

EINGETRAGEN

17. DEZ. 2013

Referat 010

Kurzfassung des Vorhabens

Zuwendungsempfänger:

**Leibniz-Institut für Pflanzengenetik und Kulturpflanzenforschung (IPK),
AG Teilsammlungen Nord**

Förderkennzeichen:

2814ERA01C

Thema:

**Zusammenführung von Landschaftsgenomik und quantitativer Genetik für eine regionale
Anpassung des Europäischen Graslands an den Klimawandel - GrassLandscape**

Laufzeit des Vorhabens:

01.01.2015 bis 31.03.2018

Im Rahmen von GrassLandscape sollte die Methodik der Landschaftsgenomik genutzt werden, um adaptive genomische Variation in der natürlichen Ökotypvielfalt von Grasland zu identifizieren und diese zu nutzen, um Grasland auf regionaler Ebene an den Klimawandel in Europa anzupassen.

Dazu wurden 579 natürliche Populationen des Deutschen Weidelgrases aus Europa und umliegenden Ländern zusammengetragen sowie die Umweltbedingungen an den Ursprungsorten dieser Populationen mit Hilfe verschiedener Datenbanken rekonstruiert. Via GBS-Genotypisierung wurden mehr als 500.000 anonyme, nukleäre SNPs erzeugt, zudem erfolgte die Sequenzierung von Kandidatengen-Fragmenten. Die Populationen wurden dreierlei im Feld sowie auf einer Hochdurchsatz-Phänotypisierungsplattform charakterisiert.

Eine phylogeographische Rekonstruktion der natürlichen Ausbreitung von *L. perenne* in Europa zeigte, dass die gegenwärtige räumlich-genetische Struktur dieser Art das Ergebnis von Klimaänderungen während des Pleistozäns ist und dass moderne Sorten nur einen geringen Bruchteil der natürlichen Vielfalt nutzen. Etwa 5.900 SNPs mit potenzieller Kopplung zur adaptiven Vielfalt wurden identifiziert, wobei bioklimatische Faktoren - gefolgt von Boden- und Unterbodenmerkmalen - die Hauptauslöser der Selektion sind. Assoziationsanalysen von phänotypischer Variabilität mit genomischen Polymorphismen deckten SNPs auf, die mit der Merkmalsausprägung in Zusammenhang stehen.

Unsere Ergebnisse zeigen, dass an die Klimaanpassung gekoppelte, genomische Marker Anwendung finden können, um die räumliche Verteilung der genetischen Vielfalt von *L. perenne* auf zukünftige europäische Regional-Klimata zu verbessern. Außerdem weisen sie auf die Option hin, verschiedene klimatische Anpassungen mittels genomischer Selektion mit einem ausreichenden agronomischen Wert zu rekombinieren. Dies könnte breite genetische Pools für die Neuanlage von Dauergrünland bereitstellen, welches durch Klima-Störungen beeinträchtigt wurde. Zudem könnten auch klimatisch angepasste Genotypen in Elitesorten für den Ackerfutterbau integriert werden.

Unser Projekt bestätigt den Wert einer Strategie, die die Ökotypvielfalt des Deutschen Weidelgrases nutzt, um dessen regionale Anpassung an den Klimawandel zu fördern.

Short Project Description

Beneficiary: Leibniz Institute of Plant Genetics and Crop Plant Research (IPK), Research Group Satellite Collections North	Project number: 2814ERA01C
Project title: Bridging landscape genomics and quantitative genetics for a regional adaptation of European grasslands to climate change – GrassLandscape	
Project duration: 01.01.2015 bis 31.03.2018	

The rationale of GrassLandscape is that Landscape Genomics can provide analytical tools to detect adaptive genomic variation in the natural ecotype diversity of grassland species and that this diversity could be used to adapt these species to climate change at a regional scale across Europe.

To implement this approach to perennial ryegrass as major grassland species, we gathered 579 natural populations from Europe and surrounding countries, the environment at sites of origin of the populations being documented by mining different databases. The entries were GBS genotyped, yielding more than 500.000 anonymous, nuclear SNPs. In addition, 185 short amplicons were used to sequence fragments of candidate genes and identified 1.000 SNPs. The populations were phenotyped in three locations and on a high-throughput phenotyping platform.

A phylogeographic reconstruction of the natural expansion of *L. perenne* across Europe demonstrated that the present spatial genetic structure of this species is the result of climate changes during the Pleistocene, and that modern cultivars only use a tiny fraction of the natural diversity. 5.900 SNPs were found potentially linked to adaptive diversity, with bioclimatic factors being the primary drivers of selection. Soil and subsoil features were also recognised as potentially imposing selection, but with weaker genomic signature. Analyses of association between phenotypic variability and genomic polymorphisms identified SNPs linked to the determinism of phenotypic traits. A good prediction of phenotypic values was obtained from genomic predictions of most traits.

Our results indicate the possibility to use genomic markers, linked to climatic adaptation, to improve the spatial distribution of genetic diversity of *L. perenne* to future regional climates of Europe. Furthermore, they indicate the option to recombine different climatic adaptations and sufficient agronomic value by genomic selection. This could deliver broad base genetic pools to reseed permanent grasslands degraded by climatic disruptions and could also help to introgress climatically adapted genotypes into elite cultivars bred for temporary meadows. Our project confirms the value of a strategy using the ecotype diversity of perennial ryegrass to promote its regional adaptation to climate change.