



Bundesministerium
für Ernährung
und Landwirtschaft

AppleClimateBreeding

Etablierung von Methoden zur Züchtung neuer Apfelsorten mit geänderten Blühzeiten für eine bessere Anpassung an den Klimawandel

Land/Länder	Deutschland/Neuseeland
Fördernde Organisation	Bundesministerium für Ernährung und Landwirtschaft – BMEL
Projektträger	Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung – BLE
Koordinator	Dr. Andreas Peil
Partner	Dr. Vincent Bus The New Zealand Institute For Plant & Food Research Limited (PFR), Hawke's Bay Research Center, Havelock North 4157, New Zealand
Projektbudget	99.828,00
Projektlaufzeit	01.03.2020–31.03.2023

Schlagwörter	Apfelzüchtung, Klimawandel, Dormanz, Blühzeitpunkt, Kartierung
Hintergrundinformation	<p>Der Klimawandel bringt für den Obstbau einige Herausforderungen mit sich. Ganz gravierend ist der Einfluss der höheren Temperaturen auf die Winterruhe. In milden Klimata führen wärmere Winter dazu, dass nicht genug Kältestunden vorkommen und das Durchschreiten der Winterruhe gestört ist. Das führt zu unregelmäßigen Blühverläufen und Misserträgen. In unserem Klima führen erhöhte Frühjahrstemperaturen zu einem immer früheren Blühbeginn und dadurch zu einer Zunahme von Schäden durch Spätfröste. Um diesen Phänomenen zu begegnen wird mehr Wissen benötigt, um neue und an wärmere Temperaturen angepasste Sorten effizient züchten zu können. Zu diesem Zweck wurden in diesem Projekt segregierende Populationen zwischen Apfelsorten und -Arten hergestellt, genotypisiert und phänotypisiert. Anhand der Ergebnisse wurden genomische Regionen bestimmt, die Winterruhe, Knospenaufbruch und die Blütenentwicklung beeinflussen.</p>
Projektziel	Kartierung von Genorten, die die Blühzeit determinieren, Identifizierung von Kandidatengenomen und Entwicklung molekularer marker für die Blühzeit

Projektergebnisse	<p>Es wurden genetische Karten für MAL0940 und die 'Rote Sternrenette' erstellt, die aus 2457 bzw. 3660 SNPs und 56 SSR-Markern, die in beiden Genotypen segregieren, bestehen. Die QTL-Kartierung der phänologischen Daten detektierte signifikante Genorte für die Stadien Dormanz und BBCH53 bis BBCH65 an der Spitze von Chromosom 9 in den Jahren 2021 und 2022. Am Ende von Chromosom 15 liegt ein weiterer Genort, der mit der Phänologie gekoppelt ist. Für den QTL an der Spitze von Chromosom 9, mit dem größten phänotypischen Effekt und der am meisten Merkmale beeinflusst, wurden weitere SSR Marker entwickelt. Zusätzlich wurden Kandidatengene bestimmt, die in dieser chromosomalen Region liegen und deren Expressionsmuster während der Winterruhe in beiden Eltern bestimmt. Das Gen MdICE1, das aus <i>A. thaliana</i> bekannt ist als Inducer of CBO Expression 1, zeigte einen signifikanten Genotyp-Effekt in der Expression während der Winterruhe. Das Gen wurde aus beiden Eltern isoliert und alle vier Allele sequenziert. Für die so identifizierte Sequenz-Variation konnte ein SSR Marker entwickelt werden, der alle vier Eltern-Allele unterscheiden kann. Es konnte gezeigt werden, dass dieser Marker signifikant mit Knospenaufbruch und Blühzeit assoziiert. Den größten Effekt hat ein Allel der 'Rote Sternrenette', das zum späteren Knospenaufbruch führt. Somit ist dieser Marker ein potentieller Marker, der in Züchtungsprogrammen für spät austreibende und spätblühende Sorten verwendet werden kann. Die Ergebnisse wurden mit dem neuseeländischen Projektpartner abgeglichen, was zur Erhöhung der Konfidenz und zur Identifizierung weiterer Kandidatengene für die Regulation von Knospenaufbruch geführt hat.</p>
Empfehlungen	<p>Es gibt deutliche Unterschiede in der Blühzeit von Apfelsorten, die genetisch bedingt sind. Die Entwicklung von Methoden zur Frühselektion von Sämlingen mit veränderter Blühzeit ist möglich und sollte weitergeführt werden, um Marker zu entwickeln, die in unterschiedlichen Populationen genutzt werden können.</p>

Fotos

