

26/2019

Pressemitteilung

#### **Zusammenfassung:**

- Raps ist die zweitwichtigste Ölsaart der Welt. Er wird als Lebensmittel, Viehfutter und Biokraftstoff verwendet.
- Forscher vom IPK in Gatersleben haben in Zusammenarbeit mit der Justus-Liebig-Universität Gießen und den Pflanzenzuchtunternehmen NPZ und DSV die Beziehungen zwischen Erbmaterial und Merkmalsausprägung in Raps mit hoher zeitlicher Auflösung untersucht. Dafür verwendeten sie die Hoch-Durchsatz-Phänotypisierung von 477 Rapslinien in Kombination mit Kenntnissen zur Variation ihrer Erbanlagen.
- Die Forscher zeigten, dass das frühe Pflanzenwachstum von mehreren Gen-Loci gesteuert wird, welche jeweils in verschiedenen kurzen Phasen aktiv sind.
- Es wurden neue Wachstums-beeinflussende Kandidatengene identifiziert, die nun in zukünftigen Rapszuchtbemühungen Anwendung finden können.
- Die Ergebnisse wurden von Dominic Knoch und seinen Kollegen im [Plant Biotechnology Journal](#) veröffentlicht.

## Studien der frühen Wachstumsphase von Raps in hoher zeitlicher Auflösung enthüllen neue Kandidatengene für die Pflanzenzucht.

Gatersleben, 17.10.2019 **Weltweit werden jedes Jahr 74,7 Millionen Tonnen Raps geerntet und 28 Millionen Tonnen Rapsöl hergestellt. Raps ist die zweitwichtigste Ölsaart der Welt – lediglich Soja wird in noch größeren Mengen angebaut. Aufgrund seines vielseitigen Einsatzes – als Futtermittel, Biotreibstoff und in unserem Alltag als Nahrungsmittel – würde der Anbau von ertragsreicheren Rapspflanzen einer Vielzahl von Anwendungsgebieten zu Gute kommen. Eine Gruppe Wissenschaftler hat nun dank jüngster technologischer Fortschritte die Rätsel der Gene, welche das Raps-Wachstum bestimmen, aufgedeckt. Sie zeigten, dass durch die Einbindung des Faktors „Zeit“ beim Verknüpfen und Auswerten phänotypischer und genotypischer Daten neue Informationen zu komplexen Eigenschaften wie Pflanzenhöhe und Biomasse aufgedeckt und für gezielte Züchtung verwendet werden können.**

Raps spielt eine wichtige Rolle in unserem alltäglichen Leben. Rapsöl ist reich an ungesättigten Fettsäuren sowie den Vitaminen A, E und K und wird daher als gesunde Zutat in einer Vielzahl an Nahrungsmitteln verwendet. Zudem wird Raps als nachhaltige Energiequelle genutzt und ist ein vielseitig genutztes industrielles Rohmaterial. Heutzutage dominieren Hybridrapssorten den Saatgutmarkt, aufgrund ihres höheren Ertragspotenzials und ihrer besseren Ertragsstabilität. Es gibt fortlaufende Bemühungen, die Produktivität moderner Rapspflanzen zu erhöhen und neue, verbesserte Sorten zu entwickeln. Eine der Hauptherausforderungen dabei ist es, die genetische Basis der komplexen Pflanzeigenschaften, welche die Vitalität in Form von Größe, Blattfläche und Biomasse, mitbestimmt, zu verstehen. Mit dem Bestreben Licht in dieses Dunkel zu bringen, hat eine Gruppe Forscher des Leibniz-Instituts für Pflanzengenetik und Kulturpflanzenforschung (IPK) in Gatersleben in Zusammenarbeit mit der Justus-Liebig Universität Gießen und den Pflanzenzuchtunternehmen NPZ und DSV genomweite Assoziationsstudien (GWAS) verwendet, um „Quantitative Trait Loci“ (QTL) zu identifizieren.

GWAS ist eine statistische Methode, mit der die Merkmalsausprägung (zum Beispiel Messungen der Blattfläche) mit Erbgutinformatoren verknüpft werden, um die genetische Basis komplexer Eigenschaften aufzudecken. Vorangegangene Studien hatten GWAS in Raps angewandt, um Gene, die agronomisch bedeutsamen Eigenschaften, wie zum Beispiel Samenertrag, zugrunde liegen, für einen einzelnen Zeitpunkt zu identifizieren. Für die neue Studie beschlossen die Forscher von den neusten technologischen Entwicklungen in der Hoch-Durchsatz-Phänotypisierung Gebrauch zu machen und die Beziehung zwischen Erbmaterial und Merkmalsausprägung mit einer hohen zeitlichen Auflösung aufzuschlüsseln. Das bedeutete, dass die Pflanzenphänotypen für mehrere Wochen täglich festgehalten wurden, anstatt nur einmal aufgezeichnet zu werden.

Die Wissenschaftler nutzten das automatisierte nicht-invasive Pflanzen-Phänotypisierungssystem für große Pflanzen des IPK. So wurden 477 verschiedene Rapslinien (jeweils mindestens 27 Pflanzen jeder Linie, insgesamt 14.256 Pflanzen) über 4 Wochen täglich fotografiert. Zusätzlich wurden das Frisch- und Trockengewicht der Pflanzen am Ende des Experiments bestimmt. Die von den Bildern gewonnenen phänotypischen Daten wurden, zusammen mit den verfügbaren genetischen Markern, im Rahmen einer genomweiten Assoziationsstudie, analysiert.

Dank der hohen zeitlichen Auflösung der Daten konnten die Forscher dynamische Pflanzenwachstums QTL-Muster im Raps aufdecken. So zeigten sie, dass die Eigenschaft „frühes Pflanzenwachstum“ hochkomplex ist und von mehreren genetischen Loci geregelt wird, welche jeweils zu verschiedenen, kurzen Phasen aktiv sind. Diese Beobachtungen unterstreichen, wie wichtig es ist, die zeitlichen Muster genetischer Mechanismen in Pflanzen mit zu betrachten, wenn man die

komplexen Einflüsse von Genen, welche in verschiedenen Entwicklungsphasen aktiv sind, vollständig aufklären möchte.

Zusätzlich identifizierten die Wissenschaftler mehrere Kandidatengene für alle untersuchten Eigenschaften, von denen einige in der Meristementwicklung und Zellwandmodifikation mitwirken. Die Gene werden nun in Anschlussstudien weiter untersucht und geprüft, sodass ihr Potenzial in zukünftigen Zuchtbestrebungen voll genutzt werden kann. Aktuell bilden die in dieser Studie identifizierten dynamischen QTL eine wertvolle Ausgangsbasis, mit der wir unser Wissen über das frühe Pflanzenwachstum und die Biomasseakkumulation in Raps erweitern können.

Quelle der Statistik: <https://de.statista.com/themen/2538/oelsaaten/>

**Originalpublikation:** Dominic Knoch *et al.* (2019), Strong temporal dynamics of QTL action on plant growth progression revealed through high-throughput phenotyping in canola. *Plant Biotechnology Journal*.

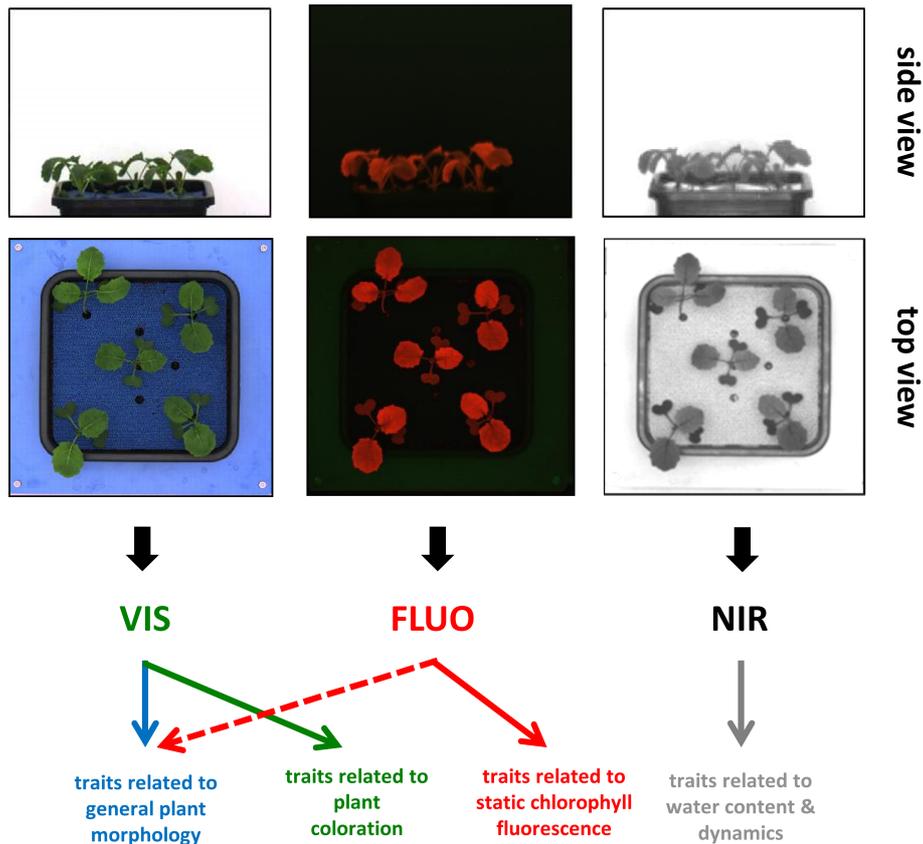
DOI: <https://doi.org/10.1111/pbi.13171>

**Abbildungen (zur freien Verwendung):**



**Blick auf die Rapspflanzen in der IPK-Phänotypisierungsanlage**

Die Pflanzen befinden sich in 396 mobilen Trägern auf einem Förderbandsystem. Drei Bildkammern beherbergen Kamerasysteme für statische Fluoreszenz, sichtbares Licht und Nahinfrarot. Das System befindet sich in einem Gewächshaus mit Zusatzbeleuchtung und kontrollierten Umweltbedingungen. (Foto: IPK)



### Hochdurchsatz-Bildanalyse

Täglich wurden Fotos von drei verschiedenen Kamerasystemen (statische Fluoreszenz, sichtbares Licht und Nahinfrarot) von oben und von der Seite aufgenommen. Die automatisierte Bildanalyse wurde mittels der IPK Integrated Image Analysis-Software durchgeführt, wobei verschiedene Merkmale in Bezug auf das Pflanzenwachstum erhalten wurden. (Abbildung und Fotos: IPK)

### Wissenschaftlicher Ansprechpartner:

Dominic Knoch

Leibniz-Institut für Pflanzengenetik und Kulturpflanzenforschung (IPK) Gatersleben

Tel.: +49 39482 5809,

E-mail: [knoch@ipk-gatersleben.de](mailto:knoch@ipk-gatersleben.de)

### Medienkontakt IPK:

Geschäftsstelle | Öffentlichkeitsarbeit

Leibniz-Institut für Pflanzengenetik und Kulturpflanzenforschung (IPK)

Tel. +49 39482 5424

E-Mail: [geschaeftsstelle@ipk-gatersleben.de](mailto:geschaeftsstelle@ipk-gatersleben.de)