



# Entwicklungen in der Pflanzenzüchtung

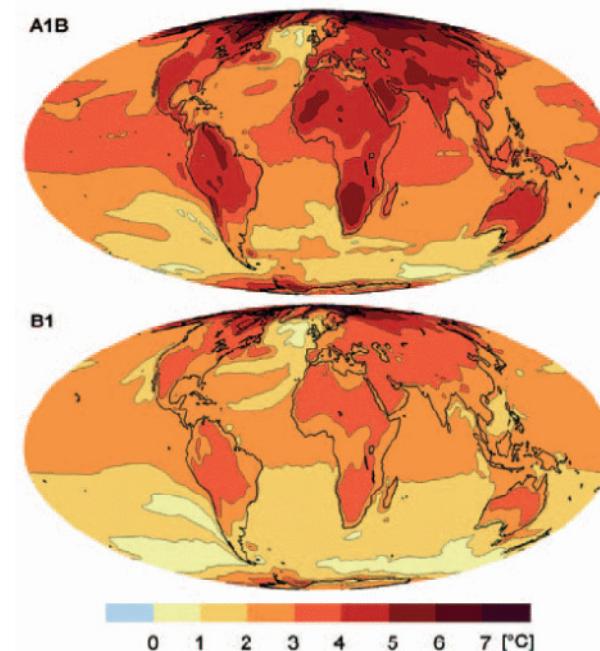
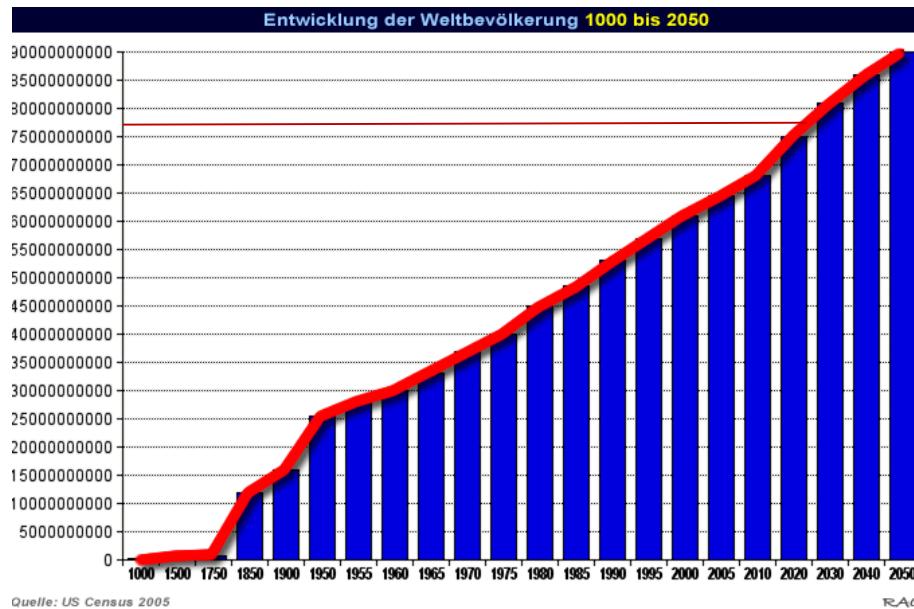
Frank Ordon

# Herausforderungen an die Pflanzenproduktion



## Ernährungssicherung

Steigende Weltbevölkerung  
Bioenergie  
Veränderte Verzehrgewohnheiten  
Klimawandel



Anstieg der weltweiten Mitteltemperatur für die Zeitspanne 071 - 2100 relativ zu der Zeitspanne 1961 - 1990. © MPI Met

# Produktionskette



## Saatgut



## Herausforderungen

- Ertragssteigerung und Sicherung
- Verbesserung der Resistenz- und Toleranzeigenschaften gegen biotischen und abiotischen Stress
- Schaffung neuer und Erhaltung bekannter Qualitäten

## Produktion



- Sicherung der Ernährung
- Nachhaltige Energieversorgung
- Effizienter Ressourceneinsatz
- Biobasierte Herstellung von Rohstoffen

Bioökonomierat 2010,2014

## Verarbeitung

Volkmar Wolters<sup>1</sup>, Johannes Isselstein<sup>2</sup>, Hartmut Stützel<sup>3</sup>, Frank Ordon<sup>4</sup>, Christina von Haaren<sup>5</sup>, Eva Schlecht<sup>6</sup>, Justus Wesseler<sup>7</sup>, Regina Birner<sup>8</sup>, Margit von Lützow<sup>9</sup>, Nicolas Brüggemann<sup>10</sup>, Bernd Diekkrüger<sup>11</sup>, Andreas Fangmeier<sup>12</sup>, Heinz Flessa<sup>13</sup>, Henning Kage<sup>14</sup>, Martin Kaupenjohann<sup>15</sup>, Ingrid Kögel-Knabner<sup>16</sup>, Reinhard Mosandl<sup>17</sup>, Ralf Seppelt<sup>18</sup>

Übersichtsarbeit

**Nachhaltige ressourceneffiziente Erhöhung der Flächenproduktivität: Zukunftsoptionen der deutschen Agrarökosystemforschung  
Grundsatzpapier der DFG Senatskommission für Agrarökosystemforschung**

Sustainable and resource efficient intensification of crop production –  
Perspectives of agro-ecosystem research  
Policy paper of the DFG Senate Commission on Agroecosystem Research

225

### 3 Forschungsschwerpunkte: Themen und Aufgabengebiete

#### 3.1 Schwerpunkt 1: Optimierung des Potentials von Kulturpflanzen zur umweltschonenden Ertragssteigerung

Ziel von Schwerpunkt 1 ist die Erhöhung der Produktivität von Kulturpflanzen in Abhängigkeit von Standort und Produktionssystem. Hierzu sollen aktuelle Erkenntnisse der molekularen Pflanzenphysiologie (etwa zu den spezifischen Mechanismen des Primärstoffwechsels in Kulturpflanzen) oder der Pflanzengenetik (z.B. Genomsequen-

zierung und Identifikation genetischer Netzwerke und deren Steuerung) genutzt werden. Schwerpunkt 1 bietet damit den geeigneten Rahmen für die stärkere Vernetzung von biologischer Grundlagenforschung und Pflanzenzüchtung. Beide Disziplinen haben in den letzten Jahren

# Klassische Pflanzenzüchtung



Selektionserfolg

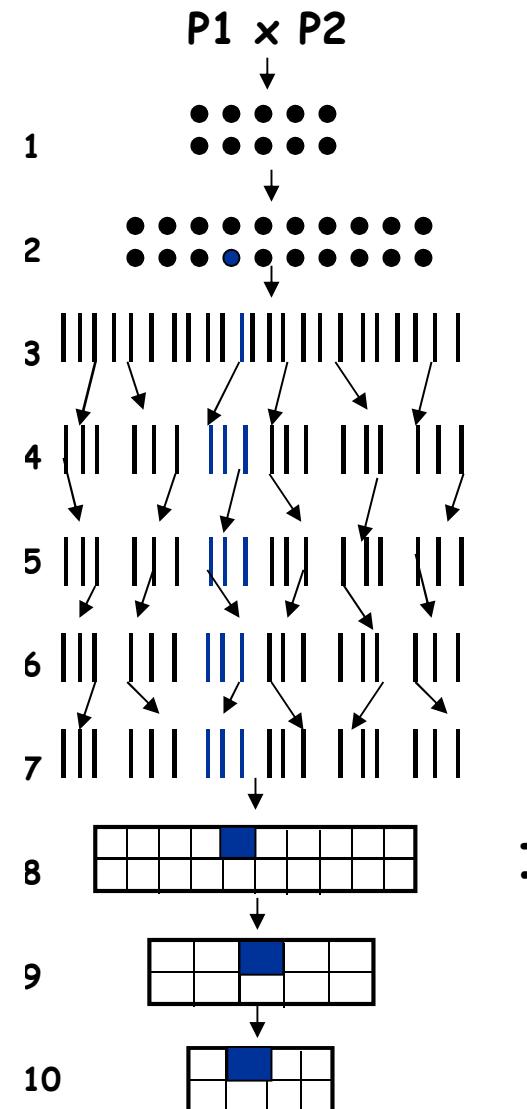
$$R = h^2 \times S_D$$

↓  
Heritabilität

$$h^2 = V_g / V_p$$

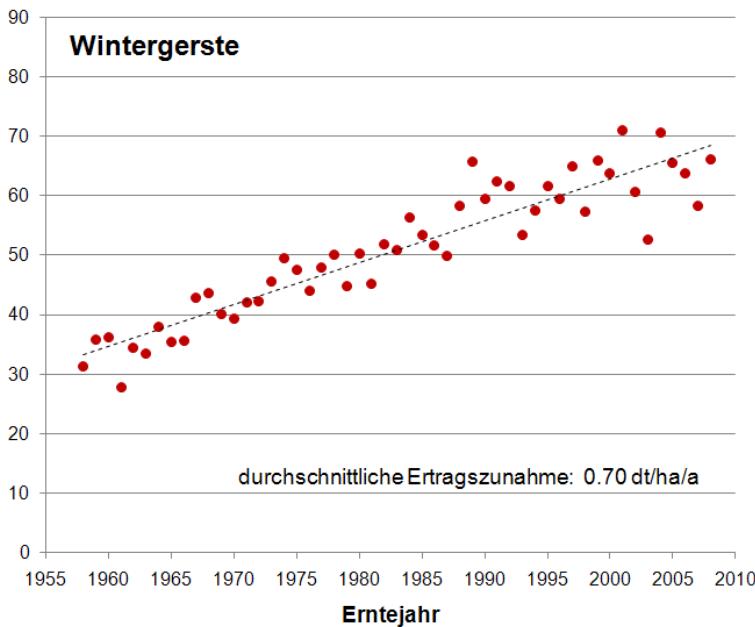
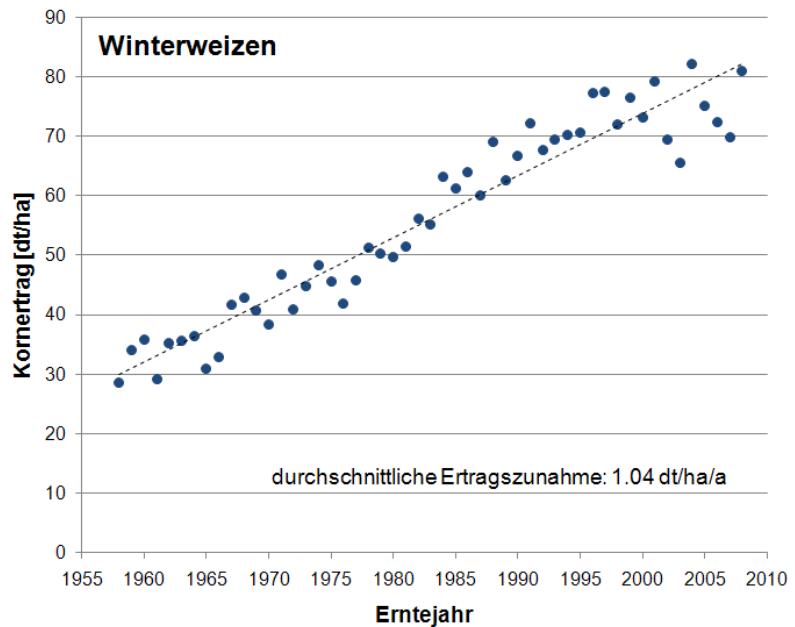
$$V_p = V_g + V_E + V_{gE}$$

↓  
Je sicherer der Rückschluß  
von  
Phänotyp auf den Genotyp  
desto höher der  
Selektionserfolg



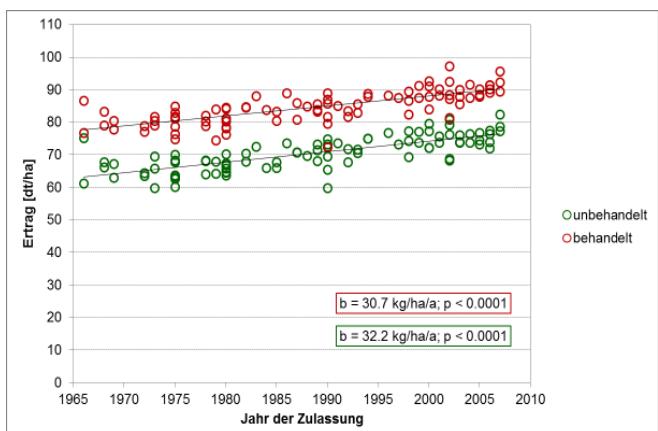
Pedigree Selektion

# Ertragsfortschritt



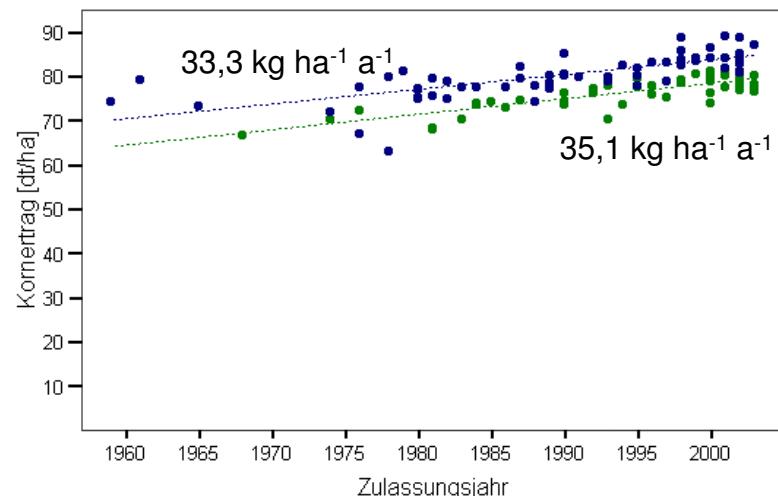
Durchschnittliche Erträge für Winterweizen und Wintergerste für die Jahre 1958 bis 2008 in Deutschland (Besondere Ernteermittlung, J. Ahlemeyer).

## Zuchtfortschritt Winterweizen



(Ahlemeyer & Friedt 2012)

## Zuchtfortschritt Wintergerste



## *Wintergerste: Kombination Mehltauresistenz - Ertrag*



Kornertrag  
(1985, n=35)

1 2 3 4 5 6 7 8 9

### Mehltau

1  
2  
3

1 1

(2013, n=77)

1  
2  
3

2 3 3 4 5

Beschreibende Sortenliste, 1=minimum, 9=maximum

## *Winterweizen: Kombination Ertrag – Qualität – Resistenz*

Kornertrag  
(1998, n=73)

1 2 3 4 5 6 7 8 9

### Qualität

A  
E

1 2 3 1 10 5 1 → 2

(2013, n=115)

A  
E

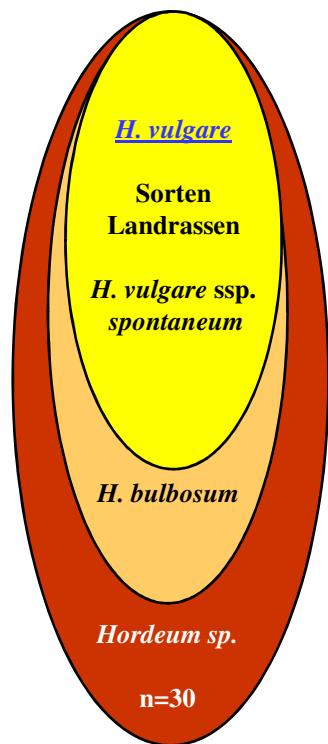
1 1 1 7 7 → 10  
1 4 16 14 1 → 4

Fusarium-  
Resistenz

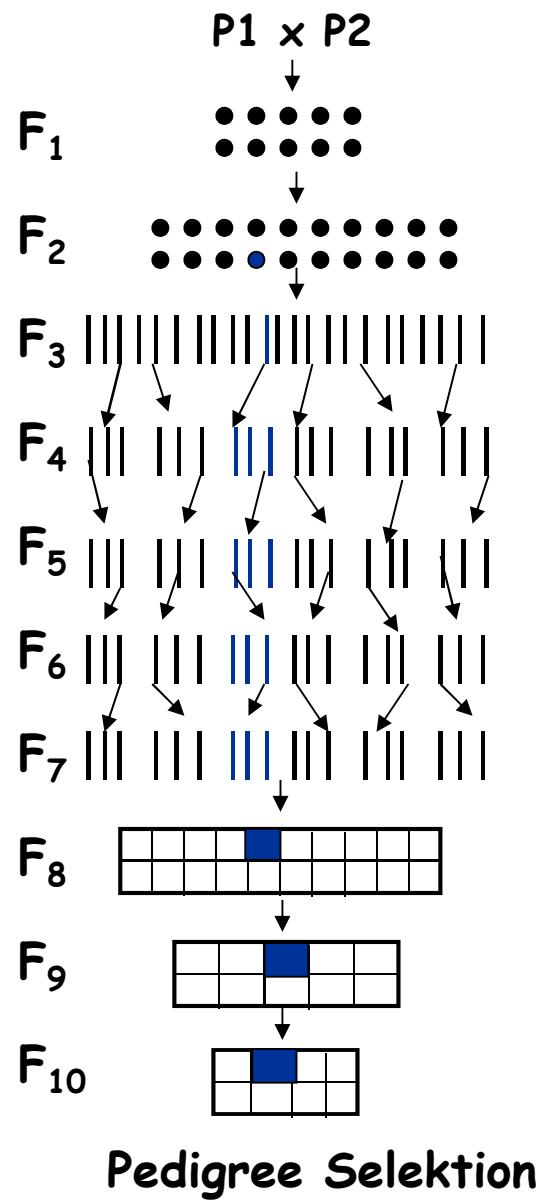
# Klassische Pflanzenzüchtung



Erfassung genetischer Variation



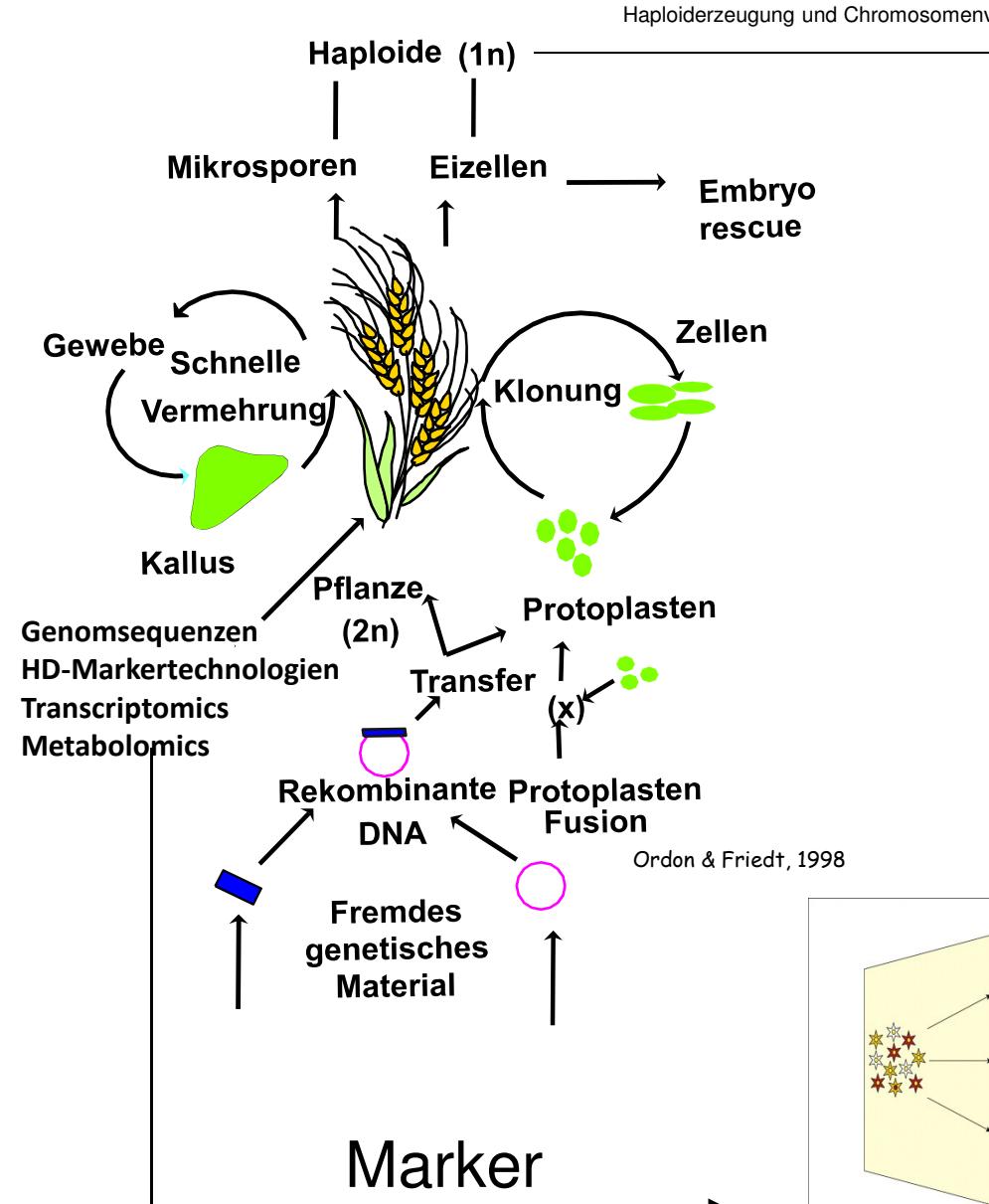
Nutzung genetischer Variation



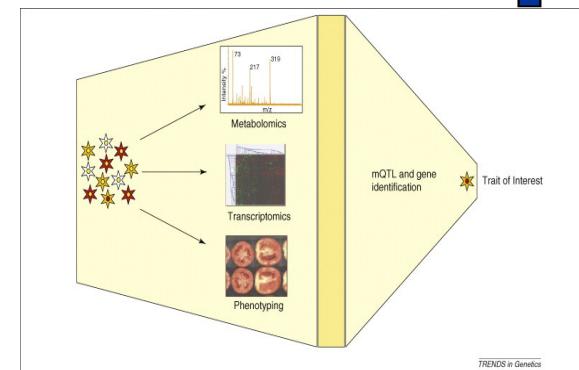
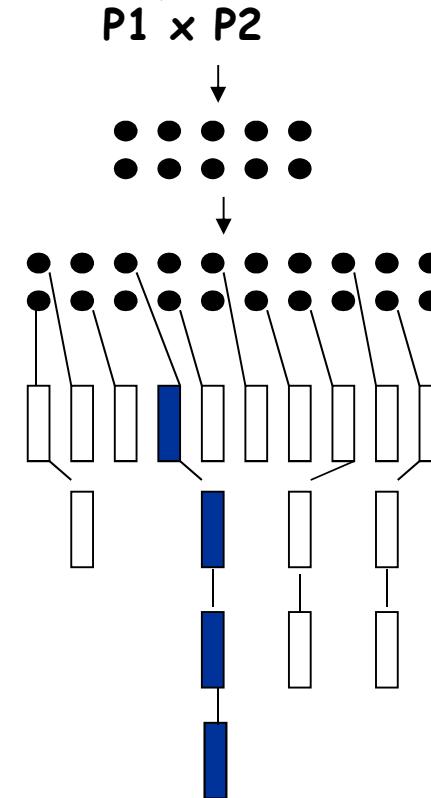
# Pflanzenzüchterisches Instrumentarium



Biotechnologie



Institute for Resistance Research and Stress Tolerance

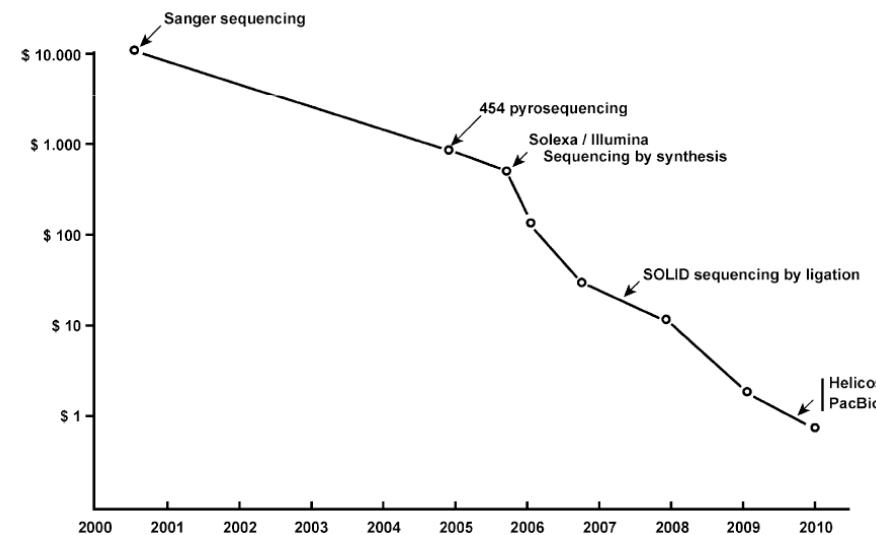


Fernie, A.R., N. Schauer, 2008:  
Trends in Genetics 25, 39-48

# Pflanzenzüchterisches Instrumentarium



Marker type	RFLPs	Genomic SSRs	AFLPs	EST SNPs/SSRs	DArTs	BOPAs/OPAs	iSelect		Genotyping by sequencing
Throughput	single marker application	single marker application	few marker application	single marker application	6K	1,5K	9K	50K	
Multiplexing	no multiplexing	few markers multiplexing	low multiplexing	few markers multiplexing	platform/ simultaneous analysis	platform/ simultaneous analysis	platform/ simultaneous analysis	platform/ simultaneous analysis	simultaneous multiplexing NGS/GBS
Amount of DNA	Large amount	low amount	low amount	low amount	low amount	low amount	low amount	low amount	low amount
Quality of DNA	very good	average	average	average	very good				



M. Delseny et al. (2010) *Plant Sci.* **179**: 407-422

## ARTICLE

doi:10.1038/nature11543

### A physical, genetic and functional sequence assembly of the barley genome

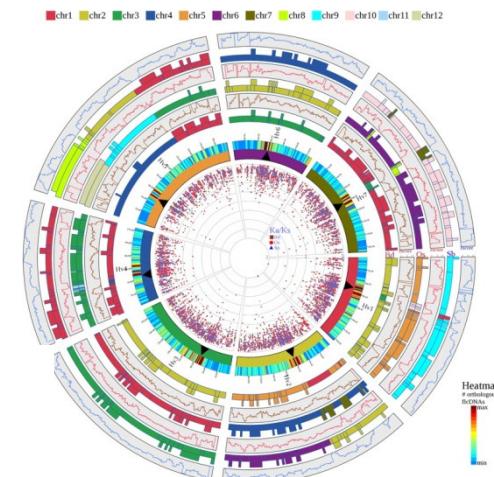
The International Barley Genome Sequencing Consortium\*



The Plant Cell, Vol. 23: 1249–1263, April 2011, www.plantcell.org © 2011 American Society of Plant Biologists

LARGE-SCALE BIOLOGY ARTICLE

Unlocking the Barley Genome by Chromosomal and Comparative Genomics



# Markergestützte Nutzbarmachung von Resistenzen: *P. hordei*



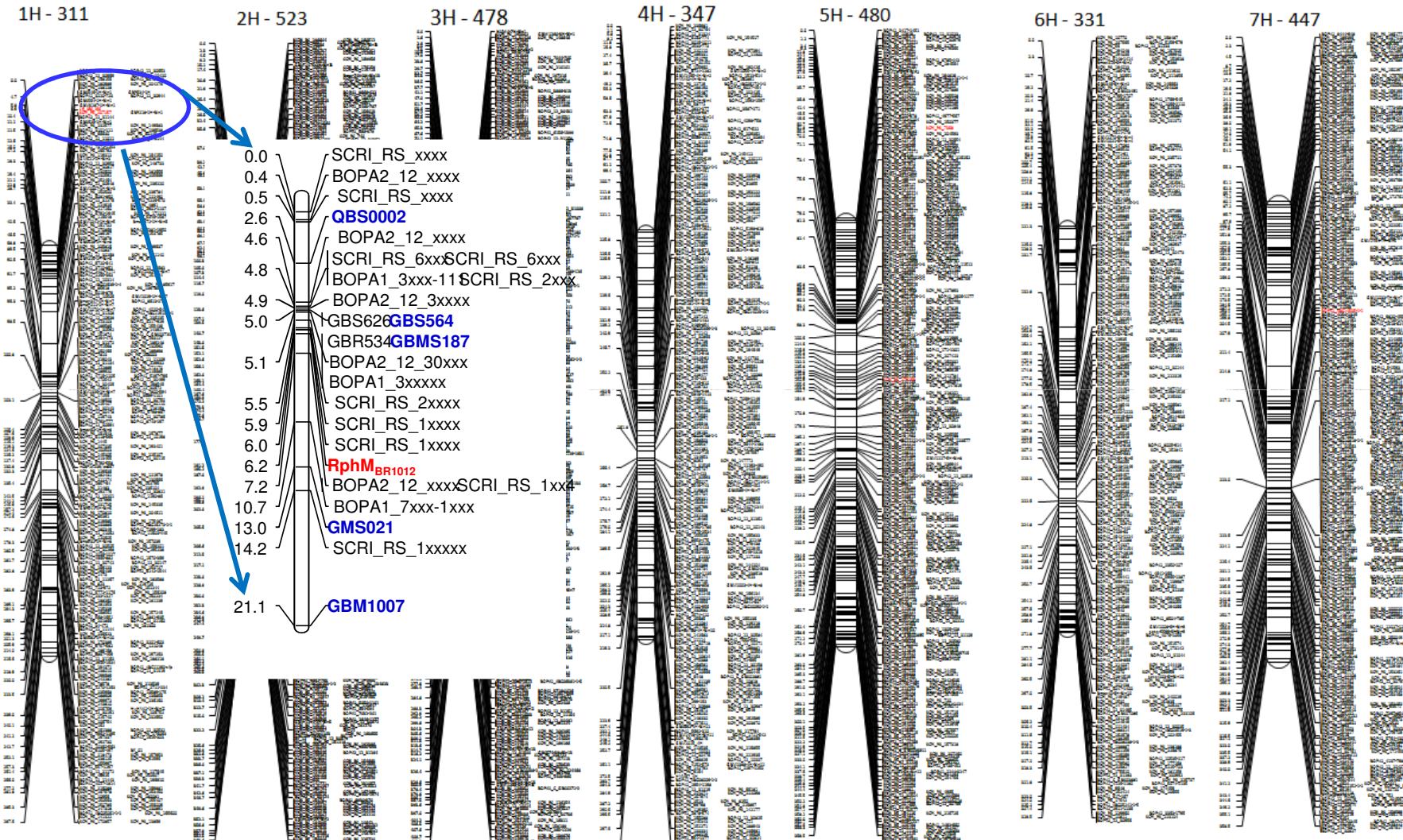
Mol Breeding (2012) 30:1253–1264  
DOI 10.1007/s11032-012-9712-0

## Genetic mapping of a leaf rust resistance gene in the former Yugoslavian barley landrace MBR1012

J. König · D. Kopahnke · B. J. Steffenson ·  
N. Przulj · T. Romeis · M. S. Röder · F. Ordon ·  
D. Perovic

Cultivar Isolat / gene	Gold <i>Rph4</i>	Cebada Capa <i>Rph7</i>	Bowmann <i>Rph15</i>	Scarlett <i>Rph3/Rph9/Rph12</i>	H.sp 680 <i>Rph16</i>	<i>Rph<sub>MBR1012</sub></i>	L 94 susc.
R 8-1	3-4	0 <sub>C</sub>	0	0	0 <sub>N</sub>	0	3-4
R 8-2	3-4	0 <sub>C</sub>	0	0	0 <sub>N</sub>	0	3-4
R 14-1	3-4	0 <sub>C</sub>	0	0	0 <sub>N</sub>	0	3-4
R14-2	3-4	0 <sub>C</sub>	0	0	0 <sub>N</sub>	0	3-4
R 16-1	3-4	0 <sub>C</sub>	0	0	0 <sub>N</sub>	0	3-4
R 34-3	3-4	0 <sub>C</sub>	0	0	0 <sub>N</sub>	0	3-4
R 54-3	3-4	0 <sub>C</sub>	0	0	0 <sub>N</sub>	0	3-4
I 80	3-4	0 <sub>C</sub>	0-2-	3	0 <sub>N</sub>	0-2-	3-4
30-1 *	3-4	0 <sub>C</sub>	0-2-	0	0 <sub>N</sub>	0, 0-1	3-4
30-1/2*	3-4	0 <sub>C</sub>	0	0, 0-2-	0 <sub>N</sub>	0, 0-2-	3-4
23- 3	3-4	0 <sub>C</sub>	0	0	0 <sub>N</sub>	0	3-4
23-1/2/3*	3-4	0 <sub>C</sub>	0	0	0 <sub>N</sub>	2-	3-4
23-1+3*	3-4	0 <sub>C</sub>	0	0	0 <sub>N</sub>	0, 0-2-	3-4

# Markergestützte Nutzbarmachung von Resistenzen: *P. hordei*



# **Markergestützte Nutzbarmachung von Resistenzen: BYDV**



## Identifikation von BYDV-Toleranz

*H. bulbosum* line 203S11/M2/M2 = *H. bulbosum* A17 x Emir

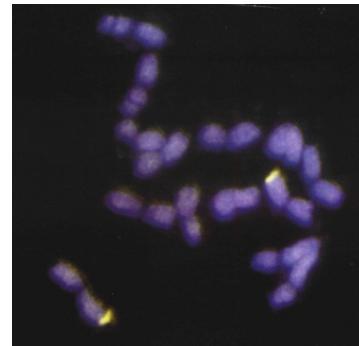
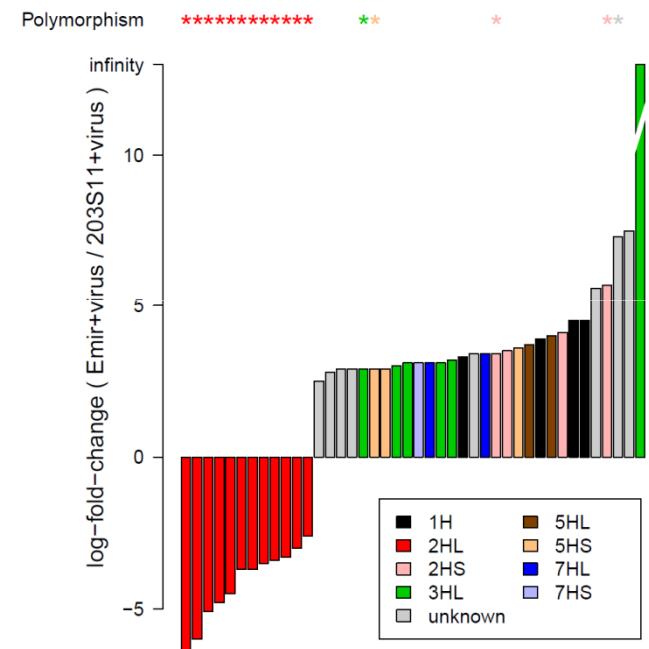


Photo Pickering  
FISH karyogram of *H. bulbosum*  
line 203S11/M2/M2

## Transkriptomanalyse: RNAseq



Institute for Resistance Research and Stress Tolerance

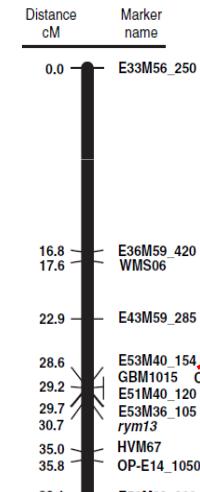
Perovic et al. unpublished

# Genisolation mittels kartengestützter Klonierung

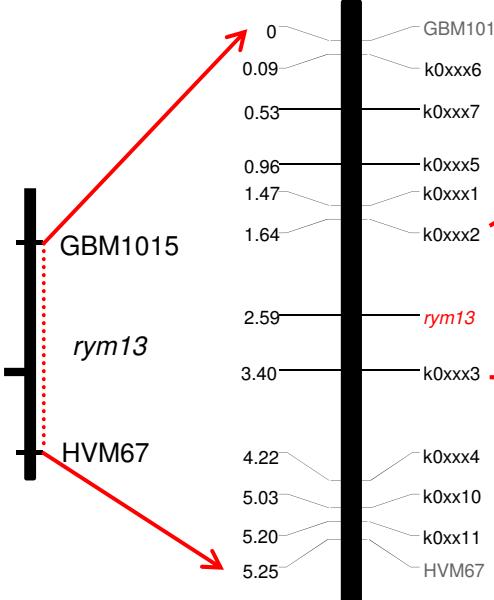


## Kartengestützte Klonierung

1. Mapping of the gene of interest on low to medium resolution



2. Construction of a high resolution mapping population

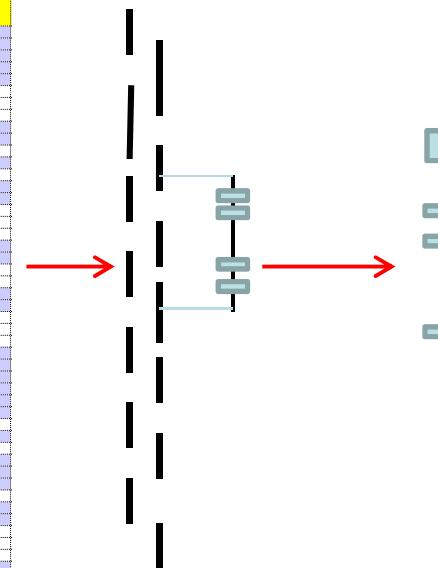


3. Phenotyping of segmental RILs ( $F_4$ ) and marker saturation using available high density maps

4. Further marker saturation by using sequence information from rice, sorghum brachypodium and NGS data from barley (GenomeZipper)

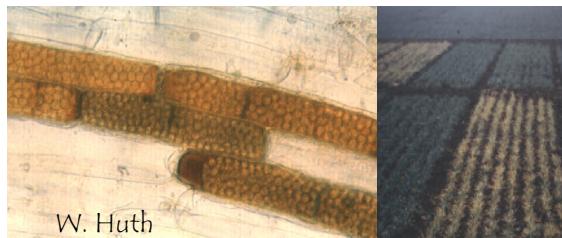
	brachypodium	rice	sorghum
k0xxx1	Fpcontig_xxx1	Ost03gen1 Ost03gen2 Ost03gen3 Ost03gen4 Ost03gen5 Ost03gen6	Sb01gen1 Sb01gen2 Sb01gen3 Sb01gen4 Sb01gen5 Sb01gen6
k0xxx2	Fpcontig_xxx2	Bradi0gen6 Bradi0gen7 Bradi0gen8 Bradi0gen9 Bradi0gen10 Bradi0gen11 Bradi0gen12 Bradi0gen13 Bradi0gen14 Bradi0gen15 Bradi0gen16 Bradi0gen17 Bradi0gen18 Bradi0gen19 Bradi0gen20 Bradi0gen21 Bradi0gen22 Bradi0gen23 Bradi0gen24 Bradi0gen25 Bradi0gen26 Bradi0gen27 Bradi0gen28 Bradi0gen29 Bradi0gen30 Bradi0gen31 Bradi0gen32 Bradi0gen33 Bradi0gen34 Bradi0gen35 Bradi0gen36 Bradi0gen37	Ost03gen7 Ost03gen8 Sb01gen7 Sb01gen8 Sb01gen9 Sb01gen10 Sb01gen11 Sb01gen12 Sb01gen13 Sb01gen14 Sb01gen15 Sb01gen16 Sb01gen17 Sb01gen18 Sb01gen19 Sb01gen20 Sb01gen21 Sb01gen22 Sb01gen23 Sb01gen24 Sb01gen25 Sb01gen26 Sb01gen27 Sb01gen28 Sb01gen29
k0xxx3	Fpcontig_xxx3	Bradi0gen3 Bradi0gen4 Bradi0gen5 Bradi0gen6 Bradi0gen7 Bradi0gen8 Bradi0gen9 Bradi0gen10 Bradi0gen11 Bradi0gen12 Bradi0gen13 Bradi0gen14 Bradi0gen15 Bradi0gen16 Bradi0gen17 Bradi0gen18 Bradi0gen19 Bradi0gen20 Bradi0gen21 Bradi0gen22 Bradi0gen23 Bradi0gen24 Bradi0gen25 Bradi0gen26 Bradi0gen27 Bradi0gen28 Bradi0gen29 Bradi0gen30 Bradi0gen31 Bradi0gen32 Bradi0gen33 Bradi0gen34 Bradi0gen35 Bradi0gen36 Bradi0gen37	Ost03gen17 Ost03gen18 Sb01gen15 Sb01gen16 Sb01gen17 Sb01gen18 Sb01gen19 Sb01gen20 Sb01gen21 Sb01gen22 Sb01gen23 Sb01gen24 Sb01gen25 Sb01gen26 Sb01gen27 Sb01gen28 Sb01gen29
k0xxx4	Fpcontig_xxx4	Bradi0gen2 Bradi0gen3 Bradi0gen4 Bradi0gen5 Bradi0gen6 Bradi0gen7 Bradi0gen8 Bradi0gen9 Bradi0gen10 Bradi0gen11 Bradi0gen12 Bradi0gen13 Bradi0gen14 Bradi0gen15 Bradi0gen16 Bradi0gen17 Bradi0gen18 Bradi0gen19 Bradi0gen20 Bradi0gen21 Bradi0gen22 Bradi0gen23 Bradi0gen24 Bradi0gen25 Bradi0gen26 Bradi0gen27 Bradi0gen28 Bradi0gen29 Bradi0gen30 Bradi0gen31 Bradi0gen32 Bradi0gen33 Bradi0gen34 Bradi0gen35 Bradi0gen36 Bradi0gen37	Ost03gen28 Ost03gen29 Sb01gen25 Sb01gen26 Sb01gen27 Sb01gen28 Sb01gen29

5. Identification of a BAC contig and candidate genes based on the physical map of barley or re-sequencing of the target interval



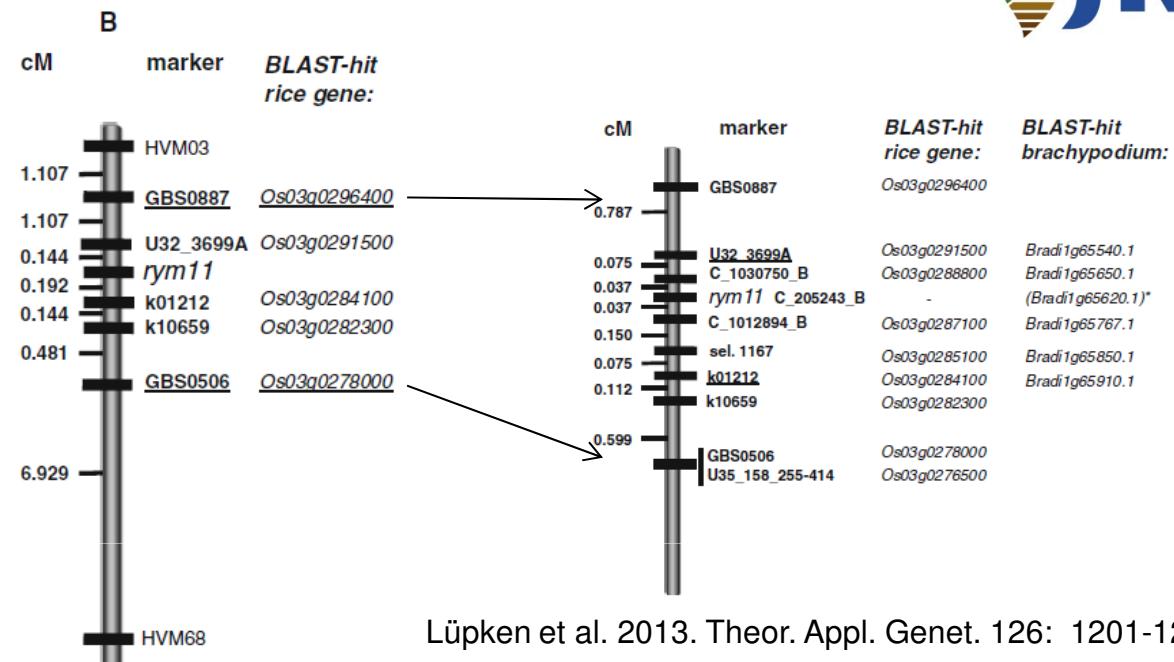
6. Identification of *rym13* by transformation, TILLING, RNAi

# Genisolation mittels kartengestützter Klonierung

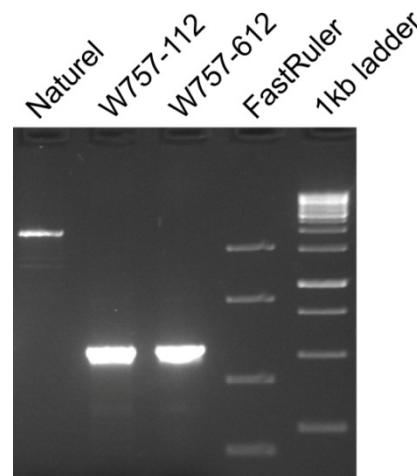
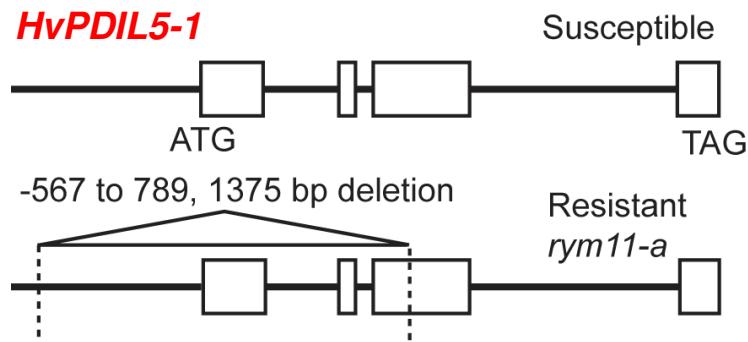


## BaMMV, BaYMV

### Ertragsverluste: 40-50%



Lüpken et al. 2013. Theor. Appl. Genet. 126: 1201-1212



Yang et al. 2014. www.pnas.org/cgi/doi/10.1073/pnas.1320362111

# Genisolation mittels kartengestützter Klonierung



## Komplementationsanalyse



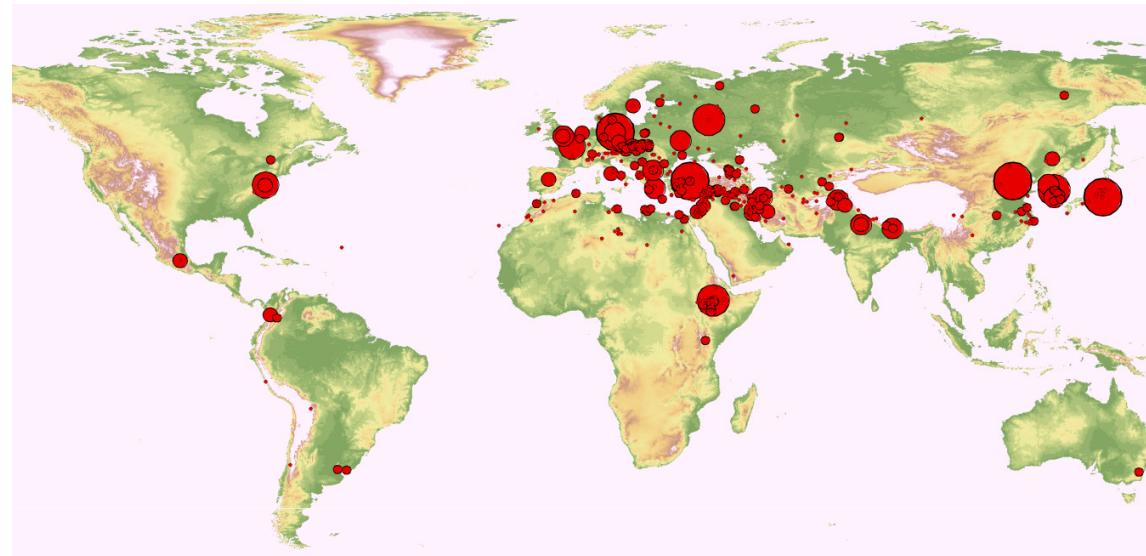
	T1 - E1 family		T1 - E2 family		Control		
	Transgene	<i>rym11</i>	Transgene	<i>rym11</i>	W757-612	Igri	Maris Otter
					(Res.)	(Sus.)	(Sus.)
Res.	19†	21	3†	10	19	4†	2†
Sus.	30	0	45	0	0	22	28

† escapes the artificial BaMMV-inoculation under greenhouse condition.

Yang et al. 2014. [www.pnas.org/cgi/doi/10.1073/pnas.1320362111](http://www.pnas.org/cgi/doi/10.1073/pnas.1320362111)

N. Stein

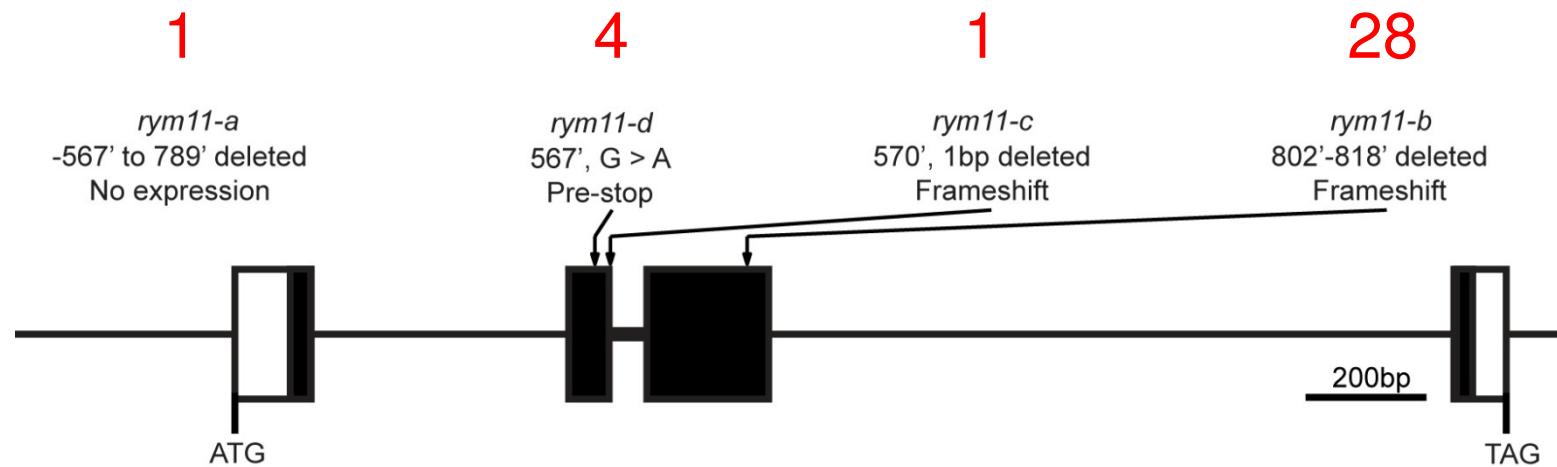
# Allele mining: *rym11*



365 Wildgersten (*H. spontaneum*)  
847 Landrassen (*H. vulgare*)  
559 Sorten (*H. vulgare*)  
5 *H. agriocrithon*

Gesamt = 1816 Akzessionen

## Anzahl Herkünfte mit verschiedenen resistenzbedingenden Allelen

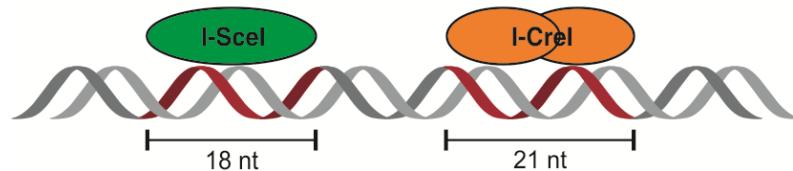


Yang et al. 2014. [www.pnas.org/cgi/doi/10.1073/pnas.1320362111](http://www.pnas.org/cgi/doi/10.1073/pnas.1320362111)

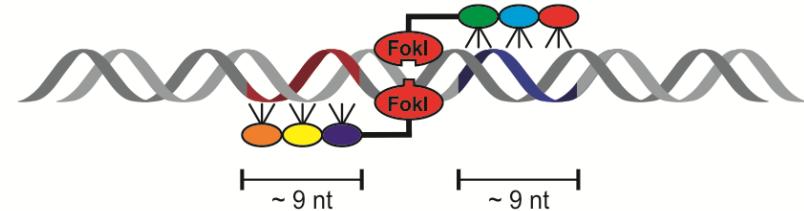
# Allele Editing: Gerichtete Mutagenese unter Verwendung von Endonukleasen



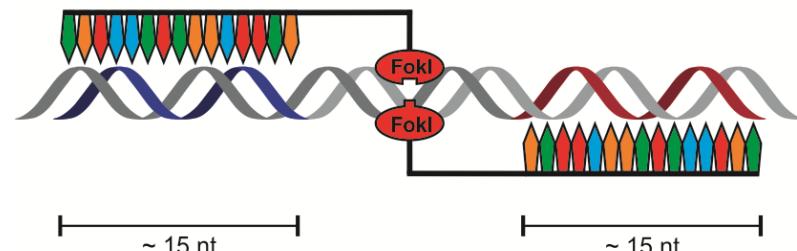
## Meganucleases



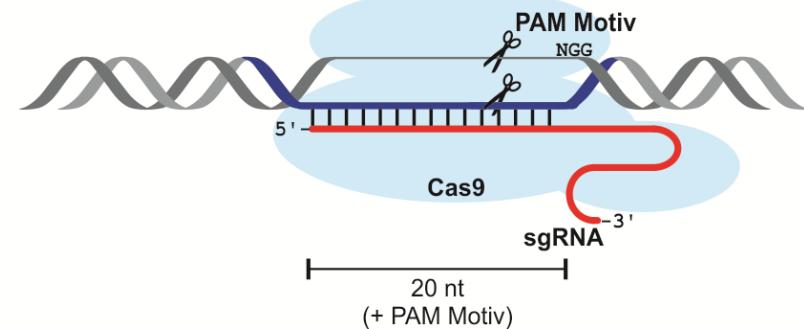
## ZFNs



## TALENs



## CRISPR/Cas System



ZFNs Zinc-Finger Nucleases

TALENs Transcription Activator-Like Effector Nucleases

CRISPR Clustered Regularly Interspaced Short Palindromic Repeats

Cas CRISPR-associated, RNA-guided endonuclease

Puchta and Fauser (2014) The Plant Journal

# Allele Editing: Gerichtete Mutagenese unter Verwendung von Endonukleasen

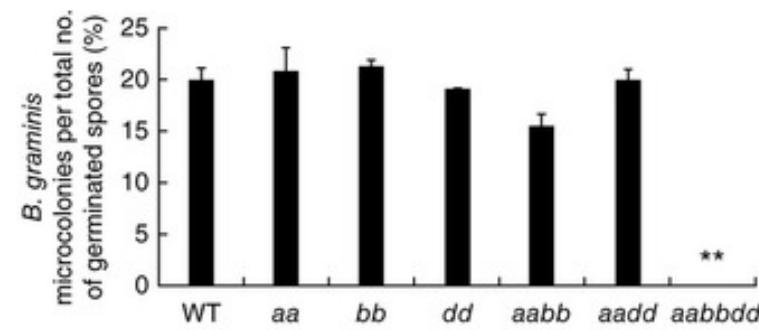
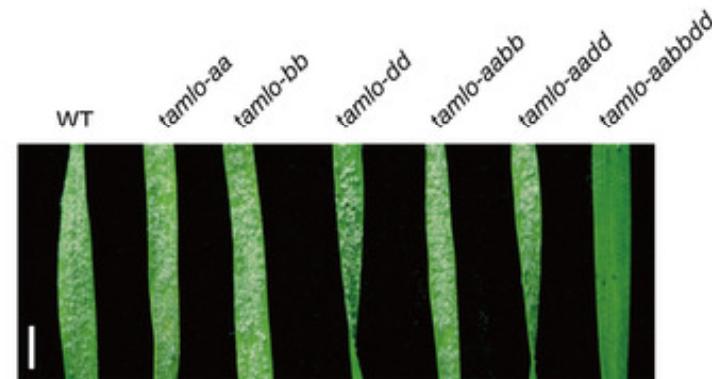
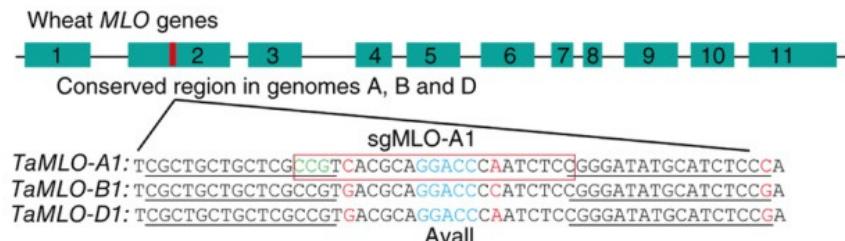


## Weizen - Mehltäuresistenz

Simultaneous editing of three homoeoalleles in hexaploid bread wheat confers heritable resistance to powdery mildew

Yanpeng Wang, Xi Cheng, Qiwei Shan, Yi Zhang, Jinxing Liu, Caixia

Nature Biotechnology 32, 947–951 (2014) | doi:10.1038/nbt.2969



# Kartierung: Genomweite Assoziationsstudien (GWAS)

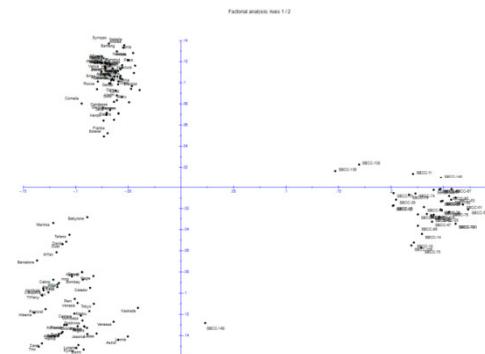


Phänotypisierung



Genotypisierung

7864 SNP Marker (9k iSelect chip)

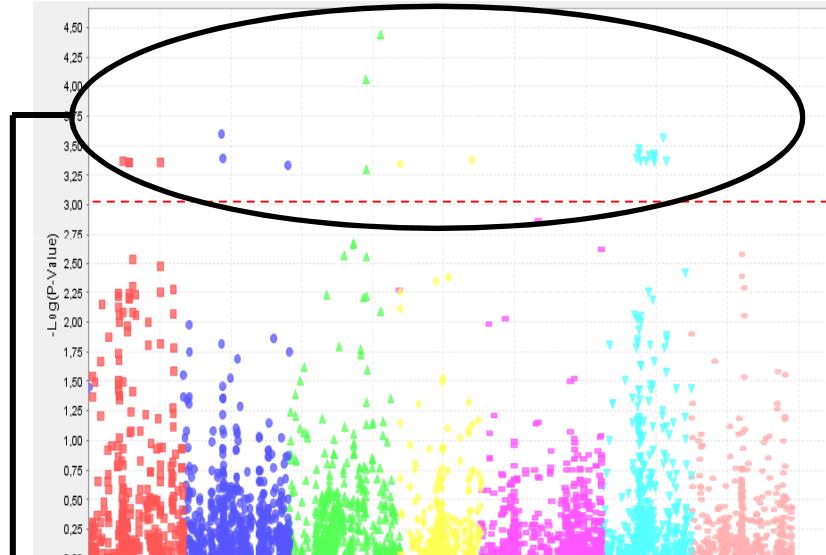


Assoziationskartierung

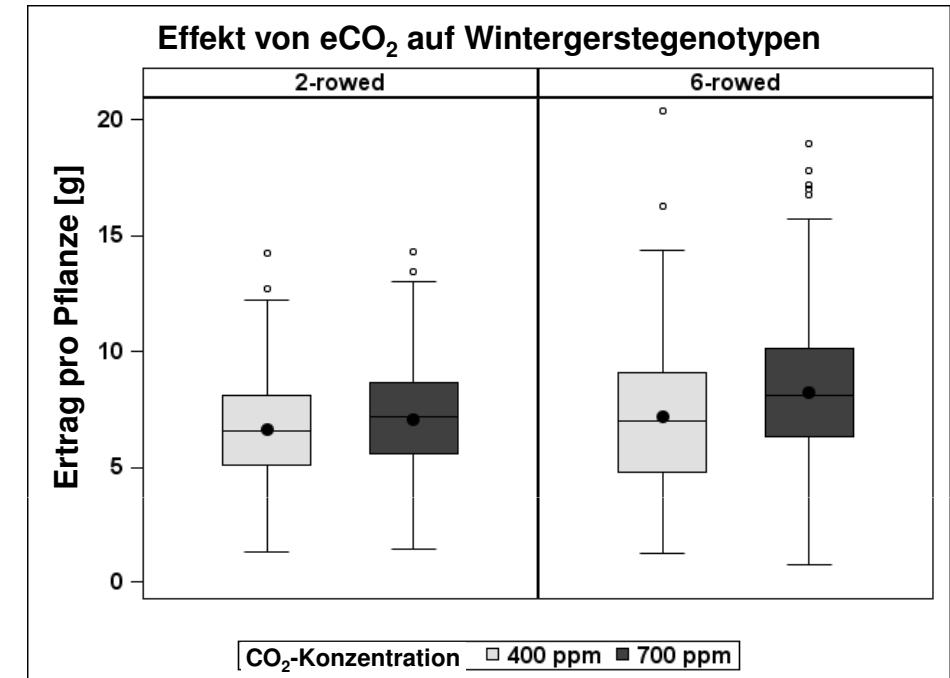


Identifikation von Genomregionen, welche  
an der Merkmalsausprägung beteiligt sind

# Neue Zuchziele: CO<sub>2</sub> Düngereffekt

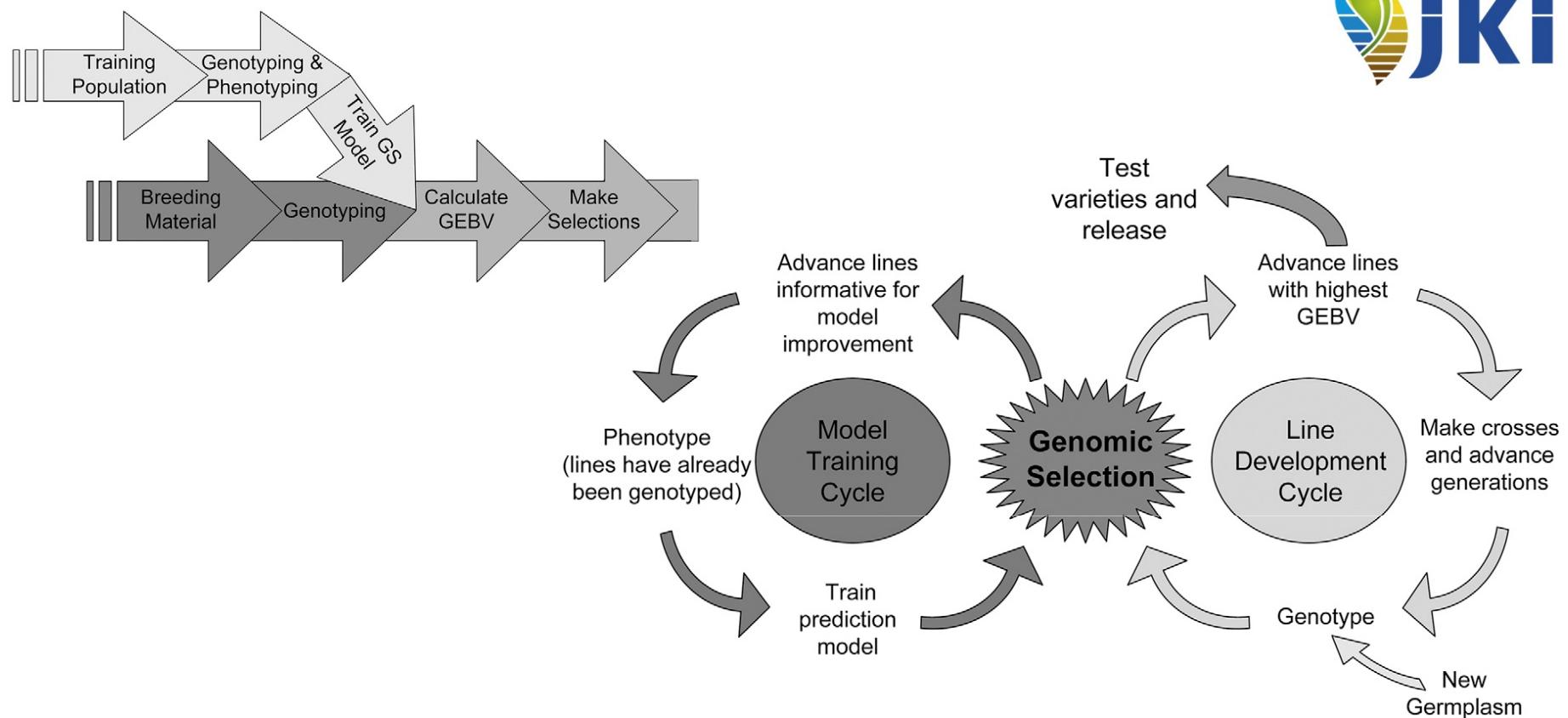


Relative Ertragsleistung

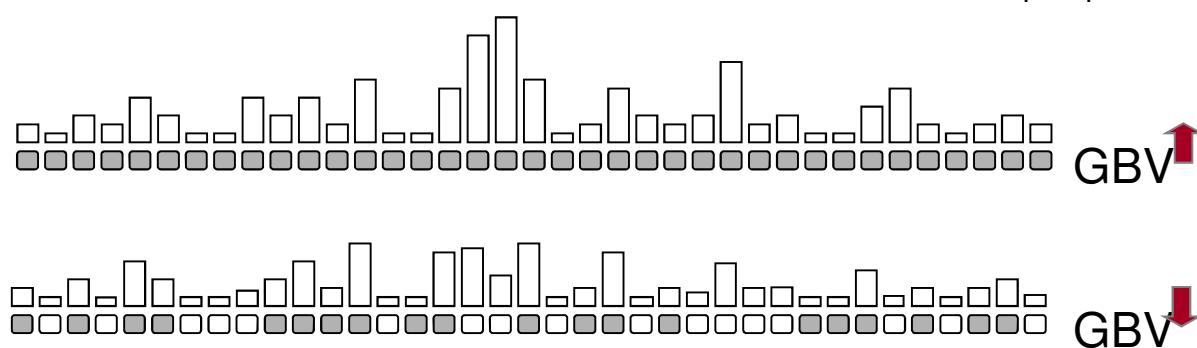


Glycolyse	Photosynthese	Polysaccharid synthese	C-Einbau	Blatt Entwicklung	Transporter	Hormonsynthese (ABA)
3	3	3	2	2	1	1

# Pflanzenzüchterisches Instrumentarium : Genomische Selektion



Heffner, E.L., M.E. Sorrells, J.L. Jannink, 2009: Genomic selection for Crop Improvement. Crop Science 49, 1-12.



$$GBV = \sum_{i=1}^{49990} X_i \hat{g}_i$$

## Genomic and metabolic prediction of complex heterotic traits in hybrid maize

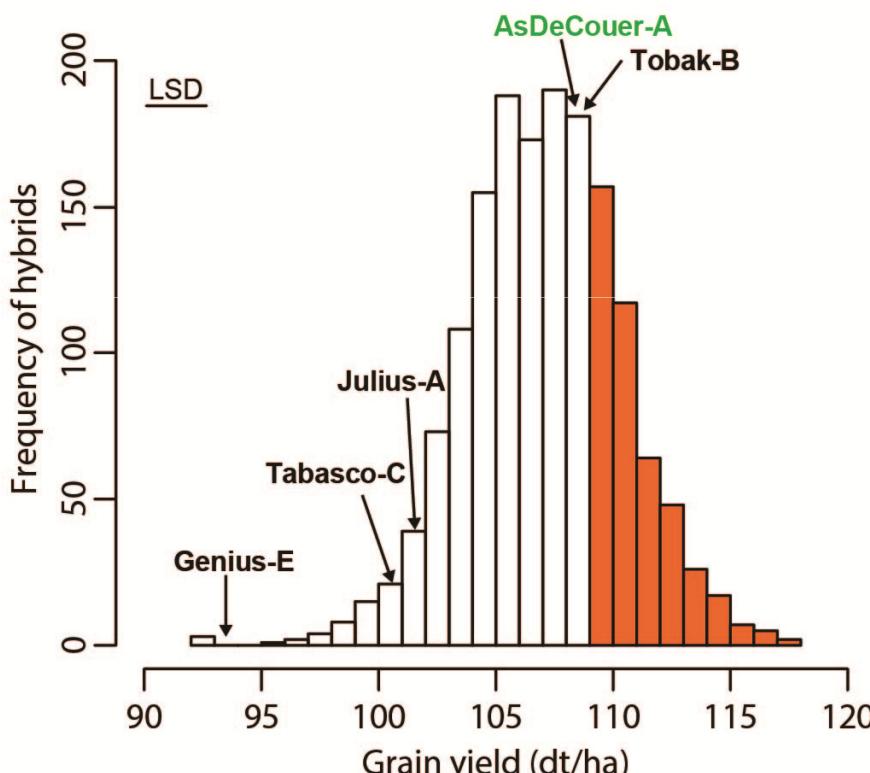
Christian Riedelsheimer<sup>1</sup>, Angelika Czedik-Eysenberg<sup>2</sup>, Christoph Grieder<sup>1</sup>, Jan Lisec<sup>2</sup>, Frank Techow<sup>1</sup>, Ronan Sulpice<sup>2</sup>, Thomas Altmann<sup>3</sup>, Mark Stitt<sup>2</sup>, Lothar Willmitzer<sup>2,4</sup> & Albrecht E Melchinger<sup>1</sup>

**Table 1 Summary of whole-genome and metabolic prediction**

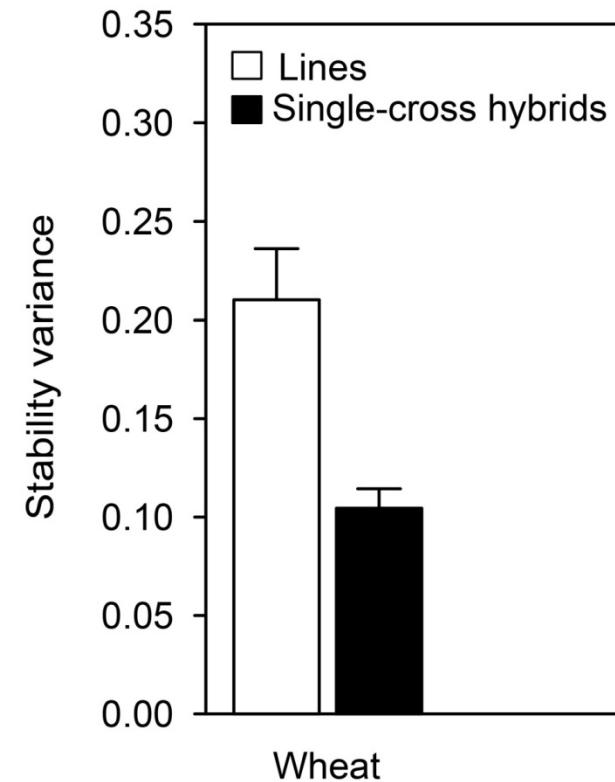
GCA	$h^2_{GCA}$	$w_M^2$	SNPs			Metabolites		
			$r_{g,y}$	$r_{g,g}$	s.d.	$r_{g,y}$	$r_{g,g}$	s.d.
Dry matter yield	0.89	0.73	0.74	0.78	0.07	0.48	0.60	0.11
Plant height	0.95	0.72	0.70	0.72	0.06	0.52	0.63	0.10
Dry matter concentration	0.96	0.72	0.78	0.80	0.07	0.66	0.79	0.06
Female flowering	0.98	0.71	0.80	0.81	0.06	0.67	0.80	0.07
Starch content	0.93	0.73	0.70	0.73	0.07	0.59	0.71	0.07
Sugar content	0.94	0.74	0.69	0.72	0.06	0.55	0.67	0.09
Lignin content	0.82	0.73	0.72	0.80	0.05	0.50	0.64	0.10

Predictive abilities  $r_{g,y}$  and prediction accuracies  $r_{g,g}$  averaged over all cross-validation runs and their s.d. are shown for models using either SNPs or metabolites. Heritabilities of the predicted traits ( $h^2_{GCA}$ ) are given as well as the repeatabilities of the used metabolic profile ( $w_M^2$ ) calculated as the weighted sum of the repeatabilities of the individual metabolites (see Online Methods).

# Heterosis in der Weizenzüchtung

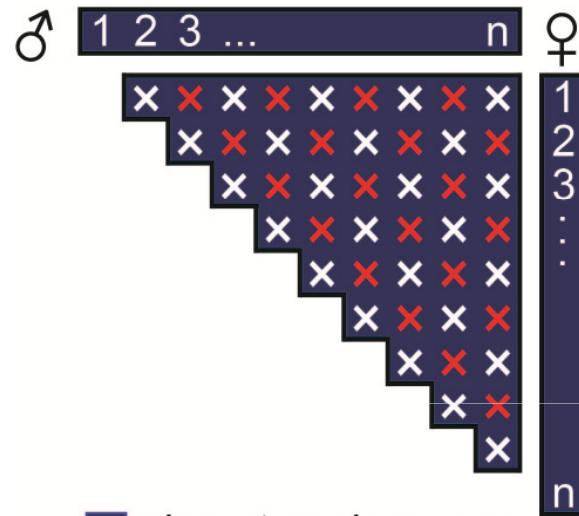


Longin et al. 2013

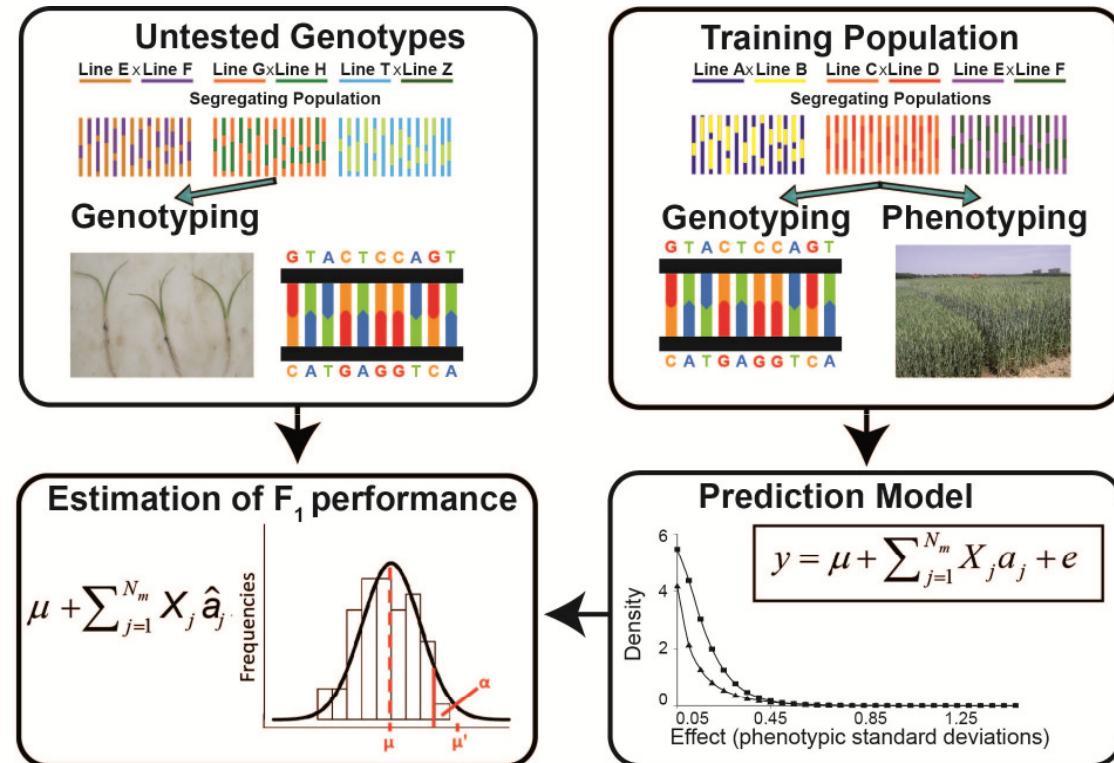


Mühleisen et al. 2013

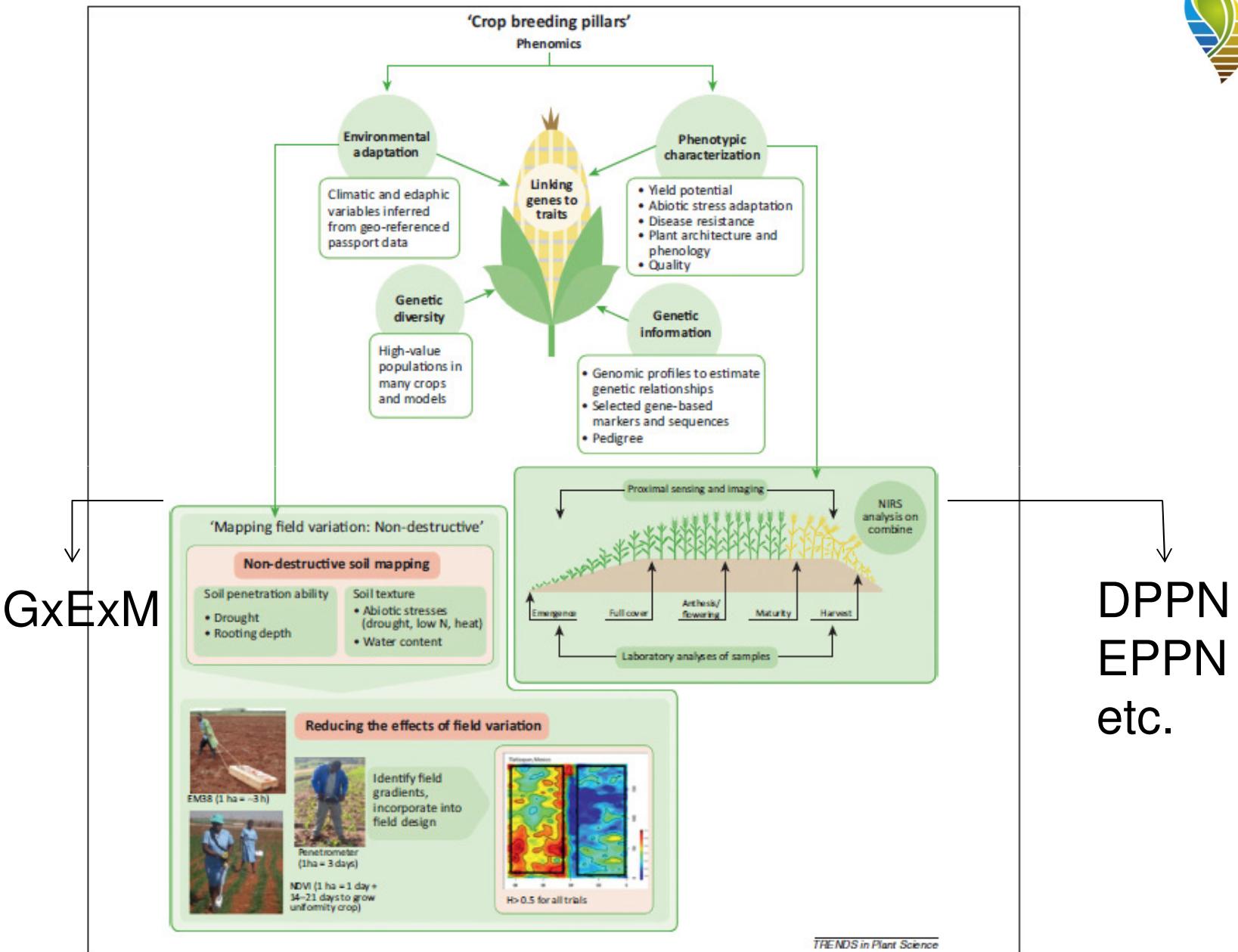
# Genomische Selektion



x phenotyped crosses  
x predicted crosses  
 $< \binom{n}{2}$  crosses



# Zusammenfassung und Ausblick



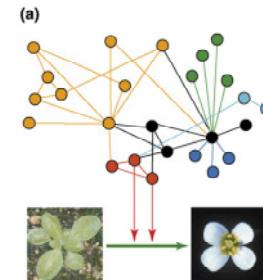
# Zusammenfassung und Ausblick



-Sequenzinformation  
-omics Technologien



Identifikation von Genen  
bzw. Netzwerken



G. Hammer et al. 2006: Trends in Plant Science 11, 587-593

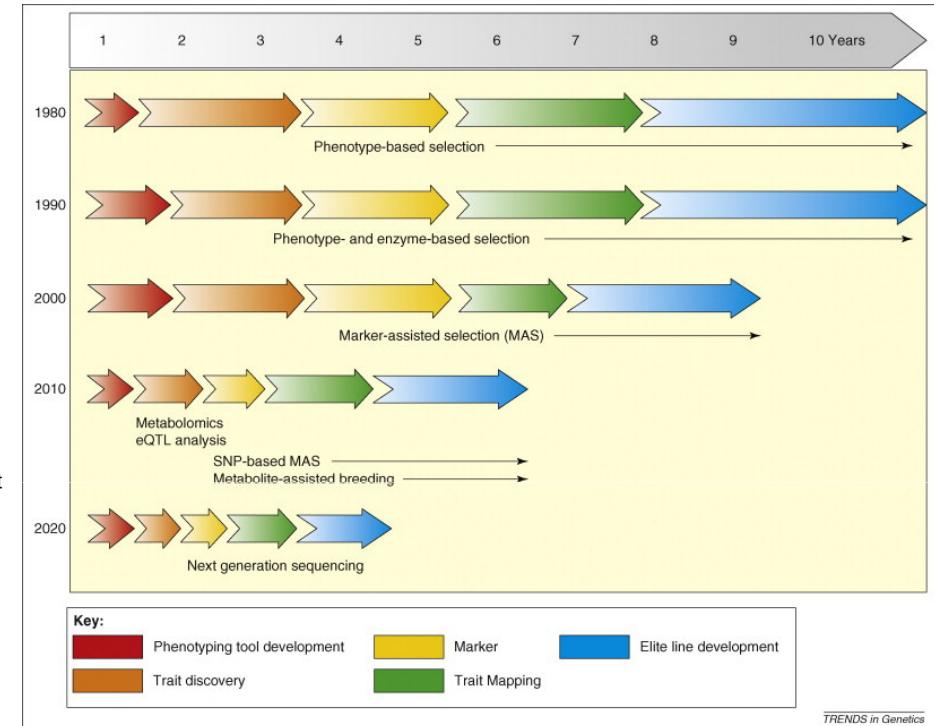


Erfassung der allelischen  
Diversität und Editierung



Nutzbarmachung durch geeignete  
Markertechnologien und (gentechnische) Verfahren

Moderne Pflanzenzüchtungsverfahren leisten einen entscheidenden Beitrag zur Bewältigung zukünftiger Herausforderungen, d.h. Anpassung unserer Kulturpflanzen an sich verändernde Produktionsbedingungen und damit zur Ernährungssicherung und zur Bioökonomie.



Fernie, A.R., N. Schauer, 2008: Trends in Genetics 25, 39-48

# Zusammenfassung und Ausblick

## Pflanzenzüchtungsforschung



Max-Planck-Institute (MPIZ)

Institute der Leibnizgemeinschaft (IPK)

Universitäre Lehrstühle für Pflanzenzüchtung, Phytopathologie

Lehrstühle an biologischen Fakultäten

Julius Kühn-Institut (JKI)

etc.

Förderung durch

BMBF (z.B. Innovationsprogramm, Bioenergie....)

BMBF (Plant 2030, KBBE, IPAS.....)

EU (verschiedene Programme)

DFG (Einzelanträge, Paketanträge, SPP...)

Private Unternehmen  
GFP