

Programm zur Innovationsförderung
des Bundesministeriums für Landwirtschaft Ernährung und Heimat (BMLEH)

Publizierbarer Sachbericht zum Verwendungsnachweis

Vorhabenbezeichnung:

**„Haplotypenbasierte Selektion für klimaangepassten
Elitewinterweizen_HaploSelekt“**

Teilvorhaben 3

Projektträger: Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung

Zuwendungsempfänger: Nordsaat Saatzucht GmbH (NORDSAAT)

Böhnshauser Straße 1, 38895 Langenstein

Ausführende Stelle: Nordsaat Saatzucht GmbH (NORDSAAT)

Böhnshauser Straße 1, 38895 Langenstein

Projektleitung: Dr. Tobias W. Eschholz

Projektlaufzeit: 01.10.2019 – 30.09.2025



Das diesem Bericht zugrundeliegende Forschungsvorhaben wurde mit Mitteln des Bundesministeriums für Ernährung, Landwirtschaft und Heimat mit dem Förderkennzeichen 2818403C18 gefördert. Die Verantwortung für den Inhalt dieser Veröffentlichung liegt bei dem Autor.

Inhalt

„Haplotypenbasierte Selektion für klimaangepassten Elitewinterweizen_HaploSelekt“	1
Teil 1: Kurzbericht – Haploselekt	2
Gesamtziel des Projektes sowie wissenschaftliche und/oder technische Arbeitsziele des Vorhabens	2
Beschreibung des Forschungs- und Technikstandes	3
Steigerung der Leistungsfähigkeit durch Akkumulation vorteilhafter Haploblöcke	3
Ablauf des Vorhabens	4
Wesentliche Ergebnisse	6
Zusammenarbeit mit anderen Forschungseinrichtungen	6
Teil 2: Eingehende Darstellung – HaploSelekt	8
Gesamtziel des Projektes sowie wissenschaftliche und/oder technische Arbeitsziele des Vorhabens	8
Beschreibung des Forschungs- und Technikstandes	9
Steigerung der Leistungsfähigkeit durch Akkumulation vorteilhafter Haploblöcke	9
Planung und Ablauf des Vorhabens	10
Stand der Technik	13
Steigerung der Leistungsfähigkeit durch Akkumulation vorteilhafter Haplotypblöcke	14
Erzielte Ergebnisse des Vorhabens	17
2019/2020	17
2020/2021	19
2021/2022	19
2022/2023	20
2024/2025	20
die wichtigsten Positionen des zahlenmäßigen Nachweises	25
Notwendigkeit und Angemessenheit der geleisteten Projektarbeiten	25
Der voraussichtliche Nutzen, insbesondere die Verwertbarkeit des Ergebnisses – auch konkrete Planungen für die nähere Zukunft - im Sinne des fortgeschriebenen Verwertungsplans	25
Der während der Durchführung des Vorhabens dem Zuwendungsempfänger bekannt gewordene Fortschritt auf dem Gebiet des Vorhabens bei anderen Stellen	28
Die erfolgten oder geplanten Veröffentlichungen des Ergebnisses nach Nr. 5 der NKBF/NABF	28

Teil 1: Kurzbericht – Haploselekt

Gesamtziel des Projektes sowie wissenschaftliche und/oder technische Arbeitsziele des Vorhabens

Das Vorhaben HaploSelekt hatte zum Ziel, genomweite Haplotypblöcke („Haploblöcke“) und deren phänotypische Effekte auf die Ertragsleistung unter limitierter Wasser- und

Nährstoffverfügbarkeit in Elitewinterweizenlinien zu ermitteln und anschließend mit Hilfe von Computersimulationen zielgerichtet geeignete Kreuzungsschemata zu entwickeln, um vorteilhafte Haploblöcke mittels modernster Züchtungsmethoden in umweltstabilen Hochleistungslinien mit wirtschaftlicher Relevanz anzureichern.

Beschreibung des Forschungs- und Technikstandes

Zukünftige Sorten sollten resilienter gegen abiotische (z.B. Niederschlagsverteilung) und biotische (z.B. Pathogenspektrumverschiebung [Velasquez, et. al., 2018]) Störgrößen sein und ihr Anbau selbst möglichst wenig negative Umwelteffekte verursachen. Hierzu sind maßgeblich die Düngung zu reduzieren sowie die Flächenproduktivität zu steigern. Die offiziellen Sortenversuche sowie wissenschaftliche Auswertungen zeigen sehr deutlich, dass ein beachtlicher Zuchtfortschritt in Weizen vorliegt (Laidig et al., 2017). Dieser ist auch bei unterschiedlicher N-Versorgung und Pflanzenschutzmitteleinsatz ersichtlich (Cormier et al., 2013; Voss-Fels, Stahl und Wittkop et al., 2019). Dieser empirischen Evidenz steht gegenüber, dass herausfordernde Umwelt- und Managementbedingungen sowie die Versorgung mit Wasser bzw. Nährstoffen die Praxiserträge stagnieren lassen.

Steigerung der Leistungsfähigkeit durch Akkumulation vorteilhafter Haploblöcke

Die Selektion auf Merkmale wie Ertrag, Ertragsstabilität, Trockenstresstoleranz und Nährstoffeffizienz, sowie Resistenzen gegenüber bedeutenden Krankheiten, insbesondere Septoria und Fusarium, mit einzelnen gekoppelten Markern hat sich bislang in der praktischen Züchtung nur in wenigen Fällen als erfolgreich erwiesen, da viele einzelne Genomregionen meist nur einen geringen Beitrag zur phänotypischen Varianz leisten und durch die Abhängigkeit vom genetischen Hintergrund meist nicht ohne Weiteres auf andere Kreuzungspopulationen übertragen werden können. Somit wird das genetische Potential von Weizen für solche Merkmale durch die Summe aller additiven quantitativen Merkmalseffekte bestimmt. Klassischerweise wird dieser Zuchtwert (Breeding value, BV) in Nachkommenschaftstests bestimmt. Die nahezu unendlichen Rekombinationsmöglichkeiten lässt die Zahl der potenziellen Kreuzungen und Nachkommenprüfungen die Kapazität jedes Zuchtunternehmens um ein Vielfaches übersteigen. Für den Erfolg von Züchtungsunternehmen ist es daher eine der zentralsten Fragen, wie die begrenzten Ressourcen zur Identifikation, Selektion und Vermehrung von überlegenen Genotypen eingesetzt werden, so dass möglichst viele positive Effekte effizient in einzelnen Sortenkandidaten kombiniert werden (Bassi et al., 2015). Die Nutzung von genomweiten Markern zur Schätzung des genomischen Zuchtwertes (Genomic estimated breeding value, GEBV) kann genutzt werden, um in silico Vorselektionen vorzunehmen und dadurch real nur solche Genotypen zu testen, die erfolgsversprechender sind und mit einer überdurchschnittlichen Wahrscheinlichkeit zu den Top-Performern gehören. Um die Häufigkeit, mit der ein Allel zur Leistungsfähigkeit eines Genotyps beiträgt, zu

berücksichtigen, wurde von Goddard et al. (2009) das Konzept des gewichteten GEBV eingeführt. Allerdings werden die Genompositionen der Marker sowie die Phase benachbarter Markerallele nicht berücksichtigt. So kann sich in einer Population mit unterdurchschnittlichen Nachkommen ein Kandidat befinden, der eine überdurchschnittliche Leistung vererbt (Müller et al, 2018). In diesem Zusammenhang wurde das Konzept der optimalen Haploblockeffekte (optimal haploid value, OHV) vorgeschlagen. Dieses Konzept zielt darauf ab, vorherzusagen, welche optimale Kombination von Haplotypen in Gameten von heterozygoten Kandidaten produziert wird (Daetwyler et al. 2015). Müller et al. (2018) schlagen das Konzept des expected maximum haploid breeding value (EMBV) vor, welches den aus Zufallspaarungen maximal zu erwartenden GEBV beschreibt.

Ablauf des Vorhabens

Die Nordsaat war beteiligt an den Arbeitspaketen 4, 7.3, 9, 13, 15 und 16.

Feldversuche AP4

Saison 2019/2020

Beobachtungspartellen Böhnshausen

Die Beobachtungspartellen wurden im Oktober 2019 unter trockenen Bedingungen planmäßig gedrillt. Auf Grund der späten Fröste im April und der darauffolgenden Trockenheit unter ohnehin schon wasserdefizitären Bedingungen traten keine bonitierbaren Blatterkrankungen auf. Während der Blüte wurden die Beobachtungspartellen mehrfach mit einer Fusarium-Suspension infiziert, so dass in der dritten Juniwoche differenzierende Fusarium-Symptome in den Ähren erfasst werden konnten.

Leistungsprüfungen Böhnshausen

Nach der immensen Trockenheit im Vegetationszeitraum 2018/19 wurde die Leistungsprüfungspartellen unter wasserdefizitären Bedingungen im Oktober 2019 in Böhnshausen ausgedrillt. Die Niederschläge über Winter reichten nicht aus das erhebliche Wasserdefizit im Boden aufzufüllen, so dass der Versuch bereits im Mai von Trockenheit gezeichnet war. Im Laufe der weiteren Vegetation verschärfte sich durch erneut niedrige Niederschlagssummen das Wasserdefizit, so dass der Versuch Trockenstellen und deutlich reduziertes Längenwachstum aufwies. In den behandelten Versuchen traten auf Grund der Behandlung und des niedrigen Krankheitsdruckes plangemäß keine Krankheiten auf.

Über den Antragsrahmen hinausgehend wurden die folgenden Qualitätsparameter am Standort Böhnshausen ermittelt: Fallzahl, Sedimentationswert, Kornfeuchte, Rohproteingehalt und Hektolitergewicht.

Leistungsprüfungen Granskevit

Der Feldversuch wurde im Oktober 2019 unter guten Bedingungen ausgedrillt und zeigte auch im weiteren Vegetationsverlauf keine Auffälligkeiten. Neben dem Ährenschieben und der Längenmessung konnte differenzierendes Lager erfasst werden. Plangemäß konnten in den behandelten Versuchen durch termingerechte Applikation auftretende Krankheit ausgeräumt werden. Beim Mähdrusch wurde neben dem Ertrag auch das Hektolitergewicht ermittelt.

Initialkreuzungen und Kreuzungssimulation

Aus den vorab geplanten Initialkreuzungen resultierten 76 F1-Nachkommen, die für die computersimulierten Vierwegekreuzungen zur Verfügung standen. 8 der Initialkreuzungen wurden zur Unterstützung von SU Biotec bei Nordsaat im Zuchtgarten erstellt.

Saison 2020/2021

Auf Grundlage, der auf 1.000 Syn1-Spenderpflanzen reduzierten Population, wurden 13.738 haploide/doppelhaploide Regenerate bei SU BIOTEC erstellt, die Ende 2021 an die drei Züchtungspartner abgegeben wurden.

Saison 2021/2022

Mittels phänotypischer Selektion wurde über die 3 Anbaustandorte bei den Züchtern die Zielgröße von 1.000 Syn1-DH aus den insgesamt angebauten 13.738 Regeneraten angestrebt. Dazu wurden bei der Nordsaat die zugeteilten 4.588 Syn1-Regenerate im Kalthaus (Schutz vor Vögeln, Außenklima) über den Winter 2021/22 vernalisiert und bis zur Reife 2022 kultiviert. Während der Vegetationszeit wurden die Regenerate phänotypisch bonitiert. Geerntet wurden bei der Nordsaat 1.112 genomisch aufgedoppelte, hexaploide Weizenpflanzen, die ausreichend Saatgut für eine erneute Aussaat im Zuchtgarten 2022-23 lieferten, aber die überwiegende Mehrheit hatte zu wenig Saatgut für einen Feldversuch. 2022 wurde also erneut nur eine Parzelle zur Vermehrung gesät, kein Ertragsversuch.

Nach Diskussion mit den anderen Projektteilnehmern bezüglich der tatsächlich geernteten Saatgutmengen, wurde eine erneute Aussaat der DH-Linien zur Erzeugung von Saatgut beschlossen.

Saison 2022/2023

Zur Ernte 2023 standen 1.112 DHs zur erneuten Saatguterzeugung im Feld der Nordsaat. Diese Stufe wurde vor der Ernte für eine phänotypische Selektion genutzt, um völlig ungeeignete Linien zu entfernen, basierend auf den verschiedenen 2023 durchgeführten Bonituren zu agronomischen und phytosanitären Eigenschaften. 313 dieser vermehrten DH-Linien wurden geerntet und standen für eine erneute Aussaat im Jahr 2023 zur Verfügung.

Die 313 positiv selektierten DH-Linien wurden um 7 DH-Linien aus der Ausgangspopulation ergänzt. Zusammen mit den 3 wiederholten Checks standen so 400 Parzellen im Feld (zuzüglich 16 Randparzellen), die standortüblich intensiv behandelt wurden, damit die Saatguterzeugung sichergestellt war. Mit dem daraus zu erntenden Saatgut von ca. 33 DH-Linien je Partner zur Erreichung der insgesamt 100 zu prüfenden Linien, sollte 2024 die Aussaat der 7 Leistungsprüfungen und 3 Beobachtungsstandorte erfolgen (ursprünglich für 2023/2024 vorgesehen).

Saison 2023/2024

Zur Ernte 2024 herrschten gute Bedingungen und die Nordsaat konnte für den Versuch verlässliche Daten erheben. Diese Ertragsdaten wurden dem Projektkoordinator zur Verfügung gestellt und an der JLU Gießen zusammen mit den Daten der übrigen Projektteilnehmer verrechnet. Die JLU war damit in der Lage mithilfe genotypischer Daten eine genomische Vorhersage zu rechnen.

Auf Grundlage der gemessenen Erträge und der berechneten Vorhersagen wurden im September 2024 15 Genotypen von der Nordsaat zur Aussaat 2024 im finalen Ertragsversuch für Ernte in 2025 ausgewählt (ursprünglich vorgesehen für 23-24). Zusammen mit den Genotypen der übrigen Projektpartner und verschiedenen zugelassenen Sorten, die zum Vergleich dienten, wurden 120 Parzellen 2024 gesät (Details im Bericht des Projektkoordinators).

Saison 2024/2025

Im Jahr 2025 standen bei der Nordsaat zwei Versuche bestehend aus 120 Parzellen zur Bonitur und Ernte. Ein Versuch stand in Böhnshausen und ein Versuch stand in Gudow. In Böhnshausen wurden Bonituren für 20 Merkmale durchgeführt und an den Projektpartner JLU übermittelt. Zur Ernte wurden 3 Ertragsparameter erfasst (Ertrag der Parzelle in Kg, Kornfeuchte und Hektolitergewicht).

Wesentliche Ergebnisse

Die Feldversuche wurden wie vorgesehen gedreht, bonitiert und geerntet. Teilweise wurden mehr Merkmale erfasst und weiter gereicht als ursprünglich verabredet.

Zusammenarbeit mit anderen Forschungseinrichtungen

Die Koordination der Projektpartner und anstehenden Arbeiten erfolgte durch die JLU regelmäßig und zumeist per Videokonferenz. Es wurde jeweils zu wichtigen Zeitpunkten bezüglich der Organisation von Ernte oder Aussaat und Bonituren eine Videokonferenz abgehalten, um die wesentlichen Aspekte zu klären. Besonders während der Aussaatphase 2024 war der Kontakt rege und die Zusammenarbeit sehr konstruktiv.

Teil 2: Eingehende Darstellung – HaploSelekt

Gesamtziel des Projektes sowie wissenschaftliche und/oder technische Arbeitsziele des Vorhabens

Das Vorhaben HaploSelekt hatte zum Ziel, genomweite Haplotypblöcke („Haploblöcke“) und deren phänotypische Effekte auf die Ertragsleistung unter limitierter Wasser- und Nährstoffverfügbarkeit in Elitewinterweizenlinien zu ermitteln und anschließend mit Hilfe von Computersimulationen zielgerichtet geeignete Kreuzungsschemata zu entwickeln, um vorteilhafte Haploblöcke mittels modernster Züchtungsmethoden in umweltstabilen Hochleistungslinien mit wirtschaftlicher Relevanz anzureichern. Konkret wurde zunächst eine breite Kollektion neuester Elitewinterweizenlinien in Feldversuchen auf ihre agronomischen Leistungseigenschaften hin untersucht. Parallel wurden diese Linien hochdicht genomabdeckend mittels SNP-Markern genotypisiert. Um die Anpassungsfähigkeit an den Klimawandel zu evaluieren, wurden zudem die Transpiration, die Trockentoleranz und die Nährstoffeffizienz aller Genotypen ermittelt. Hierzu wurde die einzigartige Phänotypisierungsplattform DroughtSpotterXXL zum Einsatz gebracht. Zur Auswahl geeigneter Kreuzungseltern wurde schließlich anhand der SNP-Profile und der Leistungsdaten ein Katalog der genomweiten Haploblöcke und ihrer entsprechenden Effekte auf die Vererbung der Zielmerkmale erstellt. Mittels Computersimulationen wurden Kreuzungspartner ausgewählt und Kreuzungsschemata erstellt, mit denen eine maximale Akkumulation von vorteilhaften Haploblocken erreichbar schien. Unter Einsatz der Doppelhaploidentechnik und der genomischen Selektion sollte letztendlich, ausgehend von genomgestützten Vierwegekreuzungen, eine neue Elitezuchtpopulation mit hohem genomischem Zuchtwertpotential für optimale sowie suboptimale Umwelten erstellt werden. In der zweiten Förderphase wurden aus Individuen mit maximalem genomischem Zuchtwertpotential doppelhaploide (DH-)Nachkommen erstellt. Nach phänotypischer Auslese von nicht-angepassten Genotypen wurden in der zweiten Förderphase die Haploblockmuster der Nachkommen mit genomweiten SNPs ermittelt. Die in der ersten Förderphase entwickelten genomischen Selektionsmodelle wurden genutzt, um 100 DH-Linien mit dem höchsten genomisch geschätzten Zuchtwert im letzten Projektjahr eingehend auf Ertragsleistung und -stabilität sowie auf Trockenstress und Wassernutzungseffizienz zu evaluieren und dadurch klimaangepasste Hochleistungssortenkandidaten zu identifizieren. Ein wesentliches Projektziel der zweiten Projektförderphase bestand darin, die in bereits vorliegenden Studien, sowie die in der ersten Projektförderphase ermittelten Haploblockeffekte anhand des erstellten Materials zu validieren und somit präzise Methoden für eine routinierte, effiziente Züchtung von klimaangepassten Sorten zur Verfügung zu stellen. Für die beteiligten Züchtungsunternehmen stellen diese Methoden, das neuartige Pflanzenmaterial sowie die umfangreichen genetischen Daten und der Haploblockeffekt-

Katalog eine einzigartige Ressource für die weiterführende Kreuzungsplanung und Selektion im Zuge des Klimawandels dar.

Beschreibung des Forschungs- und Technikstandes

Zukünftige Sorten sollen resilienter gegen abiotische (z.B. Niederschlagsverteilung) und biotische (z.B. Pathogenspektrumverschiebung [Velasquez, et. al., 2018]) Störgrößen sein und ihr Anbau selbst möglichst wenig negative Umwelteffekte verursachen. Hierzu sind maßgeblich die Düngung zu reduzieren sowie die Flächenproduktivität zu steigern. Die offiziellen Sortenversuche sowie wissenschaftliche Auswertungen zeigen sehr deutlich, dass ein beachtlicher Zuchtfortschritt in Weizen vorliegt (Laidig et al., 2017). Dieser ist auch bei unterschiedlicher N-Versorgung und Pflanzenschutzmitteleinsatz ersichtlich (Cormier et al., 2013; Voss-Fels, Stahl und Wittkop et al., 2019). Dieser empirischen Evidenz steht gegenüber, dass herausfordernde Umwelt- und Managementbedingungen sowie die Versorgung mit Wasser bzw. Nährstoffen die Praxiserträge stagnieren lassen. Die Thesen, dass moderne Sorten eine geringere genetische Diversität aufweisen (van de Wouw et al., 2009) und nur unter hohem ackerbaulichem Input ihre Vorteile ausspielen können, konnten wir in sehr umfangreichen Versuchen mit Elitesorten der letzten fünf Dekaden, angebaut unter unterschiedlichen Managementintensitäten, eindeutig widerlegen (Sektion 3.2; Voss-Fels, Stahl und Wittkop et al. 2019). Die Tatsache, dass die züchterische Selektion im Laufe der letzten Jahrzehnte bereits die Einflüsse des Klimawandels berücksichtigte, wird häufig vergessen. So stellen die Elitesorten von heute einen diversen und vorselektierten Genpool dar, der aufgrund der Züchtungserfolge der letzten Dekaden bereits über eine genetische Ausgangsveranlagung für Leistungsfähigkeit im Verlauf des Klimawandels verfügt.

Steigerung der Leistungsfähigkeit durch Akkumulation vorteilhafter Haploblöcke

Die Selektion auf Merkmale wie Ertrag, Ertragsstabilität, Trockenstresstoleranz und Nährstoffeffizienz, sowie Resistenzen gegenüber bedeutenden Krankheiten, insbesondere Septoria und Fusarium, mit einzelnen gekoppelten Markern hat sich bislang in der praktischen Züchtung nur in wenigen Fällen als erfolgreich erwiesen, da viele einzelne Genomregionen meist nur einen geringen Beitrag zur phänotypischen Varianz leisten und durch die Abhängigkeit vom genetischen Hintergrund meist nicht ohne Weiteres auf andere Kreuzungspopulationen übertragen werden können. Somit wird das genetische Potential von Weizen für solche Merkmale durch die Summe aller additiven quantitativen Merkmalseffekte bestimmt. Klassischerweise wird dieser Zuchtwert (Breeding value, BV) in Nachkommenschaftstests bestimmt. Die nahezu unendlichen Rekombinationsmöglichkeiten lässt die Zahl der potenziellen Kreuzungen und Nachkommenprüfungen die Kapazität jedes Zuchtunternehmens um ein Vielfaches übersteigen. Für den Erfolg von

Züchtungsunternehmen ist es daher eine der zentralsten Fragen, wie die begrenzten Ressourcen zur Identifikation, Selektion und Vermehrung von überlegenen Genotypen eingesetzt werden, so dass möglichst viele positive Effekte effizient in einzelnen Sortenkandidaten kombiniert werden (Bassi et al., 2015). Die Nutzung von genomweiten Markern zur Schätzung des genomischen Zuchtwertes (Genomic estimated breeding value, GEBV) kann genutzt werden, um in silico Vorselektionen vorzunehmen und dadurch real nur solche Genotypen zu testen, die erfolgsversprechender sind und mit einer überdurchschnittlichen Wahrscheinlichkeit zu den Top-Performern gehören. Um die Häufigkeit, mit der ein Allel zur Leistungsfähigkeit eines Genotyps beiträgt, zu berücksichtigen, wurde von Goddard et al. (2009) das Konzept des gewichteten GEBV eingeführt. Allerdings werden die Genompositionen der Marker sowie die Phase benachbarter Markerallele nicht berücksichtigt. So kann sich in einer Population mit unterdurchschnittlichen Nachkommen ein Kandidat befinden, der eine überdurchschnittliche Leistung vererbt (Müller et al, 2018). In diesem Zusammenhang wurde das Konzept der optimalen Haploblockeffekte (optimal haploid value, OHV) vorgeschlagen. Dieses Konzept zielt darauf ab, vorherzusagen, welche optimale Kombination von Haplotypen in Gameten von heterozygoten Kandidaten produziert wird (Daetwyler et al. 2015). Müller et al. (2018) schlagen das Konzept des expected maximum haploid breeding value (EMBV) vor, welches den aus Zufallspaarungen maximal zu erwartenden GEBV beschreibt.

Planung und Ablauf des Vorhabens

In Projektförderphase I (AP0-AP7, AP10)

AP1. Projektkoordination (JLU-Snowdon)

Projektpartner JLU hatte während der gesamten Projektlaufzeit die kontinuierliche Koordination zu verantworten. Ebenso wurden die Fertigstellung der Zwischen- und Abschlussberichte koordiniert und jährliche Projekttreffen geplant.

AP2. Zusammenstellung des Basismaterials und Verrechnung vorhandener Daten (JLU-Frisch, JLU-Snowdon, GSA)

Aus bereits vorhandenen Datensätzen wurden 378 Elitelinien ausgewählt, die als Basismaterial für das geplante Projekt dienen sollten und im ersten Projektjahr an sieben Standorten auf ihre Ertragsfähigkeit geprüft zu werden.

AP3. Ermittlung der Wassernutzungseffizienz und Trockenstresstoleranz der Elternlinien (JLU-Snowdon)

Basierend auf den leistungsfähigsten Genotypen aus AP2 sollten 79 Genotypen auf ihre Wassernutzungseffizienz und Ertragsleistung unter Trockenstress charakterisiert werden. Hierzu sollte die Phänotypisierungsplattform DroughtSpotter XXL (siehe Sektion 3.2) zum Einsatz gebracht werden.

AP4. Leistungsprüfung des Basismaterials in orthogonalen, mehrortigen Feldversuchen (DSV, Nordsaat, WvB, GSA, JLU-Snowdon)

Die gesamte Population (n=378) aus AP2 sollte an sieben Standorten hinsichtlich ihrer Leistungsfähigkeit geprüft werden. Zusätzlich waren die Genotypen an drei Standorten in Beobachtungsparzellen zur Krankheitsbonitur anzubauen.

AP5. Haploblockeffektschätzung (JLU-Snowdon)

Das Basismaterial aus AP2 (n=378) sollte mittels Illumina 25k-SNP-Chip genotypisiert (Auftragsanalyse) werden. Jedem LD-basierten Haplotypblock sollte für die Merkmale ein über *best linear unbiased prediction* (BLUP) ermittelter genomischer Zuchtwert (*genomic estimated breeding value*, GEBV) zugeordnet werden. Für diese und weitere Kalkulationen wird das R-Software-Paket SelectionTools verwendet, welches von der Arbeitsgruppe JLU-Frisch entwickelt wurde.

AP6. Simulationsbasierte Kreuzungen und Selektion

AP6.1. Erstellung des Simulationsmodells (JLU-Frisch)

Zur Planung der Kreuzungen sollten Kreuzungsentscheidungen simuliert und analysiert werden.

AP6.2. Simulation der Kreuzungen und genomischen Selektion (JLU-Frisch)

Für die Kreuzungsplanung galt es zunächst, in einem ersten Schritt alternative Kriterien für die Wahl von Kreuzungspartnern zu definieren. Für diese Strategien sollten die im Projekt erzeugten Daten herangezogen werden. Anhand der Analyse der simulierten Daten waren die Kreuzungsstrategien zu bewerten und die Kreuzungsentscheidungen für das Projekt festzulegen.

AP7 Kreuzungsarbeiten und Materialentwicklung bis zur Erstellung von DH-Linien

AP7.1 Auswahl geeigneter Kreuzungseltern und Erstellung der Initialkreuzungen (SU BIOTEC)

Ausgehend von den in AP2 ausgewerteten Daten sollten geeignete Elternkombinationen ausgewählt werden, um rund 100 paarweise Kreuzungen zwischen komplementären Eltern durchzuführen (AxB, CxD, ExF, etc). Danach galt es eine Kreuzungsplanung zu erstellen, wonach aus den 4.950 möglichen Vierwegekreuzungen aus den vorliegenden F1-Genotypen die 75 Kombinationen mit dem maximal erreichbaren GEBV zu identifizieren waren (größte potentielle Akkumulation von positiven Haploblockeffekten für den Merkmalindex). Diese 75 Kreuzungen sollten anschließend nach dem Schema ((AxB)x(CxD)), ((ExF)x(GxH)), etc., durchgeführt werden. Die resultierenden SYN1-Pflanzen sollten per genomischer Selektion selektiert werden.

AP7.2 Genomische Selektion der SYN1-Pflanzen (JLU-Frisch, JLU-Snowdon)

Die SYN1-Pflanzen sollten mittels des Illumina 25k-SNP-Chip genotypisiert und anhand der genomweiten Marker in silico 1.000 SYN1-Pflanzen mit dem größten GEBV selektiert werden.

AP7.3. DH-Entwicklung und Vermehrung (SU BIOTEC, DSV, Nordsaat, WvB,)

Basierend auf den in AP7.2 ausgewählten Spenderpflanzen sollten von SU BIOTEC über Antherenkultur 5000 DH Linien erstellt und nach einer ersten Prüfung durch Züchter auf 1.000 DH Linien herunterselektiert werden, die grundlegenden agronomischen Ansprüchen genügen und für eine Selektionsentscheidung in der zweiten Projektförderphase verbleiben.

Projektförderphase II (AP1, AP8-10)

AP 8. Zweiter Zyklus genomischer Selektion (JLU-Frisch, JLU-Snowdon)

Die 1.000 verbleibenden DH-Linien aus AP7.3. sollten wiederum mit dem Illumina 25k-SNP-Chip genotypisiert und anhand der genomweiten Marker und der bestimmten Haploblöcke bzw. GEBV der Einzelnukleotidmarker (Single Nucleotid Polymorphismen, SNP) um den Faktor 10 auf 100 selektiert werden (Selektionsintensität 10%), um solche zu identifizieren, die ein hohes Potential haben, eine überragende Leistung unter Feldbedingungen zu erbringen.

AP 9. Evaluierung der verbesserten Genotypen

AP 9.1 Feldprüfung (DSV, Nordsaat, WvB, GSA, JLU-Snowdon)

Die in AP10 genomisch selektierten Genotypen sollten in Leistungspartzen mehrortig geprüft und mit Standardsorten sowie unselektiertem Material als Referenz geprüft werden.

AP 9.2 Evaluierung der Wassernutzungseffizienz und Trockenstresstoleranz (JLU-Snowdon)

Analog zu AP3 sollten auch die Wassernutzungseffizienzparameter der Kreuzungsprodukte mittels DroughtSpotterXXL erfasst werden.

AP 10. Datenmanagement (GSA)

Alle erhobenen Daten in Form von Materialinformationen, phäno- und genotypische Daten, Metadaten sowie abgeleitete Daten sollten in der Operativdatenbank der GSA abgelegt und den Partnern aktuell zur Verfügung gestellt werden. Der Partner GSA hatte das Datenmanagement zu verantworten.

Stand der Technik

Zukünftige Sorten sollen resilienter gegen abiotische (z.B. Niederschlagsverteilung) und biotische (z.B. Pathogenspektrumverschiebung [Velasquez, et. al., 2018]) Störgrößen sein und ihr Anbau selbst möglichst wenig negative Umwelteffekte verursachen. Hierzu sind maßgeblich die Düngung zu reduzieren sowie die Flächenproduktivität zu steigern. Die offiziellen Sortenversuche sowie wissenschaftliche Auswertungen zeigen sehr deutlich, dass ein beachtlicher Zuchtfortschritt in Weizen vorliegt (Laidig et al., 2017). Dieser ist auch bei unterschiedlicher N-Versorgung und Pflanzenschutzmitteleinsatz ersichtlich (Cormier et al., 2013; Voss-Fels, Stahl und Wittkop et al., 2019). Dieser empirischen Evidenz steht gegenüber, dass herausfordernde Umwelt- und Managementbedingungen sowie die Versorgung mit Wasser bzw. Nährstoffen die Praxiserträge stagnieren lassen. Die Thesen, dass moderne Sorten eine geringere genetische Diversität aufweisen (van de Wouw et al., 2009) und nur unter hohem ackerbaulichem Input ihre Vorteile ausspielen können, konnten wir in sehr umfangreichen Versuchen mit Elitesorten der letzten fünf Dekaden, angebaut unter unterschiedlichen Managementintensitäten, sehr eindeutig widerlegen (Sektion 3.2; Voss-Fels, Stahl und Wittkop et al. 2019). Die Tatsache, dass die züchterische Selektion im Laufe der letzten Jahrzehnte bereits die Einflüsse des Klimawandels berücksichtigte, wird

häufig vergessen. So stellen die Elitesorten von heute einen diversen und vorselektierten Genpool dar, der aufgrund der Züchtungserfolge der letzten Dekaden bereits über eine genetische Ausgangsveranlagung für Leistungsfähigkeit im Verlauf des Klimawandels verfügt.

Steigerung der Leistungsfähigkeit durch Akkumulation vorteilhafter Haplotypblöcke
Die Selektion auf Merkmale wie Ertrag, Ertragsstabilität, Trockenstresstoleranz und Nährstoffeffizienz, sowie Resistenzen gegenüber bedeutenden Krankheiten, insbesondere Septoria und Fusarium, mit einzelnen gekoppelten Markern hat sich bislang in der praktischen Züchtung nur in wenigen Fällen als erfolgreich erwiesen, da viele einzelne Genomregionen meist nur einen geringen Beitrag zur phänotypischen Varianz leisten und durch die Abhängigkeit vom genetischen Hintergrund meist nicht ohne Weiteres auf andere Kreuzungspopulationen übertragen werden können. Somit wird das genetische Potential von Weizen für solche Merkmale durch die Summe aller additiven quantitativen Merkmalseffekte bestimmt. Klassischerweise wird dieser Zuchtwert (Breeding value, BV) in Nachkommenschaftstests bestimmt. Die nahezu unendlichen Rekombinationsmöglichkeiten lässt die Zahl der potentiellen Kreuzungen und Nachkommenprüfungen die Kapazität jedes Zuchtunternehmens um ein Vielfaches übersteigen. Für den Erfolg von Züchtungsunternehmen ist es daher eine der zentralsten Fragen, wie die begrenzten Ressourcen zur Identifikation, Selektion und Vermehrung von überlegenen Genotypen eingesetzt werden, so dass möglichst viele positive Effekte effizient in einzelnen Sortenkandidaten kombiniert werden (Bassi et al., 2015). Die Nutzung von genomweiten Markern zur Schätzung des genomischen Zuchtwertes (Genomic estimated breeding value, GEBV) kann genutzt werden, um in silico Vorselektionen vorzunehmen und dadurch real nur solche Genotypen zu testen, die erfolgsversprechender sind und mit einer überdurchschnittlichen Wahrscheinlichkeit zu den Top-Performern gehören. Um die Häufigkeit, mit der ein Allel zur Leistungsfähigkeit eines Genotyps beiträgt, zu berücksichtigen, wurde von Goddard et al. (2009) das Konzept des gewichteten GEBV eingeführt. Allerdings werden die Genompositionen der Marker sowie die Phase benachbarter Markerallele nicht berücksichtigt. So kann sich in einer Population mit unterdurchschnittlichen Nachkommen ein Kandidat befinden, der eine überdurchschnittliche Leistung vererbt (Müller et al., 2018). In diesem Zusammenhang wurde das Konzept der optimalen Haplotypblockeffekte (optimal haploid value, OHV) vorgeschlagen. Dieses Konzept zielt darauf ab, vorherzusagen, welche optimale Kombination von Haplotypen in Gameten von heterozygoten Kandidaten produziert wird (Daetwyler et al. 2015). Müller et al. (2018) schlagen das Konzept des expected maximum haploid breeding value (EMBV) vor, welches den aus Zufallspaarungen maximal zu erwartenden GEBV beschreibt.

Vorarbeiten zur Selektion der Ausgangslinien

Um den innovativen Ansatz von HaploSelekt schnellstmöglich in die kommerzielle Sortenentwicklung einfließen zu lassen, stellten die beteiligten Züchter aus verschiedenen Pedigrees stammende Linien zur Verfügung, welche aus einer hohen Zuchtstufe (WP-1, WP1, WP2, WP3) stammten und daher schon an 12-21 Orten sehr umfangreich vorgeprüft wurden. Zusätzlich fand an mindestens sechs Orten in unbehandelten Versuchen eine Resistenzprüfung statt. Zur Schätzung von Jahreseffekten konnten mit etwa halb so vielen Orten außerdem noch die phänotypischen Daten aus den WP-2 Vorjahresprüfungen hinzugezogen werden. Diese fundierten Daten bildeten eine exzellente Ausgangsbasis, um die am besten geeigneten Kreuzungseltern auszuwählen.

Ansatz zur Bestimmung genomischer Reaktionen mit Merkmalsrelevanz

Bisher wird der GEBV einer Zuchtlinie in der Regel anhand von einzelnen genomweiten SNP-Markern geschätzt. Dies hat den Nachteil, dass Effekte für Genomregionen, in denen viele Marker eng gekoppelt, also in hohem linkage disequilibrium (LD) vorliegen, auf die Anzahl der lokalisierten Marker verteilt werden, ggf. dann unter einer Signifikanzschwelle liegen und nicht mehr detektiert werden können. Die Schätzung von Merkmalen an zu Haploblöcken zusammengefassten Markergruppen überwindet diese Problematik (Qian et al., 2017). Dazu wurden, basierend auf 8.710 polymorphen SNP-Markern in 200 Eliteweizensorten, 3.768 LD-Blöcke bestimmt und die Merkmalsvarianz des blockspezifischen lokalen GEBV ermittelt. Eine eingehende Analyse zeigte, dass der Zuchtfortschritt zwischen 1960 bis 2013 mit einer kontinuierlichen Akkumulation von Haploblöcken mit jeweils kleinen, vorteilhaften Effekten zusammenhängt (Voss-Fels, Stahl, Wittkop, et al., 2019). Aus den genomweiten Haploblockeffekten kann zudem der potenziell erreichbare Zuchtwert einer neuen Kreuzungskombination geschätzt werden.

Simulationsmodelle zur Vorhersage optimaler Kreuzungs- und Selektionsentscheidungen

In der Arbeitsgruppe JLU-Frisch wurde die Simulationsplattform SelectionTools entwickelt (www.uni-giessen.de/populationgenetics->Software), die Module zur Simulation von Zuchtprogrammen enthält. Die in den SelectionTools enthaltenen Simulationsroutinen (Maurer et al. 2008), die Routinen zur Schätzung von genomweiten Effekten (Hofheinz et al. 2012), sowie Routinen zur Schätzung von Mittelwerten und Aufspaltungsvarianz von Kreuzungen (Osthushenrich et al. 2017) können als Grundlage für die Simulationen verwendet werden. Im Rahmen des vom BMEL geförderten Projektes RGSGerste wurden Routinen für die Simulation von rekurrenter genomischer Selektion entwickelt.

Phänotypisierungsplattform für Deep-Phenotyping von Trockenstressverhalten

Da Trockenstressereignisse nicht konsekutiv im Zuchtprogramm auftreten (sondern z.B. 2003, 2015, 2018) sind geeignete Selektionsumwelten nicht verlässlich planbar. Darüber hinaus können Merkmale wie Transpirationsraten nicht standardmäßig im Feld erfasst werden. Um dieses Problem zu lösen, wurde von JLU-Gießen eine einzigartige Anlage zur Präzisionsphänotypisierung in Betrieb genommen. Die DroughtSpotterXXL-Anlage ermöglicht eine automatische, gravimetrische Quantifizierung der Transpiration im Hochdurchsatzverfahren, über die gesamte Vegetationsperiode, unter feldähnlichen Bedingungen (Hohmann, Stahl et al. 2016) in 240 großen Containern, 24/7 in Intervallen von fünf Minuten (Stahl, IPPS, 2018).

Angabe der verwendeten Fachliteratur

Bassia et al. (2015) *Plant Sci.* 242, 23-36.

Bouchet et al. (2016) *Agronomy for Sustainable development* 36: 38.

Cormier et al. (2013) *Theoretical and Applied Genetics* 126:3035-48.

Daetwyler (2015) *Genetics* 200:1341-1348.

Goddard (2009) *Genetica* 136: 245-257.

Hofheinz et al. (2012) *Theoretical and Applied Genetics* 125:1639-1645.

Hohmann and Stahl et al. (2016) *Plant Cell Environment* 39: 2064-2073.

IWGS (2018) *Science*, Vol. 361, 6403, 7191.

Laidig et al. (2017) *Theoretical and Applied Genetics* 130:223-245.

Maurer et al. (2008) *Euphytica* 161:133-139.

Müller et al. (2018) *G3: Genes, Genomes, Genetics* 8, 4.

Osthushenrich et al. (2017) *Plos One* 12(12):e0188839.

Qian et al. (2017) *FIPS* 8: 1534.

Searchinger et al. (2018) *Nature* 564, 249-253.

Stahl et al. (2016) *Plant Soil* 400: 245-262.

Stahl et al. (2017) *FIPS* 8: 963.

Stahl (2018) IPPS, Adelaide, Australien.

van de Wouw (2009) *PI Genet. Resour.* 8: 1-15

Velásquez (2018) 28:619-634.

Voss-Fels et al. (2015) The Plant Genome 8, 2.

Voss-Fels and Snowdon (2015) Plant Biotech Journal 14: 1086-1094.

Voss-Fels et al. (2017a) Plant Cell Environment 5: 717-725.

Voss-Fels et al. (2017b) Molecular Plant.

Voss-Fels, Stahl, Wittkop, et al. (2019) Nature-Plants. 5, 706–714.

Erzielte Ergebnisse des Vorhabens

2019/2020

AP 4 Leistungsprüfung des Basismaterials in orthogonalen, mehrortigen Feldversuchen

An allen sieben Standorten wurde der Versuch mit 378 Elitewinterweizenlinien im Herbst 2019 ausgesät. Ziel der Feldversuche war es, die agronomische Leistungsfähigkeit der Genotypen zu evaluieren und so die benötigten phänotypischen Daten zur computersimulierten Kreuzungsplanung beizutragen. Der Versuch wurde in einem augmented p-rep Design angelegt, bei dem pro Standort nur eine kleine Zahl der Genotypen in einer zweiten Wiederholung angebaut wird, um so mit einer geringen Gesamtanzahl an Parzellen an einer möglichst großen Anzahl an Umwelten testen zu können.

Beobachtungspartellen Böhnshausen

Die Beobachtungspartellen wurden im Oktober 2019 unter trockenen Bedingungen planmäßig gedrillt. Auf Grund der späten Fröste im April und der darauffolgenden Trockenheit unter ohnehin schon wasserdefizitären Bedingungen traten keine bonitierbaren Blatterkrankungen auf. Während der Blüte wurden die Beobachtungspartellen mehrfach mit einer Fusarium-Suspension infiziert, so dass in der dritten Juniwoche differenzierende Fusarium-Symptome in den Ähren erfasst werden konnten.

Leistungsprüfungen Böhnshausen

Nach der immensen Trockenheit im Vegetationszeitraum 2018/19 wurde die Leistungsprüfungspartellen unter wasserdefizitären Bedingungen im Oktober 2019 in Böhnshausen ausgedrillt. Die Niederschläge über Winter reichten nicht aus das erhebliche Wasserdefizit im Boden aufzufüllen, so dass der Versuch bereits im Mai von Trockenheit gezeichnet war. Im Laufe der weiteren Vegetation verschärfte sich durch erneut niedrige Niederschlagssummen das Wasserdefizit, so dass der Versuch Trockenstellen und deutlich

reduziertes Längenwachstum aufwies. In den behandelten Versuchen traten auf Grund der Behandlung und des niedrigen Krankheitsdruckes plangemäß keine Krankheiten auf.

Über den Antragsrahmen hinausgehend wurden die folgenden Qualitätsparameter am Standort Böhnshausen ermittelt: Fallzahl, Sedimentationswert, Kornfeuchte, Rohproteingehalt und Hektolitergewicht.

Leistungsprüfungen Granskevitx

Der Feldversuch wurde im Oktober 2019 unter guten Bedingungen ausgedrillt und zeigte auch im weiteren Vegetationsverlauf keine Auffälligkeiten. Neben dem Ährenschieben und der Längenmessung konnte differenzierendes Lager erfasst werden. Plangemäß konnten in den behandelten Versuchen durch termingerechte Applikation auftretende Krankheit ausgeräumt werden. Beim Mähdrusch wurde neben dem Ertrag auch das Hektolitergewicht ermittelt.

Vermutlich durch den starken Trockenstress an den Standorten Böhnshausen und Groß-Gerau, zeigten die Ergebnisse an diesen Orten nur eine sehr geringe Korrelation zu den Ertragsergebnissen der anderen Orte, sowie zu den Ergebnissen aus vorherigen nicht-orthogonalen Versuchen.

AP 6 Initialkreuzungen und Kreuzungssimulation

Aus den vorab geplanten Initialkreuzungen resultierten 76 F1-Nachkommen, die für die computersimulierten Vierwegekreuzungen zur Verfügung standen. 8 der Initialkreuzungen wurden zur Unterstützung von SU Biotec bei Nordsaat im Zuchtgarten erstellt. Zur Kreuzungssimulation der Vierwegekreuzungen wurden die Markerdaten und die phänotypischen Daten der Basispopulation aus den Feldversuchen dieses Versuchsjahres verwendet, um die Markereffekte zu schätzen. Die phänotypischen Daten aus den Orten Böhnshausen und Groß-Gerau wurden auf Grund der geringen Korrelation zu den Daten der anderen Orte (Abbildung 1) nicht für die weitere Kreuzungsplanung berücksichtigt. Zu Beginn der Kreuzungsplanung wurden zwar Haploblöcke gebildet, die finale Kreuzungssimulation wurde allerdings nicht mit den Haploblockeffekten, sondern anhand der Markereffekte durchgeführt. Die Auswahl der tatsächlich durchzuführenden Kreuzungen erfolgte anhand des Nützlichkeitskriteriums für den Proteinertrag. Auf diese Weise wurden über 100 der simulierten Kreuzungen ausgewählt, von denen 75 Kreuzungen tatsächlich im Gewächshaus durchgeführt werden sollen.

2020/2021

AP 7 Kreuzungsarbeiten und Materialentwicklung bis zur Erstellung von DH-Linien

Im Jahr 2020 wurden 80 F1-Kreuzungen von SU BIOTEC sowie den beteiligten Pflanzenzüchtungsunternehmen auf Grundlage des aus 378 Stämmen basierenden Basissets erstellt. Ein Teil der geernteten F1-Körner wurde anschließend bei SU BIOTEC im Herbst 2020 ausgesät und die angezogenen Pflanzen vernalisiert. Basierend auf den 25K Genotypisierungsdaten des Basissets, den HaploSelekt Feldversuchsdaten aus der Ernte 2020 (7 Orte p-rep Leistungspartzen und Beobachtungsanbau) sowie den ursprünglich ins Projekt eingebrachten Informationen zu den Stämmen, errechnete Projektpartner UGI eine Priorisierungsliste der F1 x F1 Kreuzungen zur Erstellung der 4-Wegekreuzungen. Insgesamt 107 4-Wegekreuzungen wurden Anfang 2021 bei Partner SU BIOTEC durchgeführt. Anschließend wurden über die 107 F1-Kreuzungsmütter mittels der ‚Embryo Rescue‘ Methode 2.300 Syn1-Pflanzen generiert, die im April 2021 mit dem 25K Array genotypisiert wurden.

Zur Reduktion der 2.300 Syn1-Pflanzen auf die Zielspenderzahl von 1.000 Syn1-Pflanzen, wurden von den beteiligten Züchtern sowie universitären Partnern ein Katalog an Merkmalen, bzw. Merkmalskombinationen erstellt. Projektpartner UGI berechnete basierend auf den 25K Genotypisierungsdaten sowie vorliegender phänotypischer Daten biostatistische Modelle für die 2.300 Syn1-Pflanzen.

Auf Grundlage, der auf 1.000 Syn1-Spenderpflanzen reduzierten Population, wurden 13.738 haploide/doppelhaploide Regenerate bei SU BIOTEC erstellt, die Ende 2021 an die drei Züchtungspartner abgegeben wurden. Die Verteilung erfolgte in der Form, dass jeder Züchter ein Drittel der Regenerate einer 4-Wege-Kreuzung erhielt. Somit sollte gewährleistet werden, dass Regenerate aus jeder Kreuzung weitergeführt werden können, auch wenn ein Züchterstandort ausfallen sollte. Die insgesamt 4.588 Syn1-Regenerate der Nordsaat wurden in ein Kalthaus überführt, wo diese über Winter 2021/22 vernalisiert wurden.

2021/2022

Mittels phänotypischer Selektion wird über die 3 Anbaustandorte bei den Züchtern die Zielgröße von 1.000 Syn1-DH aus den insgesamt angebauten 13.738 Regeneraten angestrebt. Dazu wurden bei der Nordsaat die zugeteilten 4.588 Syn1-Regenerate im Kalthaus (Schutz vor Vögeln, Außenklima) über den Winter 2021/22 vernalisiert und bis zur Reife 2022 kultiviert. Während der Vegetationszeit wurden die Regenerate phänotypisch bonitiert.

Geerntet wurden bei der Nordsaat 1.112 genomisch aufgedoppelte, hexaploide Weizenpflanzen, die ausreichend Saatgut für eine erneute Aussaat im Zuchtgarten 2022-23 lieferten, aber die überwiegende Mehrheit hatte zu wenig Saatgut für einen Feldversuch. Gemessen an der angestrebten Zahl von 1000 DHs, die aufgrund phänotypischer Merkmale ausgewählt werden sollten (aus ca. 1.500 erwarteten), blieb kaum Spielraum für Selektion und alle mit ausreichend Saatgut wurden im Zuchtgarten gesät. 2022 wurde also erneut nur eine Parzelle zur Vermehrung gesät, kein Ertragsversuch. Zur Ernte 2023 wurde für den überwiegenden Teil dieser DHs eine normale Erntemenge erwartet. Das sollte Ertragsversuche im Anschluss an die genomische Selektion der 100 besten ermöglichen. Nach Diskussion mit den anderen Projektteilnehmern bezüglich der tatsächlich geernteten Saatgutmengen, wurde eine erneute Aussaat der DH-Linien zur Erzeugung von Saatgut beschlossen.

2022/2023

AP 7.3: DH-Entwicklung und Vermehrung (SU BIOTEC, DSV, Nordsaat, WvB,)

Zur Ernte 2023 standen 1.112 DHs zur erneuten Saatguterzeugung im Feld der Nordsaat. Diese Stufe wurde vor der Ernte für eine phänotypische Selektion genutzt, um völlig ungeeignete Linien zu entfernen, basierend auf den verschiedenen 2023 durchgeführten Bonituren zu agronomischen und phytosanitären Eigenschaften. 313 dieser vermehrten DH-Linien wurden geerntet und standen für eine erneute Aussaat im Jahr 2023 zur Verfügung.

Diese Aussaat wurde nach Abstimmung mit den Projektpartnern derart gestaltet, dass die Parzellen sowohl die Bestimmung des Ertrages als auch eine Vermehrung des Saatgutes ermöglichten. Dazu wurde ein nicht wiederholtes, randomisiertes Design mit wiederholten Checks verwendet. Eine Parzelle war bei Aussaat 18 Quadratmeter groß. Die 313 positiv selektierten DH-Linien wurden um 7 DH-Linien aus der Ausgangspopulation ergänzt. Zusammen mit den 3 wiederholten Checks standen so 400 Parzellen im Feld (zuzüglich 16 Randparzellen), die standortüblich intensiv behandelt wurden, damit die Saatguterzeugung sichergestellt war. Mit dem daraus zu erntenden Saatgut von ca. 33 DH-Linien je Partner zur Erreichung der insgesamt 100 zu prüfenden Linien, sollte 2024 die Aussaat der 7 Leistungsprüfungen und 3 Beobachtungsstandorte erfolgen (ursprünglich für 2023/2024 vorgesehen).

2024/2025

AP 8 Zweiter Zyklus genomischer Selektion (JLU-Frisch, JLU-Snowdon)

Zur Ernte 2024 herrschten gute Bedingungen und die Nordsaat konnte für den Versuch verlässliche Daten erheben. Diese Ertragsdaten wurden dem Projektkoordinator zur Verfügung gestellt und an der JLU Gießen zusammen mit den Daten der übrigen Projektteilnehmer verrechnet. Die JLU war damit in der Lage mithilfe genotypischer Daten eine genomische Vorhersage zu rechnen.

AP 9. Evaluierung der verbesserten Genotypen

AP 9.1 Feldprüfung (DSV, Nordsaat, WvB, GSA, JLU-Snowdon)

Auf Grundlage der gemessenen Erträge und der berechneten Vorhersagen wurden im September 2024 15 Genotypen von der Nordsaat zur Aussaat 2024 im finalen Ertragsversuch für Ernte in 2025 ausgewählt (ursprünglich vorgesehen für 23-24).

Zusammen mit den Genotypen der übrigen Projektpartner und verschiedenen zugelassenen Sorten, die zum Vergleich dienen, wurden 120 Parzellen 2024 gesät (Details im Bericht des Projektkoordinators).

2025

Feldversuche

Die Feldversuche zur Ernte 2025 waren in Böhnshausen und Gudow erfolgreich gedrillt und zeigten gleichmäßige Entwicklung (Abb1 und Abb.2). In Gudow war das Frühjahr sehr trocken und das Wachstum aufgrund fehlender Niederschläge deutlich geringer als in Böhnshausen. An beiden Standorten wurden Bonituren erhoben und planmäßig geerntet.



Abbildung 1 Feldversuch in Böhnshausen in der Saison 2024/2025, aufgenommen am 24.04. 2025

Zur Ernte zeigte sich dann für Gudow ein geringerer Ertrag (Abb.3) sowie ein deutlich geringeres Hektolitergewicht (Abb.4). Das deutet darauf hin , dass die Verhältnisse in Gudow 2025 von Trockenstress geprägt waren, wie es auch schon 2019 in Gudow und Groß Gerau der Fall gewesen sein könnte (Detail im Bericht des Projektkoordinators). Ähnlich wie für 2019 erwähnt zeigt Gudow in 2025 eine geringe Korrelation zu den übrigen Standorten (Abb. 5). Im Sinne der Ziele des Vorhabens wäre es möglicherweise zielführend gewesen in 2019 gerade die Daten von Gudow und Groß Gerau zu nutzen, um die Anpassung an Stress zu begünstigen.



Abbildung 2 Feldversuch in Gudow in der Saison 2024/2025 , aufgenommen am 03.06.2025
Ernte 2025

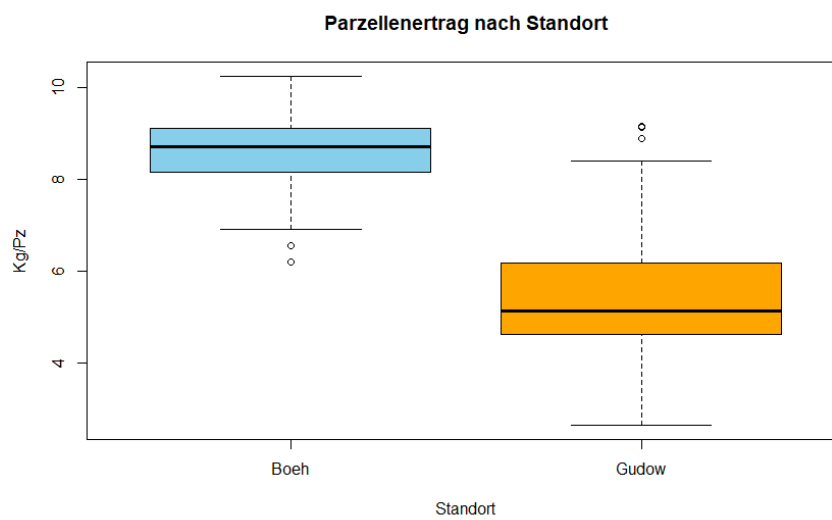


Abbildung 3 das Ertragsniveau der Parzellen in Böhnshausen und Gudow 2025

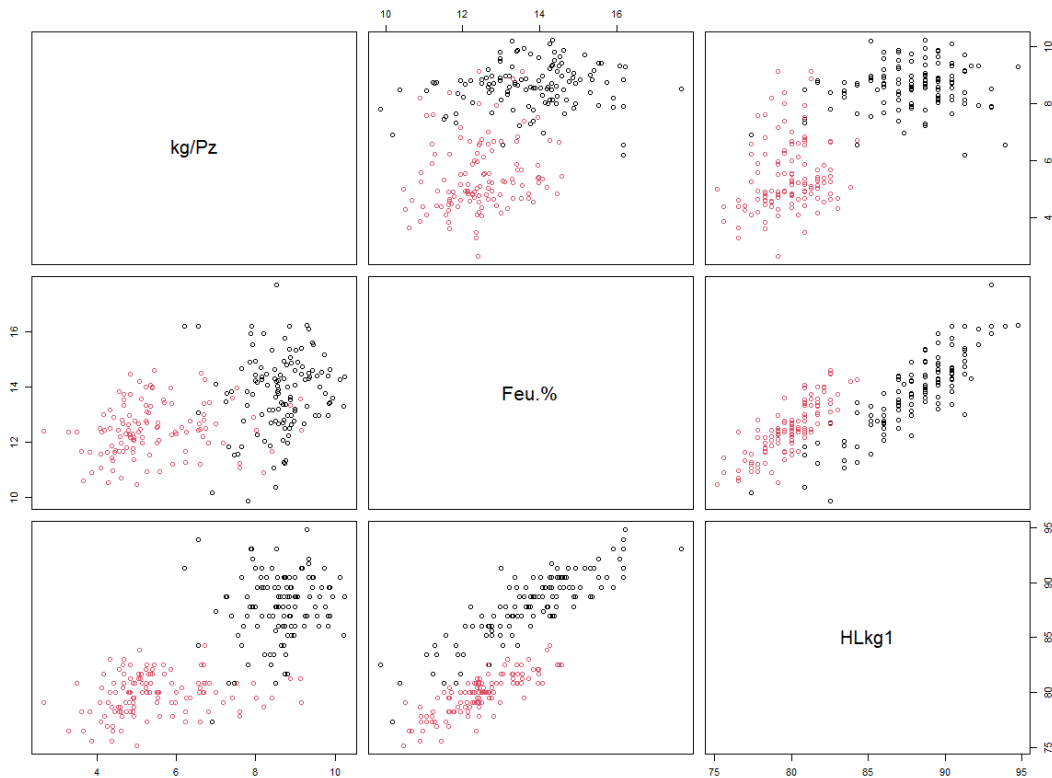


Abbildung 4 Übersicht der erfassten Merkmale bei Ernte nach Standort (Bönnshausen: Schwarz, Gudow: Rot)

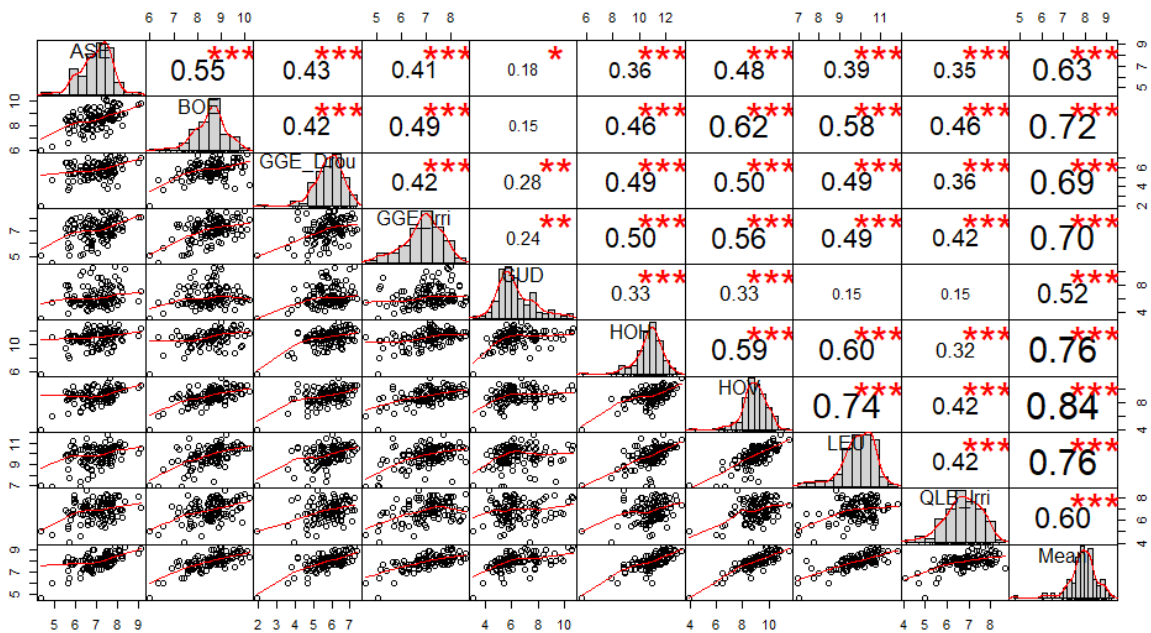


Abbildung 5 Übersicht der Korrelation von Ertragsdaten der verschiedenen in Haploselekt 2025 genutzten Standorte

die wichtigsten Positionen des zahlenmäßigen Nachweises

Während der bei der Nordsaat durchgeführten Arbeitsschritte fielen immer wieder Tätigkeiten an, die von verschiedenen Mitarbeitern der Nordsaat mit hohem Zeitaufwand erledigt werden mussten.

Notwendigkeit und Angemessenheit der geleisteten Projektarbeiten

Alle stattgefundenen Arbeiten waren zur Erreichung der gesetzten Ziele notwendig und wurden in angemessenem Umfang zur Erreichung der Projektziele durchgeführt.

Der voraussichtliche Nutzen, insbesondere die Verwertbarkeit des Ergebnisses – auch konkrete Planungen für die nähere Zukunft - im Sinne des fortgeschriebenen Verwertungsplans

Die im Rahmen des Vorhabens erzeugten und er Nordsaat übereigneten DH-Linien besitzen zumindest teilweise eine konkurrenzfähige Leistung (Details im Bericht des Projektkoordinators) und können als Sortenkandidaten in Betracht gezogen werden aber zumindest als Eltern für zukünftige Zuchtpopulationen dienen und die verbesserte Leistung bei Trockenstress zur Verfügung stellen.

FKZ:	2818403C18
Projekttitel:	HaploSelekt Haplotypenbasierte Selektion für klimaangepassten Elitewinterweizen

1. Angestrebte Erfindungen/Schutzrechtsanmeldungen und bereits erteilte Schutzrechte		
Lfd. Nr.	Konkrete Verwertung	Zeithorizont
1.1	<ul style="list-style-type: none"> Sortenkandidaten mit besserem Leistungsvermögen <i>per se</i> und speziell unter klimatisch herausfordernden Anbaubedingungen 	Frühestens 3 - 6 Jahre nach Projektende

2. Wirtschaftliche Erfolgsaussichten nach Projektende		
Lfd. Nr.	Konkrete Verwertung	Zeithorizont
2.1	<ul style="list-style-type: none"> Die Projektergebnisse, wie phäno-, genotypische und Metadaten der Projektpartner, werden standardisiert in einer SU BIOTEC Datenbank abgelegt und stellen auch nach Projektende eine nachhaltig nutzbare Informationsquelle für die praktische Weizenzüchtung dar. Standardisierte und zentrale Abfrage von Informationen aus verschiedenen Quellen und Datendomänen 	Ab Projektstart, langfristig

	<ul style="list-style-type: none"> • Effiziente Implementierung aktueller bioinformatischer Analyseverfahren und weiterentwickelter Simulationsmodelle in den Zuchtprozess 	
2.2	<ul style="list-style-type: none"> • Exklusive Anwendung des Haploblockeffekt-Katalogs in den Zuchtprogrammen • zur Verbesserung der Ertragsleistung und -stabilität von Winterweizenlinien • zur Beschleunigung des Zuchtfortschritts • für hohe Leistung per se und speziell unter klimatisch herausfordernden Anbaubedingungen • Nutzung von weiterentwickelten Vorhersagemodellen zur Optimierung der Kreuzungsplanung und Selektion - konkret: gezieltere Auswahl von Kreuzungseltern • Kompetitive Vorteile in der Sortenzulassung: Entwickelte Elitewinterweizenlinien tragen zur Wettbewerbsfähigkeit der Weizenproduktion in Deutschland und Europa gegenüber der nationalen und internationalen Konkurrenz bei 	Nach Projektende bis 6- 8 Jahre nach Projektende
2.3	<ul style="list-style-type: none"> • Die im Projekt erzielten Ergebnisse, wie der Katalog mit Haploblockeffekten, die über Simulationsmodelle erstellten Testlinien und biostatistischen Verfahren werden die Weizenzüchtungsprogramme der beteiligten Partner nach entsprechenden, individuellen Anpassungen in die Lage versetzen • deutlich effizienter und erfolgreicher klimaangepasste Weizensorten zu entwickeln • durch gesteigerte Konkurrenzfähigkeit und Kompetenz im zunehmenden nationalen und internationalen Wettbewerb zu bestehen • beschleunigt Linien mit Merkmalseigenschaften hervorzubringen, die für die Zielmärkte in Deutschland und Europa relevant sind • Arbeitsplätze in mittelständischen Unternehmen zu sichern und auszubauen 	Aufgrund der Dauer eines Zuchtprogramms manifestieren sich die Ergebnisse frühesten 3 Jahre nach Projektende in offiziellen Prüfungen (BSA)

3. Wissenschaftliche und/oder technische Erfolgsaussichten nach Projektende		
Lfd. Nr.	Konkrete Verwertung	Zeithorizont
3.1	<ul style="list-style-type: none"> • Die harmonisierte Speicherung und Nutzbarmachung von Rohdaten und Ergebnissen aus Projekten wie HaploSelekt, über Daten aus der Züchter-internen Sortenentwicklung bis hin zur Sortenprüfung und Zulassung, führen zu rasant wachsenden Datenmengen, die Algorithmen erlaubt durch entsprechende Anpassungen an Zuchtprogramme, verbesserte Simulationsmodelle zur Merkmalsvorhersage zu liefern und damit die Entwicklung überlegener Sorten zu beschleunigen. 	Nach dem 3. Projektjahr, langfristig

3.2	<ul style="list-style-type: none"> • Die innovativen biostatistischen Ansätze des Projektes zur Vorhersage von Merkmalsausprägungen basierend auf einem berechneten Katalog an merkmals-spezifischen Haploblockeffekten sowie die Vorhersage geeigneter Kreuzungen durch die Kombination von Genotypen, die sich in Bezug auf ihr Haploblockmuster für ausgewählte Merkmale optimal ergänzen, versetzten die Züchter in die Lage, • ihre Entscheidungen in ihren Weizenzuchtprogrammen weiter zu optimieren und eine gezieltere Züchtung auf zukünftige Merkmalsprofile auszurichten. Hierbei spielt die Züchtung auf Ertragsstabilität, unter zunehmend variablen Umwelt- und Klimabedingungen, eine zentrale Rolle. • neue Netzwerke und FuE-Gebiete und damit Potenziale für zukünftige Innovationen und wissenschaftliche Folgeprojekte zu erschließen • die Konkurrenzfähigkeit und Kompetenz der beteiligten Projektpartner zu steigern 	Nach dem Projektende, langfristig
-----	---	-----------------------------------

4. Wissenschaftliche und wirtschaftliche Anschlussfähigkeit		
Lfd. Nr.	Nächste Phase / nächste Schritte	Zeithorizont
4.1	<ul style="list-style-type: none"> • Die entwickelten Routinen zur Definition von Haploblöcken, Schätzung der Haploblockeffekte, Simulation von Kreuzungsprodukten und Simulation von Selektionsprozessen sind nach Projektende eine generelle Ressource, die auf zukünftige Vorhaben und Kulturarten übertragen werden kann. • Die unter standardisierten Bedingungen in einer stetig wachsenden Operativdatenbank abgelegten Informationen stellen eine zentrale, effiziente und bis weit nach dem Projektende nutzbare Ressource für die praktische Züchtung sowie für zukünftige Vorhaben dar. 	Nach dem Projektende, langfristig
4.2	<ul style="list-style-type: none"> • Den Projektpartnern stehen wertvolle pflanzen genetische Ressourcen als Ausgangsmaterial zum Aufbau weitere Populationen zur Verfügung, aus denen Weizengenotypen mit deutlicher Leistungsüberlegenheit selektiert werden können. • Entwickelte Linien werden als Ausgangsmaterial zum Aufbau klimaangepasster und leistungsfähigerer Kreuzungen genutzt. 	Nach dem Projektende, langfristig
4.3	<ul style="list-style-type: none"> • Der umfangreiche Katalog zu Haploblockeffekten, welcher basierend auf den neu-entwickelten biostatistischen Modellen erstellt wurde, erlaubt tiefgreifendere Einblicke in die Vererbung von Eigenschaften. Der Katalog mit Haploblockeffekten kann in zukünftigen Projekten und im Rahmen des Zuchtprozesses um Merkmale erweitert sowie die Schätzung der Haploblockeffekte je Merkmal weiter präzisiert werden. 	Nach dem Projektende, langfristig

Außerdem stellt die angewandte Methode zu Vorhersagen der Leistung mit Hilfe von Haplotyblöcken eine Alternative zu aufwändigen Feldversuchen dar und kann als alternativer Ansatz für die praktische Weizenzüchtung Anwendung finden.

Der während der Durchführung des Vorhabens dem Zuwendungsempfänger bekannt gewordene Fortschritt auf dem Gebiet des Vorhabens bei anderen Stellen

Für das Projekt sind keine relevanten externen Ergebnisse bekannt.

Die erfolgten oder geplanten Veröffentlichungen des Ergebnisses nach Nr. 5 der NKBF/NABF

Die Veröffentlichungen übernimmt der Projektpartner JLU.

Bisher sind bekannt:

Langstroff A., Heuermann M.C., Stahl A. & Junker A. (2022) Opportunities and limits of controlled-environment plant phenotyping for climate response traits. *Theoretical and Applied Genetics* 135, 1–16.

Difabachew et al. (2023) Genomic prediction with haplotype blocks in wheat, *Frontiers in Plant Science*, <https://www.frontiersin.org/journals/plant-science/articles/10.3389/fpls.2023.1168547/full>

Moritz A., Eckert A., Vukasovic S., Snowdon R. & Stahl A. (2024) Physiological phenotyping of transpiration response to vapour pressure deficit in wheat. *BMC Plant Biology* 24, 1032.

Heilmann et al. (2024) Machine learning for prediction of resistance scores in wheat (*Triticum aestivum* L.), *Plant Breeding*, <https://onlinelibrary.wiley.com/doi/10.1111/pbr.13235>