

SCHLUSSBERICHT



Zahlungsempfänger:

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

Förderkennzeichen:

2814ERA01C

Vorhaben:

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

Akronym:

GrassLandscape

Laufzeit des Vorhabens:

01.01.2015 bis 31.03.2018

1. Beitrag des Ergebnisses zu den förderpolitischen Zielen, auch zwecks Evaluierung von Förderprogrammen

Die Ziele von „Climate Smart Agriculture“ sind (i) die nachhaltige Erhöhung der landwirtschaftlichen Produktivität, (ii) die Verbesserung der Anpassungsfähigkeit von Kulturpflanzen an ein verändertes Klima durch Erhöhung der Widerständigkeit gegen Wetterextreme, (iii) die Reduktion von Treibhausgasemissionen und (iv) die Steigerung der Nahrungsmittelsicherheit.

Das GrassLandscape Projekt zielte insbesondere auf eine verbesserte Widerstandsfähigkeit des Deutschen Weidelgrases, *Lolium perenne* L., gegen veränderte Klimabedingungen ab. Dazu wurden *L. perenne*-Ökotypen phänotypisch und genetisch charakterisiert. Ein Teilergebnis der genetischen Analysen ist, dass alle untersuchten Weidelgras-Kultursorten ein ähnliches Allelspektrum aufweisen, sie also aus nur wenigen natürlichen Populationen von begrenzter, geographischer Verbreitung gezüchtet wurden. Ein großer Teil der natürlichen genetischen Diversität der Art ist also züchterisch noch ungenutzt. Die Ergebnisse der Feldphänotypisierung an drei verschiedenen Standorten zeigen, wie sich die Ausprägung agronomischer Merkmale, wie z. B. die Biomasseentwicklung, in Abhängigkeit vom Standort verhält. Das Projekt hat also wichtige und einzigartige Datengrundlagen geschaffen, die in innovativen Züchtungsprogrammen berücksichtigt werden können, um langfristig die Anpassung von Dauergrasland an veränderte Klimabedingungen zu gewährleisten (Ziel ii). Damit ist es möglich, die Degradation von Dauergrasland durch extreme Wetterereignisse, die zur Freisetzung von atmosphärischem CO₂ führen kann, zu verringern bzw. sogar zu verhindern und so die CO₂-Senken-Funktion von intaktem Dauergrasland zu sichern. Insofern trägt GrassLandscape auch zu Punkt (iii) der förderpolitischen Ziele bei.

2. Aufzählung der wichtigsten wissenschaftlich-technischen Ergebnisse des Vorhabens im Vergleich zu den ursprünglichen Zielen, die erreichten Nebenergebnisse und die gesammelten Erfahrungen

WP 1 Genetische Ressourcen und Phänotypisierung

Task 1.1: Zusammenstellung des Genbank-Sets (IBERS, INRA, IPK)

Die im Projekt charakterisierten *L. perenne*-Ökotypen wurden aus der Gesamtheit der weltweit verfügbaren Genbank-Akzessionen ausgewählt und decken das europäische Verbreitungsgebiet der Art sehr gut ab (Abb.1). Bei der Auswahl der Muster waren die geographische Herkunft sowie der biologische Status der Akzessionen ausschlaggebend. Darauf basierend wurden 523 Genbank-Akzessionen ausgewählt, die aus 36 Ländern stammen und von 16 Genbanken bzw. Instituten zur Verfügung gestellt wurden (Tabelle 1; eine detaillierte Übersicht

aller verwendeten Akzessionen ist beim IPK auf Anfrage erhältlich); zudem wurden 32 Sorten von Züchtungsunternehmen als Vergleichsstandards zur Verfügung gestellt.

Von der Mehrheit der Akzessionen wurden durch das IPK (Malchow/Insel Poel) Saatgut zurückgestellt. Diese Zentralisierung allen Saatguts konnte bereits im Februar 2015 abgeschlossen werden. Die gute Zusammenarbeit der Genbanken untereinander sowie der schnelle Zugang zu Informationen über die Akzessionen mit Hilfe nationaler und internationaler Datenbanken sind als positive Erfahrung zu werten. Sie gibt Anlass, genetische Ressourcen auch in Zukunft intensiv für wissenschaftliche Studien zu nutzen sowie die Kooperationen zwischen den Genbanken zu pflegen und zu erweitern.

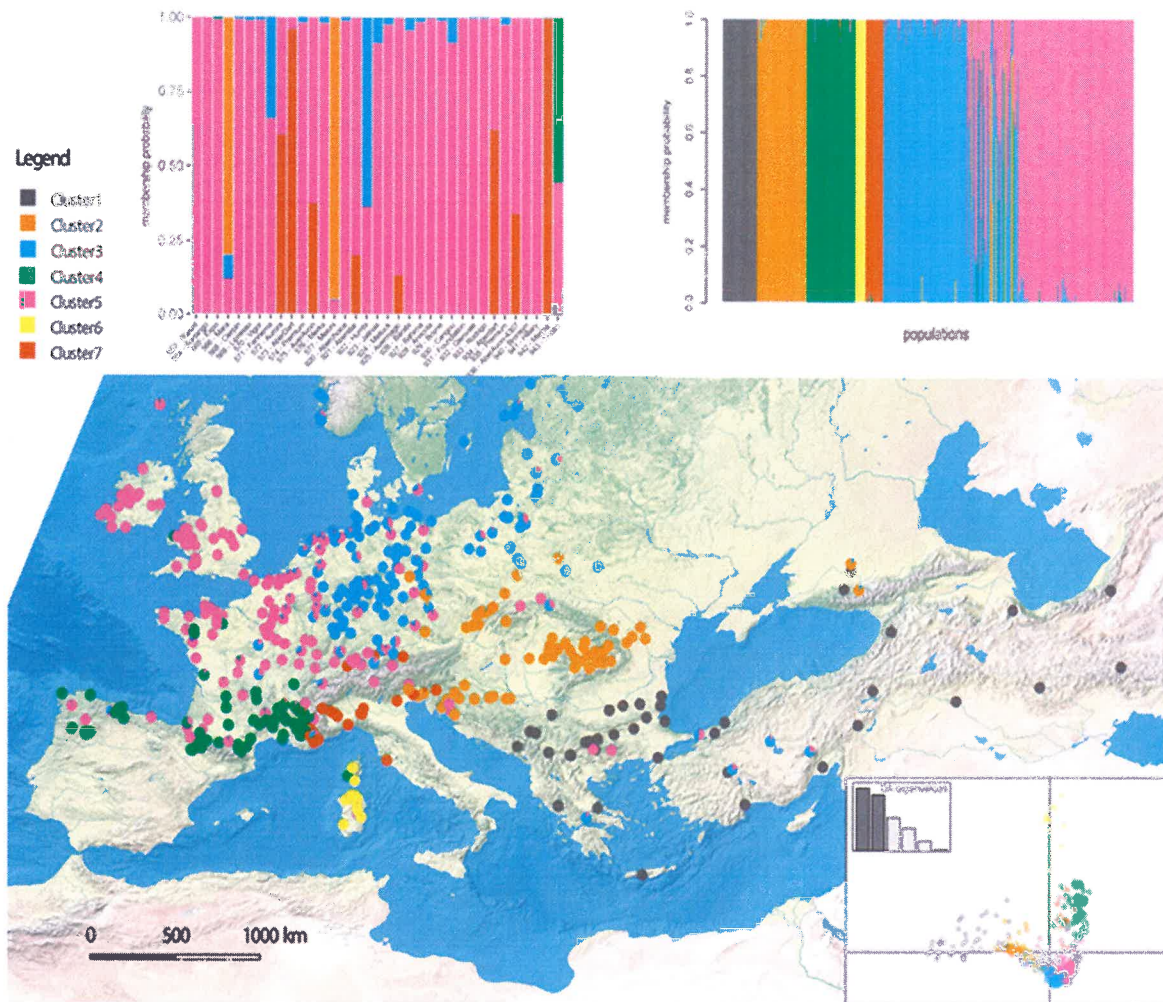


Abb. 1: Geographischer Ursprung von 470 *L. perenne* Populationen des Genbank-Sets. Die Farben geben die die Zugehörigkeit der Populationen zu den sieben mittels DAPC ermittelten genetischen Clustern an. Die Säulendiagramme zeigen die Wahrscheinlichkeiten, mit denen die einzelnen Populationen (rechts) tatsächlich den jeweiligen Clustern angehören und die Wahrscheinlichkeiten, mit denen die zur Analyse hinzugenommenen Kultur-Sorten (links) den Clustern zugehörig sind.

Tabelle 1: Übersicht des gesamten, im GrassLandscape-Projekt untersuchten Pflanzenmaterials. Ländercodes nach ISO 3166 ALPHA-3; Zahlen in Klammern geben die entsprechenden Anzahlen der Akzessionen/Populationen/Sorten an.

	Genbank-Akzessionen	In-Situ-Populationen	Sorten
Herkunftsländer der Genbank-Set-Akzessionen (523 Muster)	FRA (100); DEU (82); ITA (34); ROM (33); ESP (27); GBR (25); IRL (23); POL (18); HRV (17); BGR (16); CZE (14); TUR (14); MAR (13); NLD (13); GRC (9); ISR (9); BEL, RUS (je 8); CHE, IRN, NOR (je 7); EST (5); LTU (4); DNK, MKD, PRT, SVK, SWE, UKR (je 3); AUT, HUN, IRQ (je 2); LBY, LUX, MNE, SRB (je 1)	DEU (17); FRA (15); GBR (8); BEL, PRT, SRB (je 3); LTU, POL, NLD (je 2); EST (1)	DLF/DNK, IBERS/GBR (je 6); ILVO/BEL (4); Agri-seeds/NZL (3); Barenburg/ROM, DSV/DEU (je 2); Ag-Research/NZL, Agroscope/CHE, Barenburg/NLD, Dep. Agr. South Australia/AUS, Inno-seeds/NLD, INRA/FRA, NPZ/DEU, PGG Wrightson/NZL (je 1)
Sammlungsländer der In-Situ-Populationen (56 Akzessionen)			
Züchter der Kultursorten (32 Sorten)			
botanische Art	<i>L. perenne</i> (510), <i>L. multiflorum</i> (5), <i>L. rigidum</i> (4), <i>Festuca pratensis</i> (2), <i>L. temulentum</i> (2)	<i>L. perenne</i> , diploid (43); <i>L. perenne</i> , tetraploid (6), <i>L. perenne</i> , partiell tetraploid (7)	<i>L. perenne</i> (32)
kuratierende Institute der Genbank-Akzessionen	DEU271 (214); GBR016 (96); FRA001 (89); USDA ARS (43); NLD037 (13); CZE082 (12); ISR000, LTU001, SWE054 (je 9); BEL094 (8); CHE002, ITA394 (je 6); EST001 (5); SVN019 (2); AUT060, SRB000 (je 1);	DEU271 (48), GBR016 (8)	
Saatgutrückstellung	ja (513), nein (10)	ja (56), nein (0)	ja (14), nein (18)
Genotypisierung	ja (489), nein (34)	ja (49), nein (7)	ja (32), nein (0)
LemnaTec	ja (505), nein (18)	ja (0), nein (56)	ja (14), nein (18)
Einzelpflanzen Insel Poel	ja (11), nein (512)	ja (53), nein (3)	ja (4), nein (28)
Rasenparzellen Insel Poel	ja (444), nein (79)	ja (0), nein (56)	ja (14), nein (18)
Rasenparzellen Lusignan	ja (438), nein (85)	ja (0), nein (56)	ja (14), nein (18)
Rasenparzellen Melle	ja (413), nein (110)	ja (0), nein (56)	ja (14), nein (18)

Task 1.2: Phänotypisierung und DNA-Extraktionen (INRA, ILVO, IPK)*Phänotypisierung des Genbank-Sets in Rasenparzellen-Versuch*

Ein großer Teil der Akzessionen des Genbank-Sets wurden an drei Standorten – Lusignan (Frankreich; 427 Akzessionen), Melle (Belgien; 391 Akzessionen) und auf der Insel Poel (Deutschland; 433 Akzessionen) – in Rasenparzellen ausgesät und von 2015 bis 2018 eingehend bezüglich einer Vielzahl von Merkmalen (Tage bis zum Auflaufen, Gleichmäßiger Aufgang, Wuchskraft, Beginn Ährenschieben, Anteil der im ersten Jahr ährenschiebenden Pflanzen, Deckungsgrad, Pflanzenhöhe, Anfälligkeit Kronenrost, allgemeine Rostanfälligkeit, Schaden nach Winter, Stand vor und nach Winter, Frühjahrswachstum, Massebildung, Krankheitsresistenzen u.a.) bonitiert und vermessen.

Automatisierte Phänotypisierung des Genbank-Sets mittels LemnaTec

Jeweils drei getopfte Einzelpflanzen von 519 Mustern (505 Genbank-Akzessionen, 14 Sorten) wurden auf der LemnaTec (LT) Scanalyzer^{3D} Discovery Plattform in Gatersleben (Deutschland) phänotypisiert. Hierbei standen in einem Gewächshaus in Töpfen kultivierte Pflanzen in Vierergruppen auf Förderbändern, die sie täglich zu drei Fotokammern transportierten, wo die Pflanzen aus verschiedenen Blickwinkeln fotografiert wurden (siehe Abb. 2). Die Fotokammern waren mit Kameras für sichtbares Licht, Fluoreszenz-Licht und Infrarot-Licht bestückt. Die Auswertung der aufgenommenen Fotos mittels IAP (Integrated Analysis Platform; Klukas et al. 2014) lieferte Daten zur Morphogenese der Pflanzen. Die Anwendung dieser Technologie war zuvor für *L. perenne* noch nicht erprobt worden.

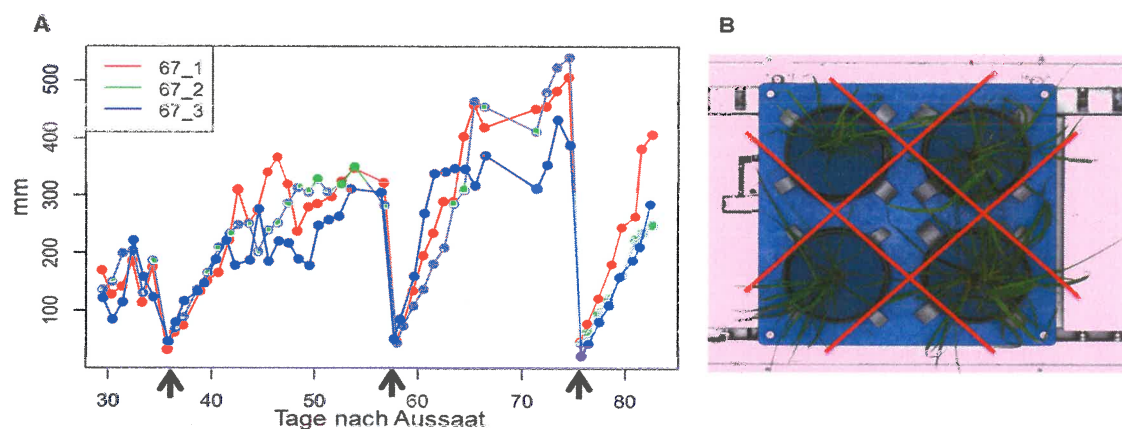


Abb. 2: **A:** Exemplarischer Verlauf der Variablen „Pflanzenhöhe“ für die drei Individuen einer Genbank-Set-Akzession; Schnitte während des Beobachtungszeitraumes sind durch Pfeile unterhalb der X-Achse angedeutet. Der unregelmäßige Verlauf der Kurven kurz nach den Schnitten deutet auf systematische Fehler bei der Erhebung der Werte hin. **B:** LemnaTec Carrier in der Aufsicht mit in rot dargestellten, virtuellen Separationsachsen. Auch in einem frühen Stadium wachsen die Pflanzen bereits aus dem Bildbereich heraus.

Nach eingehender Reduzierung der auswertbaren Rohdaten, bei der unzuverlässige Messungen verworfen wurden (siehe auch 4.), wurde die morphologische Variation anhand von drei LT-Parametern („Pflanzenhöhe“, Abb.2, „Blattfläche“ und „Horstgröße“, sowie deren Wachstumsraten) und an 365 Populationen des Genbank-Sets beschrieben. Mittels DAPC (Discriminant Analysis of Principal Components; Jombart et al., 2010) wurden die Populationsmittelwerte geclustert. Dabei zeigte sich, dass die Aufspaltung der Populationen entweder entlang divergierender Messwerte der Variablen „Pflanzenhöhe“ oder der Variablen „Horstgröße“ in morphologische Cluster erfolgte (Abbildung 3). Offenbar existiert ein Zielkonflikt zwischen vertikalem und lateralem Wachstum, der mit Hilfe der LT-Technologie gemessen werden kann. Dies könnte dazu genutzt werden, um *L. perenne* in sogenannte Rasentypen (niedrig- und breitwachsend) und Massentypen (hochwachsend) zu klassifizieren. Die gefundenen morphologischen Gruppierungen standen jedoch in keinem Zusammenhang mit der geographischen Herkunft der Akzessionen oder mit den am Herkunftsstandort herrschenden, klimatischen Bedingungen.

DNA-Extraktionen

Bei 489 Akzessionen des Genbank-Sets sowie bei allen Standardsorten war die Keimung hinreichend, um 300 Keimlingspflanzen ramschen und daraus genomische DNA extrahieren zu können; diese wurde den Projektpartnern zur Genotypisierung zur Verfügung gestellt. Das gleiche Verfahren fand auch für 49 der 56 In-Situ-Populationen Anwendung. Alle DNA-Stammlösungen werden am IPK-Standort Groß Lüsewitz gelagert.

Task 1.3: Zusammenstellung des In-Situ-Sets (INRA, IPK)

An 56 Standorten in elf europäischen Ländern wurden natürliche *L. perenne* Populationen beprobt (siehe auch Tabelle 1 sowie Abb. 4), von denen 53 in einem Einzelpflanzen-Versuch phänotypisiert wurden. Im Fall der Kulturpflanze *L. perenne* wird altes (> 10 Jahre) Dauergrasland als natürlich Population verstanden. 30 Pflanzen je Population wurden im Hofgelände des IPK (Malchow, Insel Poel) aufgepflanzt. Dieses In-Situ-Set stellte eine weitere Quelle der natürlichen Diversität von *L. perenne* dar. Natürliche Vorkommen der Art sollten dem Wildtyp entsprechend diploid sein. Allerdings ergab die durchfluss-cytometrische Bestimmung der Ploidiestufe, dass 13 der 56 Populationen ganz oder teilweise tetraploid waren. Dieses Nebenergebnis zeigt, dass natürliche Grasländer mehr und mehr aus der europaweiten Kulturlandschaft verschwinden - sei es weil sie durch den Menschen übersät werden oder weil Wildtypen mit Kultursorten hybridisieren oder von ihnen auskonkurriert werden; für die Genotypisierungen durch die Projektpartner wurden nur eindeutig di- oder eindeutig tetraploide Populationen verwendet.

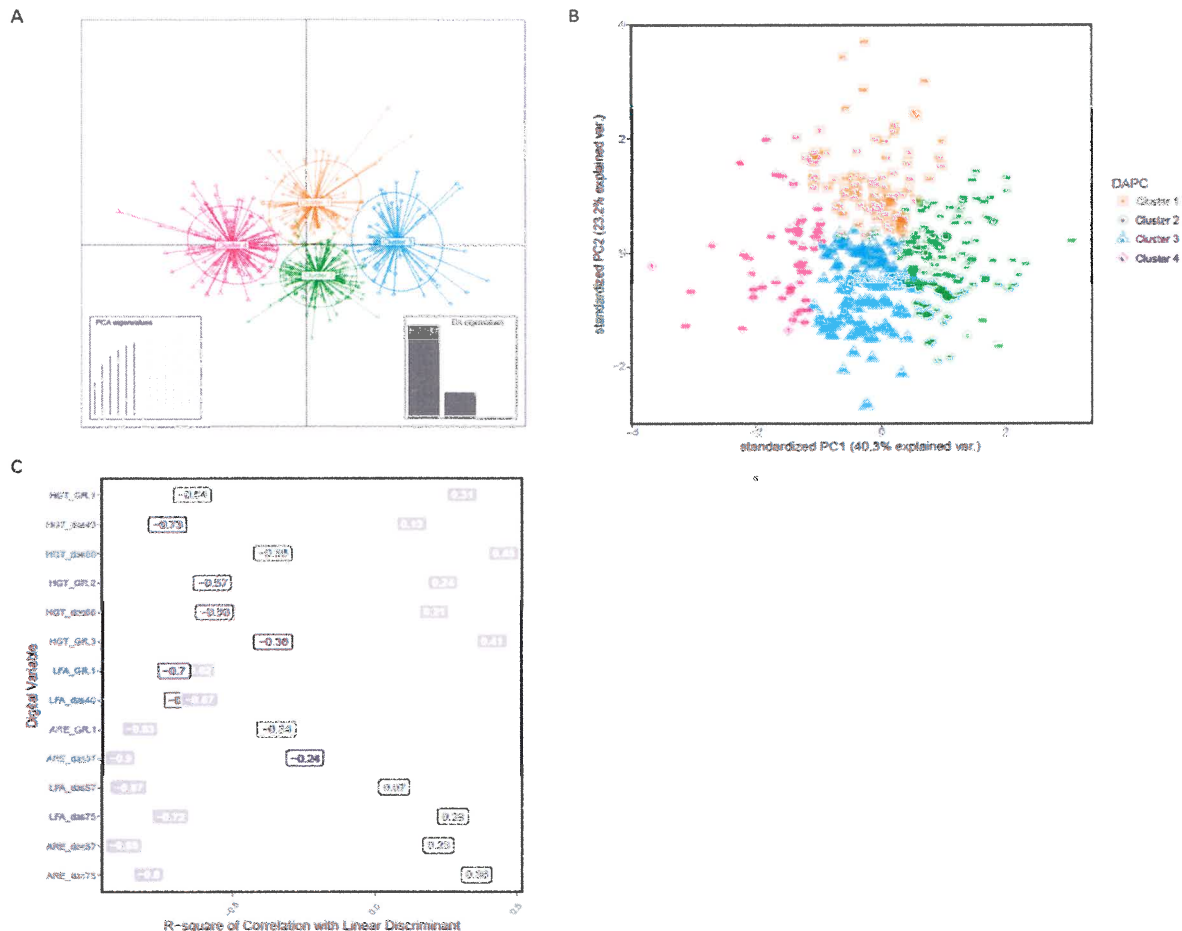


Abb. 3: Ergebnisse der Clusteranalyse der LemnaTec-Daten von 365 Akzessionen des Genbank-Sets, analysiert wurden Akzessionsmittelwerte.

A: Position der Populationen entlang virtueller Vektoren, den sog. Linear Discriminants (LDs). Die LDs veranschaulichen die Ähnlichkeit bzw. Verschiedenheit der Akzessionen in Bezug auf die analysierten Originalvariablen „Pflanzenhöhe“, „Blattfläche“ und „Horstgröße“ Mittels der DAPC wurden vier Cluster unterschieden.

B: Position der Akzessionen entlang von Principal Components (Hauptkomponenten, PCs). Eine PC ist die eindimensionale Zusammenfassung mehrerer gleich gerichteter Originalvariablen. Die Kolorierung der Symbole entspricht den durch die DAPC unterschiedenen Clustern.

C: Pearson Korrelationskoeffizienten (R^2) der Originalvariablen mit der ersten (grau unterlegte, weiße Schrift) und zweiten (schwarze Schrift) LD. Die erste LD entspricht der horizontalen Achse aus (A), die zweite LD der vertikalen. Die die Pflanzenhöhe beschreibenden Originalvariablen sind insbesondere mit der ersten LD korreliert, wohingegen die Horstgröße vornehmlich mit der zweiten LD korreliert. So unterscheiden sich Cluster 1 und 2 vor allem in der Höhe und Cluster 3 und 4 insbesondere in der Horstgröße.

Phänotypisierung des In-Situ-Sets im Einzelpflanzen-Versuch

Durch die Teilsammlungen Nord des IPK wurden 53 der gesammelten In-Situ-Population in einem vollrandomisierten Einzelpflanzen-Versuch auf der Insel Poel phänotypisiert. Von jeder Population wurden 30 Pflanzen und drei Pflanzenklone aufgepflanzt. Die Bonituren und Messungen, die analog zu denen des Genbank-Sets erfolgten, starteten im Herbst 2015 und wurden in den Jahren 2016 und 2017 weitergeführt.



Abb. 4: Standorte der für das In-Situ Set gesammelten Populationen. Fundorte mit Symbolen gleicher Farben wurden von derselben Institution besammelt.

WP 2 Genotyping

Task 2.1 Genomweite Genotypisierung (IBERS, INRA, ILVO)

Im Rahmen des Projektes wurden 611 *L. perenne* Populationen (Genbank-Set-Akzessionen, Kultursorten, In-Situ-Populationen) genotypisiert (siehe auch Tabelle 1). Dazu wurden von je 300 Individuen Blätter geerntet und diese bereits vor der DNA Extraktion gepoolt. Die Methode des Genotyping-by-Sequencing (GBS) bedurfte einer sehr sorgfältigen Optimierung, damit von allen Pools und von allen Individuen in den Pools etwa die gleiche Menge an Sequenzen generiert werden konnte. Die Ansatzpunkte zu dieser Optimierung waren (i) die Wahl des

Restriktionsenzym, (ii) die Anzahl der PCRs bei der Herstellung der Bibliothek, (iii) die Normalisierung der Vorlage-DNAs für den Sequenzierungslauf und (iv) die Anzahl der Spuren, auf denen sequenziert wurde. Mit den GBS-Läufen wurden über 500.000 auswertbare SNP Marker generiert.

Task 2.2 Resequenzierung nukleärer und chloroplastischer Gene (INRA)

Bei dieser genetischen Analyse werden bereits bekannte Gene (Kandidaten-Gene) in allen DNA-Pools sequenziert. Im Projekt wurde dazu die innovative HiPlex PCR-Variante eingesetzt. In diesen Reaktionen wurden über 90 Abschnitte von 41 Kandidaten Genen in nur zwei Reaktionen parallel amplifiziert. Die anschließende Sequenzierung war zu 97 % erfolgreich. Lediglich fünf Genabschnitte konnten nicht re-sequenziert werden. Aus der gezielten Resequenzierung (targeted re-sequencing) resultierten 185 Amplicons mit einer Länge von 80 bis 140 bp, welche auf 41 Genen liegen und einige hundert SNP-Positionen beinhalten.

Die erfolgreichen Implementierungen von Pool-GBS und HiPlex-PCR sind wichtige technische Leistungen. Die dabei produzierten genetischen Daten sind eine einzigartige, neue Ressource.

WP 3 Genetische Analysen

Task 3.1: Zusammenstellung von Umweltparametern für die Herkunftsstandorte (INRA)

Anhand von sechs Klimaparametern, 27 Extremwetter-Indices, sechs ökophysiologisch relevanten Kennwerten und 31 bioklimatischen Indices wurden die Herkunftsorte der Akzessionen sowie die Standorte der Feldversuche charakterisiert.

Task 3.2: Detektion genetischer Selektionssignaturen (INRA)

Diese Analyse wurde auf die Jahre 2018 und 2019 zurückgestellt; stattdessen wurde die Bearbeitung von Task 3.3 vorgezogen.

Task 3.3: Genetische Struktur und Phylogeographie (INRA)

Die genomweite SNP-Genotypisierung ermöglichte die genaue Beschreibung der rezenten populationsgenetischen Struktur sowie die Rekonstruktion der demographischen Vergangenheit von *L. perenne* im europäischen Verbreitungsgebiet. Für diese Studie wurden 470 natürliche Populationen des Genbank- und In-Situ-Sets sowie 32 moderne Kultursorten betrachtet.

Mit Hilfe der Hauptkomponenten-Diskriminanzanalyse wurden die Allelelfrequenzen von 507.583 SNPs gruppiert. Die DAPC ordnet eine Datengesamtheit in möglichst homogene Gruppen an, wobei die Varianzen innerhalb der Gruppen minimiert und zwischen den Gruppen maximiert werden. Als optimale Gruppierung ergaben sich sieben genetische Cluster (Abbil-

dung 1). Im zweiten Schritt der DAPC wurden die 32 Kultursorten den Clustern ihres genetischen Profils entsprechend zugeordnet. 25 der 32 Sorten waren dem Cluster 5 zugehörig und wiesen große genetische Ähnlichkeit mit den natürlichen Populationen dieser Gruppe auf. Daraus lässt sich folgern, dass der Großteil der modernen Sorten nur einen Bruchteil der natürlichen genetischen Diversität nutzt.

Zur Rekonstruktion der demographischen Vergangenheit wurde das site-frequency-spectrum (SFS) der Populationen unter Annahme verschiedener demographischer Szenarien simuliert und dann mit dem beobachteten SFS verglichen. Dazu wurde das Programm $\delta\alpha\delta i$ (Gutenkunst et al., 2009) benutzt. Dasjenige Szenario, das dem beobachteten SFS am besten entsprach, beschreibt folgende demographische Historie: Zunächst spaltete sich Cluster 6 von den Vorfahren der Cluster 1-5 sowie von Cluster 7 ab. Anschließend erfolgten mehrere Migrationsbewegungen, von Cluster 7 in Richtung der Cluster 1-5 und von Cluster 1-5 hinzu Cluster 6. Unter Annahme einer Basensubstitutionsrate von $6,03 \text{ E}^{-9}$ (De La Torre et al., 2017) und einer Generationsdauer von drei Jahren konnte der Zeitpunkt der ersten Aufspaltung auf 174 kya (CI 95 %: 300 – 49 kya) vor heute geschätzt werden. Bis zum Zeitpunkt 56 kya (CI 95 %: 112 – 31 kya) kolonisierte *L. perenne* sein heutiges Verbreitungsgebiet, wobei es über Norditalien nordwestlich die Alpen umrundend weiter nach Nord- und Nordost-Europa vordrang. Die Datierungen legen nahe, dass diese genetische Differenzierung von *L. perenne* bereits vor Beginn des Ackerbaus in Europa stattgefunden hat. Die anthropogene Überprägung der letzten 2.000 Jahre haben diese populationsgenetische Struktur nicht wesentlich aufgebrochen.

Task 3.4: Assoziation zwischen molekularen Polymorphismen und Umweltparametern (INRA)

Es wurden noch keine Assoziationsanalysen durchgeführt, da zunächst die Erhebung und Auswertung der phänotypischen Datensätze Priorität hatte.

Task 3.5: Assoziation zwischen molekularen Polymorphismen und phänotypischer Variation (INRA, IPK)

Siehe Task 3.4

Phänotypisierung des Genbank-Sets in Rasenparzellen

Die Auswertung dieser Daten in ihrer Gesamtheit steht noch aus. Anfängliche Teilanalysen aber zeigten bereits, dass sich die Umweltbedingungen der Versuchsstandorte deutlich voneinander unterscheiden. Insbesondere die Parameter ‚Tageslänge‘ und ‚Growing Degree Days‘ (kumulierte Temperatur > 0°C) kontrastieren zwischen den Standorten Insel Poel und Lusignan (Abbildung 5). Dieses beeinflusst die Wachstumsdynamik der Rasenparzellen im

Frühjahr stark. So war die Phase des maximalen Frühjahrswachstums 2016 in Lusignan zeitlich eng mit dem Eintritt der Pflanzen in die generative Entwicklung gekoppelt - wohingegen dieser Zusammenhang auf der Insel Poel nicht beobachtet wurde.

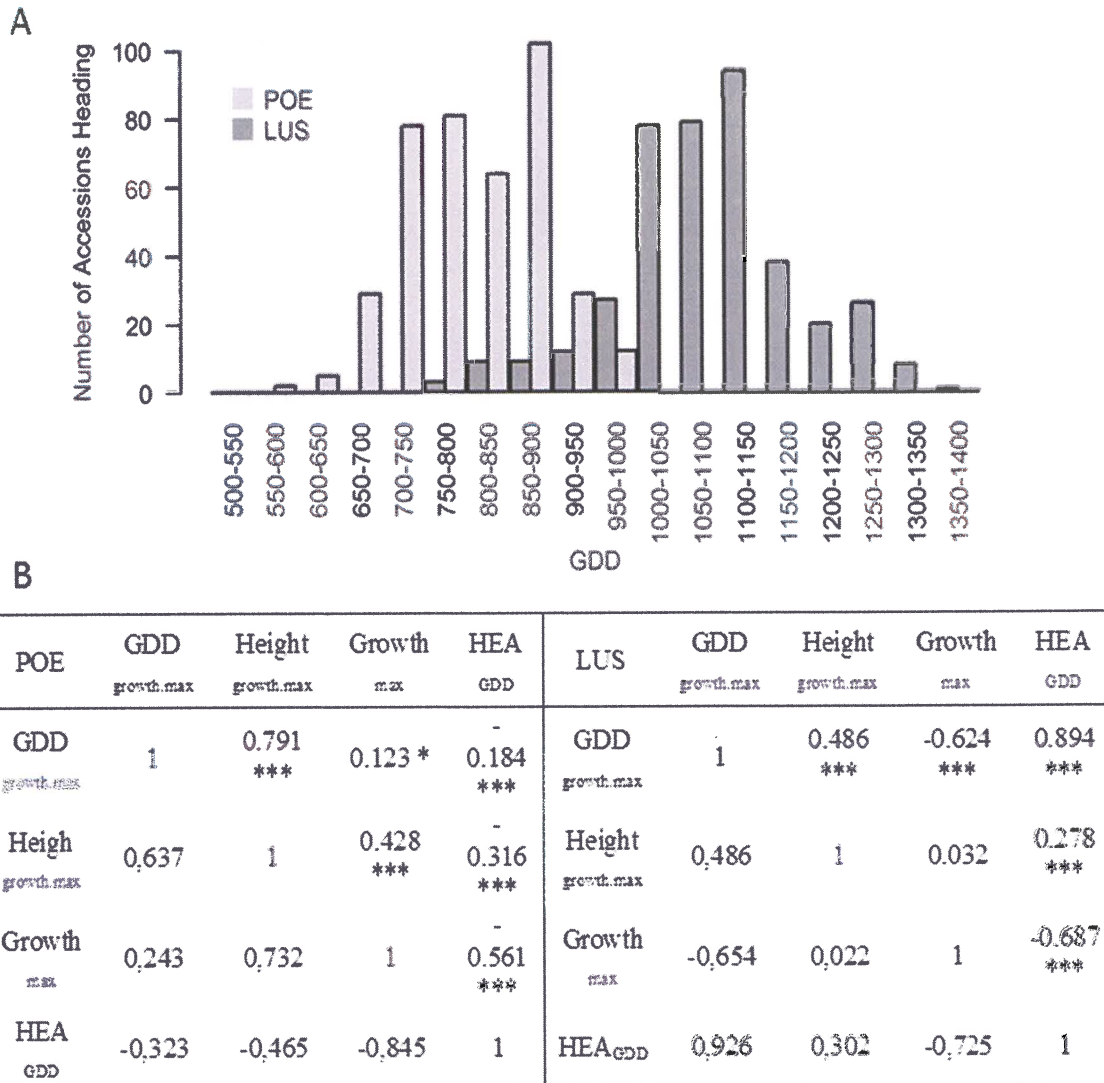


Abb. 5: Kontrastierende Dynamik der Frühjahresentwicklung der Rasenparzellen an den Standorten Lusignan (LUS) und Insel Poel (POE). **A:** Histogramm des Zeitpunkts des Ährenschiebens, ausgedrückt in Growing-Degree-Days (GDD). Hellgraue Säulen entsprechen den Akzessionen auf der Insel Poel, dunkelgraue Säulen denen in Lusignan. **B:** Korrelationen zwischen den Merkmalen maximale Wachstumsrate ($Growth_{max}$), Parzellenhöhe bei maximaler Wachstumsrate ($Height_{growth.max}$), Zeitpunkt der maximalen Wachstumsrate ($GDD_{growth.max}$) sowie Zeitpunkt des Ährenschiebens (HEA_{GDD}). Genetische Korrelationen sind unterhalb der Matrix-Diagonalen aufgeführt, phänotypische Korrelationen oberhalb. Das Signifikanzniveau der phänotypischen Korrelationen ist dargestellt als “*” für p-Werte < 0,05 und “***” für p-Werte < 0,001.

WP 4 Strategien zur regionalen Anpassung von *L. perenne* an den Klimawandel

Task 4.1: Veränderungen der für *L. perenne* geeigneten Habitate

Task 4.2: Regionale Anpassung von *L. perenne* an den Klimawandel durch Züchtung und Genmigration

Task 4.3: Weitergabe der Projektergebnisse an entsprechende Interessenten

Dieses Arbeitspaket mit seinen Teilaufgaben konnte im Projektzeitraum nicht bearbeitet werden, da die dafür verantwortlichen wissenschaftlichen Mitarbeiter erst im letzten Projektjahr beim Partner INRA eingestellt wurden; die Durchführung der entsprechenden Analysen verschiebt sich dadurch um zwei Jahre.

3. Darstellung und Erläuterung der Angemessenheit von Aufwand und Zeit

Für eine eingehende Phänotypisierung von pflanzengenetischen Ressourcen des Weidelgrases - sei es in Form des Genbank- oder des In-Situ-Sets – ist die Durchführung von mehrjährigen Feldversuchen unerlässlich. Dies konnte im Rahmen der Projektlaufzeit gewährleistet werden, so dass verlässliche Daten erhoben werden konnten. Der dafür notwendige Aufwand personeller und verbrauchsmaterieller Art konnte mit Hilfe der beantragten und bereitgestellten Projektmittel ausreichend abgedeckt werden.

4. Aufführen von Arbeiten, die zu keiner Lösung geführt haben

Neue, automatische Phänotypisierungstechnologien erlauben die schnelle, genaue und zeitlich hochauflösende Messung physiologischer und morphologischer Merkmale von zu untersuchenden Pflanzen. Im Rahmen von GrassLandscape wurde *L. perenne* mit der LemnaTec (LT) scanalyzer^{3D} discovery platform phänotypisiert. Die LT-Technologie wurde hier zum ersten Mal an einem Futtergras erprobt. Die Auswertung der Rohdaten ergab, dass viele morphologische Parameter, die mit LT-Technologie grundsätzlich erhoben werden können, für *L. perenne* nicht zielführend auszuwerten sind. Darunter fallen insbesondere den Habitus beschreibende Werte, die auf der automatischen Erkennung der Blattspitzen basieren. Die Position der grundständigen, langen und biegsamen Blätter von *L. perenne* ist derart stark dem Zufall unterworfen, dass die gemessenen Werte als unverlässlich verworfen werden mussten. Die Anwendung der LT-Technologie sollte jedoch nicht als Misserfolg, sondern als wertvolles, methodisch-technisches Ergebnis, gewertet werden; tatsächlich konnte ein Teil der Daten ausgewertet werden (siehe 2.)

Zur Erreichung der Projektziele, insbesondere der Assoziationsstudien zwischen Genotyp und Phänotyp, waren die LT-Daten jedoch weitgehend ungeeignet. An ihre Stelle trat die Feld-Phänotypisierung in Rasenparzellen.

5. Darstellung und Erläuterung der wissenschaftlichen und ggf. Anschlussfähigkeit für eine mögliche nächste Phase

Da die Datenauswertung insbesondere durch die noch laufenden Promotionsarbeiten beim französischen Projektpartner bisher nicht abgeschlossen ist und daher nicht abzusehen ist, welche Aussagen zur regionalen Anpassung des Europäischen (*Lolium*-)Graslands an den Klimawandel abgeleitet werden können, ist ein direkter Anschluss eines weiteren/weiterer Projekte im Moment noch nicht umzusetzen.

Es gab seitens des Koordinators und des IPK jedoch bereits erfolgreiche Bemühungen, die Überführung der im Projektrahmen gesammelten Daten in die europäischen Datenbanken zu genetischen Ressourcen zu initiieren. Unter dem Titel „Facilitating the use of the European perennial ryegrass collection: improving access to genetic resources and C&E data“ konnten dafür Projektmittel im Rahmen des 6th ECPGR (European Cooperative Program on Genetic Resources) call for activities eingeworben werden. Im Rahmen einer geplanten Laufzeit vom 01.09.2018 bis zum 31.08.2021 sollen zudem die GrassLandscape-Ergebnisse von Partnern aus neun europäischen Ländern genutzt werden, um das Management der Weidelgras-Sammlungen europäischer Genbanken im Rahmen der AEGIS-Initiative verbessert werden.

6. War der Einsatz der Bundesmittel für die Erreichung des geplanten Vorhabenziels ursächlich oder wäre dieses Ziel auch ohne Bundesmittel erreicht worden (einschließlich Bewertung evtl. Mitnahmeeffekte)?

Der Einsatz der Bundesmittel war für die Erreichung der geplanten und schließlich umgesetzten Vorhabenziele ursächlich, da der dafür nötige personelle Aufwand mit dem IPK-finanzierten Personal nicht zu leisten gewesen wäre; letzteres ist durch die Arbeiten zur Routine-Erhaltung des Genbankmaterials komplett gebunden. Somit wäre die Durchführung der Projektarbeiten ohne Bundesmittel nicht zu erreichen gewesen.

7. Präsentationsmöglichkeiten für mögliche Nutzer – z.B. Anwenderkonferenzen (soweit die Art des Vorhabens dies zulässt) und Darstellung der erfolgten und geplanten Veröffentlichungen des Ergebnisses

Die im Projekt erzielten Ergebnisse sind bereits von den Projektpartnern auf verschiedenen Tagungen (Plant & Animal Genome, San Diego; EUCARPIA- und GPZ-Tagungen) präsentiert worden. Darüber hinaus konnten verschiedene Publikationen erstellt werden, die eine weite Verbreitung der Projektergebnisse sicherstellen. Durch das IPK erfolgten hierbei die nachstehenden Veröffentlichungen:

Roschanski, A.M.: Die erste Phase des GrassLandscape Era-Net Projektes: Entwicklung der Datensätze zur europaweiten Analyse adaptiver genetischer und phänotypischer Variation in *Lolium perenne* L. (Vortrag DLG Ausschuss Gräser, Klee und Zwischenfrüchte, Bonn, 03.11.2015)

Willner, E., Roschanski, A.M., Bachmann-Pfabe, S., Weise, S., Oppermann, M., Schüler, D., Knüpffer, H., Dehmer, K.J.: C&E data of IPK fodder crops – a challenge for germplasm information systems (Poster IPK-Institutstag, Gatersleben, 11.-12.10.2016)

Willner, E., Bachmann-Pfabe, S., Roschanski, A.M.: Sammeln und Forschen an den Sortimenten für Öl- und Futterpflanzen (Vortrag Festveranstaltung 25 Jahre IPK-Nord, Groß Lüsewitz, 16.06.2017)

Roschanski, A.M.: Frühjahrswachstum und Phänologie von natürlichen *Lolium perenne* Populationen unter kontrastierenden Versuchsfeldbedingungen; erste Ergebnisse aus „GrassLandscape“ (Vortrag GFPI-Sommertagung Futterpflanzen, Lindhöft/Kiel, 25.04.2017)

Roschanski A.M.: Patterns of spring growth and phenology in natural populations of *Lolium perenne* under contrasting field conditions (Vortrag Joint meeting of EUCARPIA Fodder Crops and Amenity Grasses Section and Protein Crops Working Group of EUCARPIA Oil and Protein Crops Section, Vilnius, 11.09.2017)

Publikationen in wissenschaftlichen Fachzeitschriften sind in Planung, bisher aber noch nicht eingereicht.