

Peter Wehling, Margret Scholz, Brigitte Ruge-Wehling, Bernd Hackauf, Lothar Frese

Anpassung landwirtschaftlicher Kulturarten an den Klimawandel – Optionen aus Sicht der Züchtungsforschung

Adapting our agricultural crops to climate change – what plant breeding research can contribute

Einleitung

Klimaangepasste Pflanzen müssen nicht nur Trockenperioden gut überstehen können, sondern unter wechselnden Wetterlagen ertragsfähig sein. Das züchterische Handlungsfeld zur Anpassung unserer landwirtschaftlichen Kulturpflanzen muss diesen Anforderungen gerecht werden. Dazu muss es mit seinen verschiedenen Ansatzpunkten der genetischen Komplexität von Prozessen der pflanzlichen Ertragsbildung und Qualitätsausprägung und deren vielfältigen physiologischen Interaktionen und Umweltabhängigkeiten Rechnung tragen. Zur Bewältigung der Aufgabe, unsere Kulturpflanzen nachhaltig an den Klimawandel anzupassen, wird es also erforderlich sein, die Physiologie der Ertragsbildung und -stabilität in ihrer gesamten Breite im Blick zu behalten. Lösungsansätze bietet die Erforschung von Genvarianten, die diese Prozesse im Sinne des Menschen günstig beeinflussen und für eine züchterische Anpassung genutzt werden können. Die Erforschung und züchterische Nutzung solcher wertvollen Genvarianten setzt allerdings voraus, dass auch in Zukunft genetisch reichhaltige Genpools für unsere Kulturpflanzen zur Verfügung stehen. Wir befassen uns daher sowohl mit der Evaluierung und züchterischen Inwertsetzung von pflanzengenetischen Ressourcen als auch mit Fragen zu ihrem nachhaltigen Management. Beispiele für diese Arbeiten werden im Folgenden vorgestellt.

Züchterische Anpassung an den Klimawandel – ein Multitasking

Neben der naheliegenden Option, die Toleranz unserer Kulturpflanzen gegenüber Trockenstress und anderen abiotischen Stressfaktoren zu verbessern, müssen weitere Ansatzpunkte genutzt werden (Abb. 1). Einer davon ist die Resistenzzüchtung gegen Schaderreger, die vom Klimawandel profitieren werden. Eine weitere Möglichkeit bietet die Züchtung von früher blühenden Sorten bzw. von frosttoleranten Winterformen, die der Vorsommertrockenheit entkommen (engl. *escape*) können, indem sie trockenheitsempfindliche Entwicklungsphasen bereits zuvor, unter Ausnutzung der im Frühjahr noch vorhandenen Bodenfeuchte, absolvieren. Die Anpassung etablierter Kulturarten an neue Nutzungsarten und Anbausysteme, etwa an einen Gemenge- oder einen Zweitkulturanbau, kann ebenfalls eine züchterische Anpassungsstrategie sein. Eine weitere Option stellt die ertragliche Weiterentwicklung von Kulturarten wie z.B. Roggen oder Lupinen dar, die bereits über eine gute Anbaueignung für trockenstressgefährdete Standorte verfügen und diese künftig – z.T. auch ohne auf Stresstoleranz fokussierte Zuchtaktivitäten (HÜBNER et al., 2013) – besser als bislang ausspielen könnten. Allgemein stellt die stetige Verbesserung des genetischen Ertragspotenzials unserer landwirtschaftlichen Kulturarten eine wichtige Option für die Anpassung an den Klimawandel dar; denn die

Institut

Julius Kühn-Institut – Bundesforschungsinstitut für Kulturpflanzen, Institut für Züchtungsforschung an landwirtschaftlichen Kulturen

Kontaktanschrift

Dr. Peter Wehling, Julius Kühn-Institut, Bundesforschungsinstitut für Kulturpflanzen, Institut für Züchtungsforschung an landwirtschaftlichen Kulturen, Rudolf-Schick-Platz 3 a, 18190 Sanitz/OT Groß Lüsewitz, E-Mail: zl@julius-kuehn.de

Zur Veröffentlichung angenommen

21. Dezember 2016

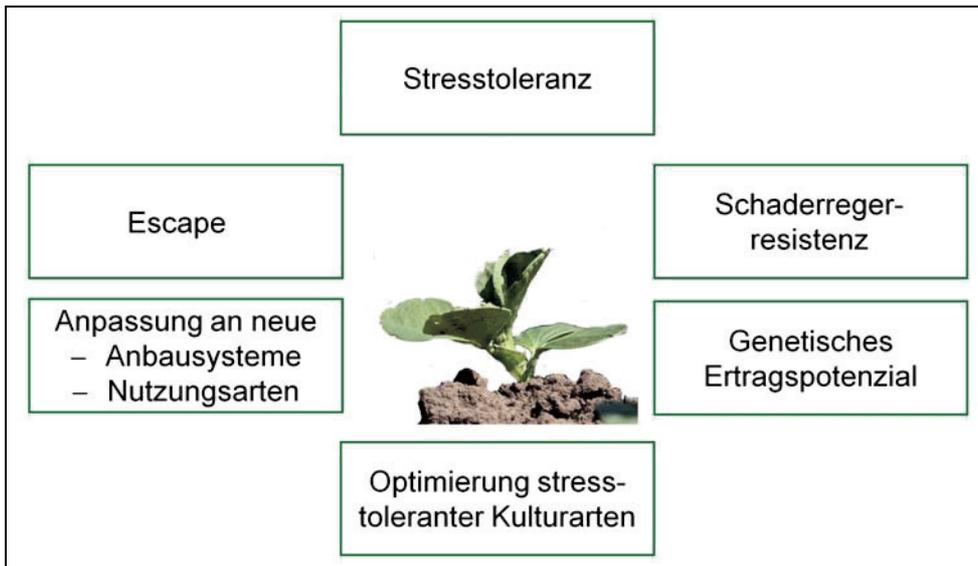


Abb. 1. Anpassung an den Klimawandel – pflanzenzüchterische Ansätze.

Höhe des Ertragspotenzials definiert die obere Grenze jenes Spielraums, in welchem der Landwirt unter mehr oder weniger günstigen Wetter-, Standort- und Praxisbedingungen Erträge realisieren kann. Untersuchungen zum Weizen zeigen, dass jüngere Sorten zwar eine verminderte Ertragsstabilität zeigen, dennoch mit ihrem höheren Ertragspotenzial zumeist höhere Erträge als alte Sorten auch unter weniger günstigen Umweltbedingungen ermöglichen (CALDERINI und SLAFER, 1999).

Der sekundäre Genpool der Gerste als Genreservoir für klimaangepasste Gerste

Bei der Wintergerste und anderen Wintergetreide- und Gräserarten führen zunehmend milde Winter zu anhaltender Aktivität von Blattläusen, die Gelbverzwergungsviren übertragen. In klimatisch ungünstigen Jahren kann der Befall mit Gerstengelverzwergungsvirus (BYDV) massiv sein und zu empfindlichen Ertragsausfällen führen. Die bislang in der Gerste züchterisch genutzten BYDV-Toleranzgene stammen aus dem primären Genpool, werden rezessiv ausgeprägt und bedingen lediglich eine Symptomtoleranz, während der Virustiter der befallenen Pflanzen hoch bleibt und solche Pflanzen somit den Blattlausvektoren als Virusreservoir zur Verbreitung der Krankheit im Pflanzenbestand dienen können. Wir haben uns daher dem sekundären Genpool der Gerste zugewandt. Dieser Genpool wird durch eine einzige Wildart, *Hordeum bulbosum*, repräsentiert. Durch interspezifische Kreuzung lassen sich Introgressionen von Chromosomensegmenten aus *H. bulbosum* in die Kulturgerste übertragen. Es zeigte sich, dass eine dieser Introgressionen, die das Gerstechromosom 3H betrifft, ein Resistenzgen gegen BYDV trägt, welches dominant vererbt wird und eine vollständige Befalls- und Virusfreiheit der Trägerpflanzen bedingt (SCHOLZ et al., 2009). Für

dieses Gen, dem wir die Bezeichnung *Ryd4^{Hb}* gaben, konnten wir molekulare Marker entwickeln, die den Nachweis von *Ryd4^{Hb}* in Kreuzungsnachkommen ohne Durchführung aufwändiger Resistenztests erlauben und somit die Züchtung resistenter Zuchtlinien wesentlich erleichtern. Bei der Erzeugung *Ryd4^{Hb}*-homozygoter Nachkommen, welche die Introgression auf beiden 3H-Chromosomen trugen, zeigte sich jedoch, dass mit der Introgression weiteres genetisches Material aus der Wildart übertragen worden war, welches im homozygoten Zustand zu schwerer Wachstumsdepression der betreffenden Gerstepflanzen führte (Abb. 2). Diese enge genetische Kopplung des Zielgens mit ungünstig wirkenden Genen (engl. *linkage drag*) vereitelte zunächst die züchterische Nutzung von *Ryd4^{Hb}*. Es erforderte die Erzeugung von ca. 20 000 Kreuzungsnachkommen und ihre Untersuchung mittels molekularen Markern und Resistenztests, um den Wachstumsdepressionsfaktor rekombinativ von *Ryd4^{Hb}* zu trennen. Erst durch diese Prebreeding-Aktivitäten konnte das wertvolle Resistenzgen züchterisch nutzbar gemacht werden. Weitere Arbeiten zeigten, dass der sekundäre Genpool der Gerste wirksame Resistenzgene gegen eine Reihe weiterer viraler bzw. pilzlicher Pathogene – darunter bodenbürtige Viren, Zwergrost und *Rhynchosporium* – trägt (SCHOLZ et al., 2008), die zum Teil ebenfalls Eingang in Zuchtprogramme gefunden haben. Der sekundäre Genpool bietet somit eine reichhaltige genetische Ressource für die künftige züchterische Anpassung der Kulturart Gerste.

Mit Halbzweigen zu noch höherer Stresstoleranz bei Roggen

Roggen ist eine vergleichsweise stresstolerante Getreideart, deren Anbau sich auf die leichten Standorte nördlich der Mittelgebirge konzentriert. Diese zum Teil grund-



Abb. 2. Wachstumsdepression infolge von linkage drag bei zwei Gerstepflanzen (rechts) mit originaler *Ryd4^{Hb}*-Introgression im homozygoten Zustand; zum Vergleich zwei gleichaltrige normalwüchsige Pflanzen (links) mit Introgression auf nur einem 3H-Chromosom.

wasserfernen Standorte sind durch den Klimawandel besonders verwundbar. Bereits heute führt Vorsommertrockenheit hier zu häufig auftretendem Trockenstress. Zusätzlich haben Starkniederschlags- und Starkwinder Ereignisse bei dem auf langem Halm stehenden Roggen Lager zur Folge. Von anderen Kulturarten (Reis, Weizen) ist bekannt, dass Genvarianten („Kurzstrohgene“), die eine Reduktion der Halmlänge bedingen, nicht nur die Standfestigkeit, sondern auch die Ausnutzung von Wasser und Nährstoffen verbessern und so zu einer Steigerung des Ertrags führen können. Gegenwärtig wird beim Roggen eine Verkürzung der Halmlänge und damit verbunden eine verbesserte Standfestigkeit durch Spritzung mit Mitteln erreicht, welche die Biosynthese des Pflanzenhormons Gibberellin hemmen. Als eine Alternative zur chemischen Behandlung erforschen wir die Wirkung einer im Roggen natürlicherweise vorkommenden Genvariante, *Ddw1*, welche die Halmlänge moderat verkürzt und erstmalig in russischem Populationsroggen beschrieben wurde (Kobyliansky, 1972). Diese Genvariante unterbindet im Roggen die Biosynthese von Gibberellinen (Börner und Melz, 1988). In Kooperation mit Roggenzüchtungsunternehmen wurden nahezu-isogene Linien (NIL) mit bzw. ohne *Ddw1* entwickelt und diese auf vier genetisch divergente, männlich-sterile CMS-Testlinien ausgekreuzt. Die daraus entstandenen Experimentalhybriden sind durchschnittlich um 36 cm kürzer als bis-

lang gezüchteter Roggen (Abb. 3) und wurden in einem zweijährigen Versuch auf 9 Versuchsstandorten in ihren Erträgen mit normalstrohigen Hybriden verglichen. Die beiden Versuchsjahre 2015 und 2016 waren durch eine ausgeprägt negative klimatische Wasserbilanz in den Hauptanbaugebieten des Roggens gekennzeichnet; in 16 der 18 Prüfumwelten herrschte ausgeprägter Trockenstress. In dieser Prüfung war in fast allen Prüfumwelten ein deutlicher Ertragsvorteil der *Ddw1*-Testhybriden gegenüber den normalstrohigen Hybriden zu beobachten, der bis zu 16% betrug. Es bestehen somit Aussichten, im Rahmen der Hybridzüchtung durch die Nutzung der Genvariante *Ddw1* so genannte Halbzwerg zu züchten, die über eine moderat reduzierte Halmlänge eine verbesserte Standfestigkeit mit höherer Ertragsfähigkeit selbst in ausgeprägten Trockenstress-Umwelten kombinieren.

Bedeutung pflanzengenetischer Ressourcen im Zeichen des Klimawandels

Die vorangestellten Beispiele illustrieren, wie wichtig die Verfügbarkeit genetischer Diversität von Kultur- und Wildarten für die züchterische Anpassung unserer Kulturpflanzen an den Klimawandel ist. Wildarten sind auch in ökonomischer Hinsicht eine bedeutende genetische Ressource für die Züchtung. Der jährliche Beitrag von Wildarten zum Bruttoproduktionswert von 29 Hauptfruchtarten betrug nach einer Studie von PricewaterhouseCoopers im Untersuchungszeitraum 42 Mrd. US\$ und könnte bis zum Jahr 2021 auf 120 Mrd. US\$ ansteigen (PWC, 2013).

Der Klimawandel gefährdet indes den Fortbestand von Wildarten des primären, sekundären und tertiären Genpools unserer Kulturarten. Der globale Verlust an biologischer Vielfalt hat längst kritische Grenzwerte überschritten (Rockström et al., 2009) und betrifft zunehmend auch landwirtschaftlich bedeutende Gattungen (Bilz et al., 2011). Jarvis et al. (2008) schätzten auf der Grundlage des CCM3-Klimamodells den durch den Klima-



Abb. 3. Hybridroggen mit dem Kurzstrohgen *Ddw1* (links) im Vergleich zu normalstrohigem Roggen (rechts); Bildmitte: Triticalesorte 'Tulus'.

wandel verursachten Verlust von Wildkartoffelarten. Danach sterben bis zum Jahr 2055 dreizehn von 108 Arten aus. Der Verlust einer Art ist nur der Endpunkt eines Prozesses, der als genetische Erosion bezeichnet wird und unter anderem durch die Reduktion der Verbreitungsareale im Zuge des Klimawandels verursacht wird. Bei Wildkartoffelarten verkleinern sich die Areale um bis zu 69% und in der Folge schwindet das für die Kartoffelzüchtung verfügbare genetische Potenzial. Der Klimawandel wird auch die Zusammensetzung der Flora Deutschlands verändern und heimische Wildpflanzenarten beeinträchtigen (POMPE et al., 2011).

CASTANEDA-ALVAREZ et al. (2016) untersuchten den Ex-situ-Erhaltungstatus von Wildarten, die mit den 81 weltweit wichtigsten Kulturarten verwandt sind. Von 313 bzw. 257 der 1076 Arten existierten keine Muster bzw. weniger als 10 Muster in Genbanken. In geografischer Hinsicht waren 95% aller Arten in Genbanken unzureichend repräsentiert. Der europäische Genbankbestand besteht nur zu 9% aus WVK (DIAS et al., 2012). Die In-situ-Erhaltung ist daher unverzichtbar für den Schutz der Ausgangsressourcen für die Pflanzenzüchtung. Diese umfassen alle für die Erweiterung der genetischen Variabilität einer Kulturart geeigneten Kulturformen und Wildarten. Gemeinsam mit Partnern im In- und Ausland entwickeln wir im Rahmen des Europäischen Kooperationsprogrammes für pflanzengenetische Ressourcen (ECPGR) deshalb Strategien zum Management sowohl von Wildarten in ihren natürlichen Lebensräumen („in situ“) als auch von Kulturarten im Rahmen landwirtschaftlicher Produktionssysteme („on farm“). Die Zielsetzungen und Ergebnisse dieser Aktivitäten sind auf der Internet-Plattform AEGRO (<http://aegro.julius-kuehn.de/aegro/>) und GE-Sell (netzwerk-wildsellerie.julius-kuehn.de) veröffentlicht. Mit diesen strategischen Ansätzen nehmen wir uns der Schutzwürdigkeit und -bedürftigkeit pflanzengenetischer Vielfalt an und stellen das entwicklungsorientierte In-situ-Management pflanzengenetischer Ressourcen als essenzielle und gleichwertige Säule der Konservierung genetischer Vielfalt in Genbanken („ex situ“) zur Seite.

Fazit

Für die Anpassung der Landwirtschaft an den Klimawandel ist Pflanzenzüchtung eine Schlüsseltechnologie. Die

züchterischen Ansatzpunkte sind vielfältig, das Aufgabenfeld der Züchtungsforschung ist entsprechend komplex. Voraussetzung dafür ist das nachhaltige Management unserer pflanzengenetischen Ressourcen.

Literatur

- BILZ, M., S. KELL, N. MAXTED, R.V. LANSDOWN, 2011: European Red List of Vascular Plants. Publications Office of the European Union, Luxembourg. 130 S.
- BÖRNER, A., G. MELZ, 1988: Response of rye genotypes differing in plant height to exogenous gibberellic acid application. *Archiv für Züchtungsforschung* **18**, 71-74.
- CALDERINI, D.F., G.A. SLAFER, 1999: Has yield stability changed with genetic improvement of wheat yield? *Euphytica* **107**, 51-59.
- CASTANEDA-ALVAREZ, N.P., C.K. KHOURY, H.A. ACHICANOY, V. BERNAU, H. DEMPEWOLF, R.J. EASTWOOD, L. GUARINO, R.H. HARKER, A. JARVIS, N. MAXTED, J.V. MÜLLER, J. RAMIREZ-VILLEGAS, C.C. SOSA, P.C. STRUIK, H. VINCENT, J. TOLL, 2016: Global conservation priorities for crop wild relatives. *Nature Plants* **2** (4), Article number, 16022, DOI:10.1038/nplants.2016.22.
- DIAS, S., M.E. DULLOO, E. ARNAUD, 2012: The role of EURISCO in promoting use of agricultural biodiversity. In: MAXTED, N., M.E. DULLOO, B. V. FORD-LLOYD, L. FRESE, J.M. IRIONDO, M.Á.A. PINHEIRO DE CARVALHO (Eds.): *Agrobiodiversity Conservation: Securing the Diversity of Crop Wild Relatives and Landraces*. Wallingford, CAB International, 270-277.
- HÜBNER, M., P. WILDE, B. SCHMIEDCHEN, P. DOPIERALA, M. GOWDA, J.C. REIF, T. MIEDANER, 2013: Hybrid rye performance under natural drought stress in Europe. *Theoretical and Applied Genetics* **126**, 475-482.
- JARVIS, A., A. LANE, R.J. HJLMANS, 2008: The effect of climate change on crop wild relatives. *Agriculture Ecosystems and Environment* **126**, 13-23.
- KOBYLIANSKY, V.D., 1972: On the genetics of the dominant factor of shortstrawed rye. *Genetika* **8**, 12-17.
- POMPE, S., S. BERGER, J. BERGMANN, F. BADECK, J. LÜBBERT, S. KLOTZ, A.-K. REHSE, G. SÖHLKE, S. SÄTTLER, G.-R. WALTHER, I. KÜHN, 2011: Modellierung der Auswirkungen des Klimawandels auf die Flora und Vegetation in Deutschland. *BfN-Skripten* 304.
- PWC (=PricewaterhouseCoopers), 2013: Crop wild relatives. A valuable resource for crop development. – PWC valuations, 1-6.
- ROCKSTRÖM, J., W. STEFFEN, K. NOONE, Å. PERSSON, F.S. CHAPIN, E.F. LAMBIN, T.M. LENTON, M. SCHEFFER, C. FOLKE, H.J. SCHELLHUBER, B. NYKVIST, C.A. DE WIT, T. HUGHES, S. VAN DER LEEUW, H. RODHE, S. SÖRLIN, P.K. SNYDER, R. COSTANZA, U. SVEDIN, M. FALKENMARK, L. KARLBERG, R.W. CORELL, V.J. FABRY, J. HANSEN, B. WALKER, D. LIVERMAN, K. RICHARDSON, P. CRUTZEN, J.A. FOLEY, 2009: A safe operating space for humanity. *Nature* **461**, 472-475.
- SCHOLZ, M., B. RUGE-WEHLING, A. HABEKUSS, G. PENDINEN, O. SCHRADER, K. FLATH, E. GROSSE, P. WEHLING, 2008: The secondary gene pool of barley as gene donor for crop improvement. In: MAXTED, N.; B.V. FORD-LLOYD, S.P. KELL, S.P., J. IRIONDO, E. DULLOO, J. TUROK (Eds.): *Crop Wild Relative Conservation and Use*. Wallingford, CABI Publishing, 2008, 549-555.
- SCHOLZ, M., B. RUGE-WEHLING, A. HABEKUSS, O. SCHRADER, G. PENDINEN, K. FISCHER, P. WEHLING, 2009: *Ryd4^{Hb}*: a novel resistance gene introgressed from *Hordeum bulbosum* into barley and conferring complete and dominant resistance to the barley yellow dwarf virus. *Theoretical and Applied Genetics* **119** (5), 837-849.