nahmen dagegen nur eine untergeordnete Rolle ein.



Abb.4: Anteile der verschiedenen Finanzierungspositionen an den Gesamtausgaben des Vorhabens

3.3 Notwendigkeit und Angemessenheit der geleisteten Projektarbeit

Die im Rahmen des Projektes TERTIUS erzielten wissenschaftlichen und technologischen Ergebnisse wären ohne die Förderung durch das Bundesministerium für Landwirtschaft, Ernährung und Heimat (BMLEH) im Rahmen des Innovationsprogramms der BLE nicht erreichbar gewesen.

Die Förderung war ursächlich für die Durchführung des Vorhabens, da die erforderlichen Forschungs- und Entwicklungsarbeiten in keinem der beteiligten Unternehmen mit eigenen Mitteln hätten umgesetzt werden können. Insbesondere die Entwicklung und Validierung molekularer Marker, die großflächige phänotypische Charakterisierung der Translokationspopulationen unter Praxisbedingungen sowie die Integration von Genomdaten in züchterische Selektionsverfahren erforderten personelle, technische und infrastrukturelle Ressourcen, die ohne Bundesförderung nicht verfügbar gewesen wären.

Die Förderung ermöglichte zudem eine enge Verzahnung von Wissenschaft und Wirtschaft

und schuf einen stabilen Rahmen für Wissens- und Technologietransfer zwischen Forschungseinrichtungen und kommerziellen Zuchtunternehmen. Dadurch konnten züchterisch unmittelbar verwertbare Ergebnisse generiert werden, die in zukünftige Linien- und Sortenentwicklung einfließen. Die Entwicklung und Anwendung molekularer Selektionsmarker im Kontext von Weizen-Roggen-Translokationen setzt spezialisiertes Genomik-Know-how, Bioinformatik-Ressourcen und methodische Infrastruktur voraus, die in dieser Kombination bei keinem der Unternehmen dauerhaft vorgehalten wird. Das JKI verfügt über die wissenschaftliche Expertise, konnte die arbeitsintensiven, punktuellen Forschungsanteile jedoch nicht zusätzlich mit Stammpersonal abdecken; hierfür war eine befristete personelle Verstärkung im wissenschaftlichen und technischen Bereich notwendig und angemessen.

Ein Mitnahmeeffekt ist auszuschließen, da die Projektziele gezielt auf eine gemeinwohlorientierte Erweiterung der genetischen Diversität und Anpassungsfähigkeit des Weizens ausgerichtet waren. Das Vorhaben hat somit die mit der Förderung verfolgten Innovations- und Nachhaltigkeitsziele vollumfänglich erfüllt.

Angemessenheit der Förderung und Mittelverwendung:

Komplementarität statt Duplikation: Industriepartner und LfL lieferten Material, Prüfkapazitäten und Zuchtkontext; das JKI übernahm marker-/genomische Schlüsselaufgaben.

Effizienz durch Arbeitsteilung: Markerentwicklung und Validierung zentral gebündelt, Nutzung bestehender Plattformen > Skaleneffekte und Zeitgewinn.

Risikoteilung: Öffentliche Förderung ermöglichte die Bearbeitung präkompetitiver Fragestellungen mit hohem Innovationspotenzial bei vertretbarem Unternehmensrisiko.

Nachhaltigkeit: Aufbau wiederverwendbarer Markerpanels, Referenzmaterialien und Datensätze; direkte Anschlussnutzung in Zuchtprogrammen.

Damit waren die geleisteten Arbeiten sowohl notwendig (ohne Förderung nicht realisierbar) als auch angemessen (zielgerichtete, komplementäre Mittelverwendung mit nachweisbarem Mehrwert für Wissenschaft und Praxis).

3.4 Voraussichtlicher Nutzen und Verwertbarkeit der Ergebnisse

Die im Rahmen von TERTIUS erzielten Ergebnisse besitzen hohe wissenschaftliche und praktische Relevanz für die Anpassung der Weizenzüchtung an den Klimawandel. Die Kombination aus genomischer Analyse, phänotypischer Leistungsprüfung und modellbasierter Selektion liefert belastbare Grundlagen für die Entwicklung klimaresilienter Qualitätsweizen.

Die nachgewiesene genetische Differenzierung zwischen den beiden 1RS-Translokationen (T1AL.1RS und T1BL.1RS) und die Etablierung neuer KASP-Marker ermöglichen es,

Rekombinationen innerhalb dieser Segmente gezielt zu identifizieren und züchterisch zu nutzen. Damit steht der Weizenzüchtung erstmals ein Instrumentarium zur Verfügung, um den bislang bestehenden Zielkonflikt zwischen Ertragsstabilität und Verarbeitungsqualität in aktuellem Zuchtmaterial präziser zu steuern.

Durch die Integration von Assoziationsanalysen (GWAS) und genomischer Selektion (GS) sind Entscheidungsgrundlagen geschaffen worden, um Zuchtprogramme effizienter und datengestützt auszurichten. Die generierten Datensätze und molekularen Marker sind unmittelbar in bestehende Zuchtpopulationen übertragbar und werden von den beteiligten Unternehmen in laufende Programme integriert.

Darüber hinaus ist die Anschlussfähigkeit an europäische Initiativen wie *AHEAD* (Alliance for Heat and Drought Tolerance) und das geplante *RYE-X*-Vorhaben gegeben. Damit leisten die Ergebnisse einen Beitrag zur europäischen Strategie für klimaresiliente Getreidesysteme.

Insgesamt trägt TERTIUS dazu bei, die genetische Diversität im deutschen Weizenzuchtpool zu erweitern, die Ressourceneffizienz im Anbau zu erhöhen und den ökologischen Fußabdruck der Weizenproduktion nachhaltig zu senken. Die erzielten Resultate sind unmittelbar verwertbar, sowohl für die kommerzielle Weizenzüchtung als auch für weiterführende Forschungs- und Fördervorhaben.

Aus institutioneller Sicht stärkt TERTIUS die Rolle des Julius Kühn-Institut als nationales Kompetenzzentrum für präkompetitive Züchtungsforschung. Die im Projekt entwickelten Methoden, Marker und Referenzmaterialien bleiben in den JKI-Sammlungen erhalten und stehen künftigen Forschungsvorhaben, Verbundprojekten und Zuchtunternehmen im Rahmen kooperativer Programme zur Verfügung. Damit wird gewährleistet, dass die mit öffentlichen Mitteln erarbeiteten Ergebnisse langfristig in Wissenschaft, Züchtung und agrarpolitische Strategien einfließen und den Innovationsstandort Deutschland im Bereich klimaresilienter Getreideforschung festigen.

3.5 Fortschritt auf dem Gebiet des Vorhabens bei anderen Stellen

In den letzten Jahren wurde weltweit ein deutlicher Forschungsschub im Bereich der Weizen- und Roggen-Genomik verzeichnet. Die Fortschritte in der Weizen-Pan-Genomik und die sequenzbasierte Erschließung seines Primärgengenpools haben eine wertvolle Grundlage für die gezielte Nutzung genetischer Ressourcen geschaffen.

Parallel dazu investieren internationale Akteure, insbesondere in China und den USA, in groß angelegte Programme, die auf die Nutzung von Roggenchromatin zur Verbesserung von Weizen abzielen. Während in China der Schwerpunkt auf der Entwicklung synthetischer Linien und großflächiger 1RS-Translokations-Keimplasma liegt, verfolgt Europa bislang keine koordinierte Strategie, um seine eigenen Roggenressourcen systematisch für die Weizenverbesserung zu nutzen.

Mit TERTIUS wurde auf nationaler Ebene ein wichtiger Beitrag geleistet, um diese Lücke zu schließen. Das Projekt hat Wissenschaft und Züchtung in Deutschland enger verknüpft und eine methodische Grundlage geschaffen, um Roggentranslokationen in Elite-Weizenmaterial gezielt zu analysieren und züchterisch zu nutzen. Damit ergänzt TERTIUS die internationalen Entwicklungen, indem es Roggen als genetische Ressource in den europäischen Zuchtkontext integriert und die Basis für weiterführende, EU-weite Vorhaben legt.

TERTIUS positioniert Deutschland als Forschungs- und Innovationsstandort in einem international hochdynamischen Feld und trägt dazu bei, europäische genetische Ressourcen strategisch zu mobilisieren, um Weizen-Züchtung langfristig klimaresilient, ressourceneffizient und wettbewerbsfähig zu gestalten.

3.6 Erfolgte oder geplante Veröffentlichungen

3.6.1 Publikationen in Zeitschriften ohne 'peer review'-Verfahren

Kottmann, L., Kämpfer, T., 2023. Sorteneinfluss bei Wintergetreide unter Trockenstress. Getreide-Magazin: die Fachzeitschrift für Spezialisten 29, 10–14.

3.6.2 Beiträge auf Konferenzen

Vorträge:

Hackauf, B (2021) TERTIUS: Genome-based strategies to use the tertiary gene-pool for breeding of climate-smart wheat. AHEAD Workshop, 24.2.2021, online

Hackauf, B (2021) TERTIUS: Genome-based strategies to use the tertiary gene-pool for breeding of climate-smart wheat. Progress-Report ProWeizen, 21.4.2021, online

Hackauf, B (2022) TERTIUS: Genome-based strategies to use the tertiary gene-pool for breeding of climate-smart wheat. Progress-Report AHEAD Workshop, 9.3.2022, online

Hackauf, B (2022) TERTIUS: Genome-based strategies to use the tertiary gene-pool for breeding of climate-smart wheat. Progress-Report ProWeizen, 23.3.2022, online

Hackauf, B (2023) TERTIUS: Genome-based strategies to use the tertiary gene-pool for breeding of climate-smart wheat. Progress-Report ProWeizen, 19.4.2023, Quedlinburg

Hackauf, B (2023) Going AHEAD: Genome-based strategies to use the tertiary gene pool for breeding of climate-smart wheat. Progress-Report AHEAD Workshop, 26.5.2023, online

Hackauf, B. (2024) Der kurze Arm von Roggenchromosom 1R trägt zur Klima-Resilienz von deutschem Winterweizen bei. Innovationstage 2024, Berlin, 4.-6.10.2024

Hackauf, B (2025) TERTIUS: Genome-based strategies to use the tertiary gene-pool for breeding of climate-smart wheat. Progress-Report ProWeizen, 2./3.4.2025, Quedlinburg

Kämpfer, T., Bülow, L., Bund, A., Hartl, L., Mohler, V., Hackauf, B., Kottmann, L., 2024. Einfluss von 1RS-Roggentranslokationen auf die Trockenstresstoleranz von Winterweizen, in: Agrarforschung zum Klimawandel: Konferenz der Deutschen Agrarforschungsallianz; 11.-14.03.2024, Potsdam; Programm und Beiträge. Presented at the DAFA Agrarforschung zum Klimawandel 2024; Potsdam, Deutschland; 2024.03.11-14, Deutsche Agrarforschungsallianz (DAFA), Braunschweig, Deutschland, p. 289. <https://doi.org/10.3220/DAFA1713767287000>

Kämpfer, T., Bülow, L., Bund, A., Hartl, L., Mohler, V., Hackauf, B., Kottmann, L., 2023. Einfluss von 1RS-Roggentranslokationen auf das Wurzelsystem und die Trockenstresstoleranz von Winterweizen. 64. Tagung der Gesellschaft für Pflanzenbauwissenschaften e. V.: Digital tools, big data, modeling and sensing methods for sustainable and climate smart crop and grassland systems; 4. bis 6. Oktober 2023; Göttingen, Mitteilungen der Gesellschaft für Pflanzenbauwissenschaften.

Kämpfer, T., Bülow, L., Bund, A., Hartl, L., Mohler, V., Hackauf, B., Kottmann, L., 2021. Einfluss von 1RS-Roggentranslokationen auf das Wurzelsystem und die Trockenstresstoleranz

von Winterweizen. 63. Tagung der Gesellschaft für Pflanzenbauwissenschaften e. V.: CLOSING THE CYCLE: Pflanze und Tier im Agrarsystem; 28. bis 30. September 2021; Universität Rostock, Mitteilungen der Gesellschaft für Pflanzenbauwissenschaften.

3.6.3 Geplante Veröffentlichungen in Zeitschriften mit 'peer review'-Verfahren

Bekele-Reba Y, Bülow L, Zaar A, Koch M, Bund A, Reinbrecht C, Dörnte J, Kempf H, Holzapfel J, Stucke M, Plieske J, Hartl J, Mohler V, Streng S, Stich B, Hackauf B (2025) *Introgression of Rye Chromosome Arm 1RS Enhances Climate Resilience in German Winter Wheat*. *Theor. Appl. Genet.*, in Review.

(in Vorbereitung, Titel und Autoren vorläufig)

Bekele-Reba Y, Zaar A, Koch M, Bund A, Reinbrecht C, Dörnte J, Kempf H, Holzapfel J, Stucke M, Hartl J, Mohler V, Streng S, Stich B, Hackauf B (2026) *Genetic Architecture of Yield Stability and Root Performance in Wheat–Rye Translocation Lines under Drought Stress*. Geplant für *G3: Genes|Genomes|Genetics*

Bekele-Reba Y, Zaar A, Koch M, Bund A, Reinbrecht C, Dörnte J, Kempf H, Holzapfel J, Stucke M, Hartl J, Mohler V, Streng S, Stich B, Hackauf B (2026) *Genomic Prediction of Drought Resilience and Yield Potential in Wheat Lines Carrying Rye Chromosome 1RS Translocations*. Geplant für *Theor. Appl. Genet.*

Kämpfer T, Bülow L, Bund A, Hartl J, Mohler V, Hackauf B, Kottmann L (2026) *Physiological and Morphological Responses of Wheat–Rye Translocation Lines to Controlled Drought Stress in a Rainout-Shelter Experiment*. Geplant für *Experimental Botany*

3.6.4 Ausgewählte Literatur

- [1] Deutscher Wetterdienst (2018) Deutschlandwetter im Jahr 2018. Pressemitteilung vom 28.12.2018.
- [2] Deutscher Wetterdienst (2021) Deutschlandwetter im Jahr 2021. Pressemitteilung vom 30.12.2021
- [3] Deutscher Wetterdienst (2022) Deutschlandwetter im Jahr 2022. Pressemitteilung vom 30.12.2022
- [4] Webber H, Ewert F, Olesen JE, *et al.* (2018) Diverging importance of drought stress for maize and winter wheat in Europe. *Nat Commun.* 9:4249.
- [5] Kahiluoto H, Kaseva J, Balek J, *et al.* (2018) Decline in climate resilience of European wheat. *Proc Natl Acad Sci U S A.* 2018 Dec 24. pii: 201804387. doi: 10.1073/pnas.1804387115. [Epub ahead of print]
- [6] International Wheat Genome Sequencing Consortium (2018) Shifting the limits in wheat research and breeding using a fully annotated reference genome. *Science* 361 pii: eaar7191.
- [7] Voss-Fels KP, Qian L, Parra-Londono S, *et al.* (2017) Linkage drag constrains the roots of modern wheat. *Plant Cell Environ.* 40:717-725.
- [8] Crespo-Herrera LA, Garkava-Gustavsson L, Åhman I (2017) A systematic review of rye (*Secale cereale* L.) as a source of resistance to pathogens and pests in wheat (*Triticum aestivum* L.). *Hereditas* 154:14.
- [9] Rabanus-Wallace MT, Hackauf B, ..., Stein N. (2021) Chromosome-scale genome assembly provides insights into rye biology, evolution and agronomic potential. *Nat Genet.* 53:564-573. doi: 10.1038/s41588-021-00807-0.
- [10] Han G, Yan H, Li L, An D. Advancing wheat breeding using rye: a key contribution to wheat breeding history. *Trends Biotechnol.* 2025 Sep;43(9):2170-2183. doi: 10.1016/j.tibtech.2025.03.008.

4. Danksagung

Wir danken dem Bundesministerium für Landwirtschaft, Ernährung und Heimat für die finanzielle Unterstützung der dargestellten Arbeiten. Unser herzlicher Dank gilt Frau Dr. K. Link (Projekträger BLE, ptble) für ihre vielfältige Unterstützung in allen Phasen der Beantragung und Durchführung dieses Projektes.