

Gefördert durch:



aufgrund eines Beschlusses
des Deutschen Bundestages

Schlussbericht zum Thema

“Züchtung und Agronomie neuartiger, Vicin-armer Ackerbohnen und Einsatz als einheimisches Eiweißfutter“

FKZ: 2815EPS004, 063, 064, 065 & 066

Projektnehmer: Georg-August-Universität Göttingen, Friedrich-Loeffler-Institut
Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit, Hochschule für Technik und Wirtschaft
Dresden (FH), Universität Hohenheim, RLP AgroScience GmbH

Gefördert durch das Bundesministerium für Ernährung und Landwirtschaft auf
Grund eines Beschlusses des Deutschen Bundestages im Rahmen der BMEL
Eiweißpflanzenstrategie.

Dienstag, 9. Februar 2021

apl. Prof. Dr. Wolfgang Link, MSc Rebecca Tacke; Carl-Sprengel 1 DNPW Göttingen

Zuwendungsempfänger: Georg-August-Universität Göttingen

Förderkennzeichen: 2815EPS004

Vorhabenbezeichnung: Züchtung und Agronomie neuartiger, Vicin-arter Ackerbohnen und Einsatz als einheimisches Eiweißfutter

Laufzeit:

1. 2. 2017 – 31. 7. 2020

Berichtszeitraum:

1. 2. 2017 – 31. 7. 2020

SCHLUSSBERICHT

Wir berichten hier über die Aufgaben 2.3, 5.1, 5.2 und 6; und - als Koordinator - über das gesamte Projekt.

Gefördert durch:



Bundesministerium für Ernährung und Landwirtschaft



Projektträger Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung

aufgrund eines Beschlusses des Deutschen Bundestages

Übersicht des zeitlichen Ablaufes und Aufteilung der Aufgaben auf die Projektpartner

Durchführende(r)	Aufgabe	Projektjahr 2017 (Feb. - Dez.)	Projektjahr 2018 (Jan. - Dez.)	(Jan.19 - Juli 21)					
Schmidtke	1	+	+	+	+		+		
	2.1	+	+	+	+				
	2.2	+	+	+		+	+	+	+
Schmidtke, Vogt-Kaute, Link	2.3	+	+	+	+	+	+	+	
	3.1				+	+	+	+	+
	3.2					+	+	+	+
Link, Sass	4				+	+	+	+	+
	5.1	+	+	+		+	+	+	+
	5.2	+	+	+	+	+	+	+	+
Krczal/Höfer	6.1	+	+	+	+				
Link Krczal/Höfer	6.2	+	+	+	+	+	+	+	
	6.3					+	+	+	+
Krczal/Höfer	6.4								+
	6.5								+
Rodehutscord	7.1			+	+	+	+		
	7.2					+	+	+	
Halle	8.1						+	+	
	8.2							+	+
Rodehutscord & Halle	9							+	+
Alle Partner	10							+	+

Abschlussbericht Punkt I

DARSTELLUNG DER AUFGABENSTELLUNG, PLANUNG UND ABLAUF, STAND DER FORSCHUNG, RESULTATE, ZUSAMMENARBEIT

1. Die Aufgabenstellung wird hier für die Göttinger Aufgaben des Abo-Vici-Projektes, das sind die Aufgaben 2.3, Aufgabe 5 und Aufgabe 6, einzeln gegeben (s. unten folgend).
2. Die Voraussetzungen, unter denen das Vorhaben durchgeführt wurde, haben sich gegenüber dem Stand zu Projektbeginn durch die Verlängerung der Projektlaufzeit, durch ein unterschiedliches Projekt-Ende bei den Partnern und durch die notwendigen Reaktionen auf die Restriktionen wegen der Corona-Pandemie geändert. Trotzdem waren die Voraussetzungen und Bedingungen bei allen Projektpartnern stets gut und alle Projektpartner kooperierten sehr gut und konnten ihre Aufgaben erfolgreich durchführen. Auf während der Projektlaufzeit entstandene wissenschaftliche Fortschritte außerhalb des Projektes wird weiter unten separat eingegangen.
3. Planung und Ablauf des Vorhabens

Aufgabe 2.3 (Experimente am Standort Göttingen) als Teil der Aufgabe 2: Effekt des Gehaltes von V+C auf Keimlingsresistenz und Bestandes-Etablierung

Eine uneingeschränkte Futtermittelverwertung von Ackerbohnen wird die Bedeutung und die Anbaufläche der Ackerbohnen erhöhen. Um diese Zuchtziele zu verfolgen sollte festgestellt werden, ob eine Vicin- und Convicin (VC)-Armut der Samen über die erwartbare (pleiotrope) Änderung des Gehaltes in anderen Pflanzenteilen wie der Wurzel Nachteile für den Pflanzenbestand im Feld hat. Dabei wird besonderes Augenmerk auf die denkbare Wirkung auf phytopathogene, bodenbürtige Pilze gelegt.

Der sog. Diversitätssatz 2 (N=14 Genotypen, u.a. VC hoch, VC niedrig, Winterackerbohnen-typen, Sommerackerbohnen-typen) wurde über drei Jahre (2017, 2018, 2019) an drei Stand-orten (Göttingen, Dresden, Wartmannsroth) auf sog. leguminosenmüden Böden angebaut, agronomische Daten wurden erhoben und bezüglich der Aufgabenstellung analysiert. Hier berichten wir über die Ergebnisse aus Feldversuchen in Göttingen.

Wissenschaftlicher und technischer Stand, an den angeknüpft wurde

Die Ackerbohne in ihrem „ursprünglichen“ Zustand (tanninhaltig und VC reich; sog. Wildtyp) ist in deutlich geringerem Maße von bodenbürtigen Erregern betroffen als z.B. die moderne Erbse (tannin- und VC-frei). Besonders die Tanningehalte der (Saat-)Samenschale, eventuell aber auch die VC Gehalte der Wurzel wirken hier einem Befall entgegen. In vorhergegan-genen Studien konnte ein fungizider Effekt von VC auf Pilzkrankheiten der Ackerbohne festge-stellt werden, wie zum Beispiel auf Grauschimmelfäule (*Botrytis cinerea*) und die Brenn-fleckenkrankheit (*Ascochyta fabae*; Bjerg, et al. 1984). Diese fungistatische Wirkung von VC

könnte sich als relevant erweisen (Pavlik et al. 2002), sollte VC gänzlich oder zum Großteil aus den Ackerbohnen herausgezüchtet werden. Bisher gibt es jedoch keine eindeutigen Hinweise auf Nachteile einer VC-Armut in Ackerbohnen.

Material und Methoden

Der Versuch wurde auf dem Reinshof (Lehr- und Versuchsstation Reinshof, Göttingen) durchgeführt. Es wurde eine Versuchsfläche für den Versuch gewählt, auf der über vier vorauslaufende Jahre ausschließlich Winterackerbohnen als Monokultur angebaut waren. Dies führte zu einer Anreicherung von Phytopathogenen im Boden, die speziell Leguminosen befallen (sogenannter „leguminosenmüder Boden“). Die Leguminosenmüdigkeit dieser Fläche konnte in der vorauslaufenden Monokultur als Wuchsdepression der Ackerbohnen erkannt werden (Daten nicht publiziert).

Für diesen sogenannten Leguminosenmüdigkeitsversuch wurden 14 Prüfglieder angebaut (Tab. 1). Besonders zu erwähnen sind die vier Genotypen der sog. „isogenen Familien“ (IF). Das sind „IF1“ (Linie Hiverna/2) und „IF2-4“ (Rückkreuzungen mit Linie Hiverna/2 und (vc⁻) - Donor-Genotyp Mélodie/2) sowie „IF5“ und „IF6“, letztere aus Material, das von der NPZ Lembke KG bereitgestellt wurde. Diese bilden zwei Pärchen („IF1 & IF2-4“ sowie „IF5 & IF6“); „IF1 & IF2-4“ bzw. „IF5 & IF6“ sind jeweils genetisch sehr ähnlich, sind aber für ihren VC-Gehalt unterschieden, sodass mögliche Unterschiede zwischen den Partnern eines Pärchens ganz überwiegend auf den unterschiedlichen VC-Gehalt und seine Wirkungen und Begleiterscheinungen zurückzuführen sein sollten.

Tabelle 1. Prüfglieder des Leguminosenmüdigkeitsversuches. Der VC-Status des Prüfgliedes (% in Samentrockenmasse; niedrig in grün unterlegt) wurde zu Beginn des Versuches 2017 mit HPLC bestimmt.

Prüfglied	Genotyp	VC-Status	Tanninstatus	Art bzw. Typ
IF1	Hiverna/2	0,39	+	Winterbohne
IF2-4	BC1 (F4)	0,03	+	
IF5	NPZ 14.8099 high	0,34	+	Sommerbohne
IF6	NPZ 14.8099 low	0,02	+	
SB1	Fuego	0,38	+	
SB2	Tiffany	0,09	+	Sommererbse
SB3	Mélodie/2	0,02	+	
WB1	Wab98_98-3	0,52	+	Winterbohne
WB2	S_016	0,47	+	
WB3	S_054	0,48	+	
WB4	S_175	0,36	+	
SE	Navarro	0,00	-	Sommererbse
Tf1	Taifun	0,35	-	Sommerbohne
Tf2	Tattoo	0,37	-	

Das ist ein wesentlicher Vorteil zu den sonst üblichen Vergleichen von hoch- und niedrig VC Genotypen, die sich auch in sonstigen relevanten Eigenschaften unterscheiden mögen. Der

Nachteil ist, dass dieses spezielle Material erst für diese Zwecke aufwendig gezüchtet werden musste. Unter den 14 Prüfgliedern ist außerdem eine Erbse (Navarro); diese wurde hinzugefügt, um eine gänzlich VC-freie Kontrolle in diesem leguminosenmüden Provokationsfeld zu haben. Für weitere Informationen zu den Prüfgliedern siehe die Vorhabensbeschreibung (Projektantrag, 2017). Diese 14 Prüfglieder wurden über drei Jahre in insgesamt fünf Wiederholungen angebaut. Innerhalb der Wiederholungen wurden die Winterackerbohnen von Sommerackerbohrentypen durch Pufferreihen getrennt, da durch die unterschiedlichen Vegetationsperioden die Genotypen sich sonst im Sinne von Konkurrenzeffekten stark beeinflusst hätten. Die Parzellengröße verdoppelte sich von Jahr zu Jahr, da zu Beginn des Versuches erst noch wenig Saatgut unserer selbstgezüchteten Genotypen vorhanden war. Die Pflanzen wurden regelmäßig auf ihre Entwicklung per BBCH-Stadien bonitiert. Jeweils einmal während jeder Saison wurden Wurzelbonituren durchgeführt, bei denen von ausgewählten Genotypen (fünf Sommerbohnenprüfglieder: Tf2, IF6, SB2, SB1, IF5; die Sommererbse und zwei Winterbohnenprüfglieder: IF1, WB2; s. Tab. 1) Einzelpflanzen vor dem Erntetermin entnommen wurden, um noch vor der Totreife deren Wurzeln untersuchen zu können. Bonitiert wurden dabei jeweils äußere Läsionen an der Wurzel und am unteren Stängelbereich (pauschaler Befall mit Pathogenen ohne weitere Differenzierung). Zusätzlich wurden diese Wurzeln in der Abteilung für Pflanzenpathologie der Universität Göttingen von Dr. A. Mavridis (<http://www.plantprotect.de/index.htm>) auf phytopathologische Organismen detailliert untersucht. Nach der Ernte wurde der Kornertrag der Prüfglieder bestimmt.

Darstellung der Ergebnisse und Diskussion

Über die drei Jahre 2017-2019 wurden im Rahmen von Abo-Vici drei Bachelorarbeiten durchgeführt; von zwei Bachelorstudentinnen (Christine Boldischar und Manuela Baxmann) und einem Bachelorstudenten (Christian Flügge). Diese Arbeiten sind auf Anfrage in der Abteilung Zuchtmethodik des DNPW der Universität Göttingen einzusehen. Die Resultate werden hier knapp und zusammenfassend dargestellt (der Bericht zu Aufgabe 2 inklusive der Ergebnisse der weiteren Versuchsstandorte ist Teil der Berichte und Publikationen der Gruppe Schmidtke, Dresden). Wie erwartet waren die Winterackerbohnen den Sommerbohnen in der Entwicklung deutlich voraus. Innerhalb der Sommer- und Winterackerbohnen fanden sich zwischen den Prüfgliedern jedoch keine über die Jahre signifikanten Unterschiede im Zeitpunkt des Erreichens von Entwicklungsstadien, somit liegt eine gute Vergleichbarkeit vor. Wurzeln der acht genannten Prüfglieder wurden auf Wurzelläsionen (hervorgerufen durch bodenbürtige Pathogene) bonitiert. Über die drei Versuchsjahre konnte kein signifikanter Einfluss des VC-Status auf den Befall der Wurzeln durch Pathogene festgestellt werden. Wurzeln von VC-armen wie VC-reichen Typen werden gleichermaßen befallen, wie exemplarisch in Flügges Abbildung (Abb. 1, Flügge, 2018; APS=9 bedeutet max. Befall) zu erkennen ist. Zu erwähnen ist, dass Winterackerbohnen einem höheren Befall durch bodenbürtige Pa-

thogene ausgesetzt zu sein scheinen als Sommerackerbohnen. Da jedoch die Winterackerbohnen zum gleichen Zeitpunkt ein weiter fortgeschrittenes Entwicklungsstadium aufweisen als Sommerackerbohnen, ist es naheliegend, dass der höhere Befall eher auf das vergleichbar ‚spätere‘ Entwicklungsstadium und damit auf eine schon beginnende Abreife der Winterbohnen-Pflanzen zurückzuführen ist (beginnende Verrottung der Wurzeln).

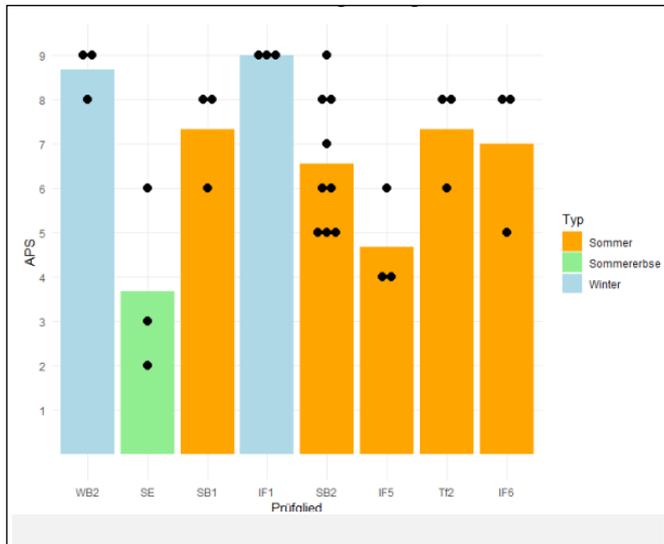


Abb. 1: Ausprägungsstufe (APS) des Merkmals Läsionen an der Wurzeloberfläche. Niedrig VC sind SB2, IF6. Geändert nach Flügge 2018, siehe auch Zwischenbericht 2018.

Die Untersuchungen durch A. Mavri-dis unterstützten die durch die Bonituren gewonnenen Erkenntnisse. Die Pathogene, die auf den Wurzeln in größerem Umfang gefunden werden konnten, waren *Fusarium* spp., *Alternaria* spp., *Cephalo* spp. und *Phoma* spp. Diese Pathogene waren in allen untersuchten Prüfgliedern zu finden und zeigten hier keine signifikanten Unterschiede bezüglich des VC-Status der Ackerbohnen. Hier gab es auch zwischen Winter- und Sommerackerbohnen keine signifikanten Unterschiede.

Generell war bei den Erträgen zu beobachten, dass Winterackerbohnen-Prüfglieder höhere Erträge erbrachten als Sommerackerbohnen. Eine Ausnahme stellte hier das erste Jahr, 2017, dar. Hier lagen die niedrigeren Erträge der Winterackerbohnen jedoch vermutlich in ihrer sehr späten Aussaatzeit begründet, wodurch die Winter-Prüfglieder nicht optimal entwickelt waren.

Exemplarisch ist hier das Resultat aus 2018 (Abb. 2, vgl. Flügge, 2018) gegeben. Die VC-armen Prüfglieder wiesen in der Analyse über die drei Versuchsjahre hinweg keine signifikanten Unterschiede zu VC-reichen Prüfgliedern auf. Frau Baxmann untersuchte diesen Sachverhalt in ihrer Bachelorarbeit von 2019 im Detail, am Beispiel der beiden isogenen Paare IF1 und IF2-4 sowie IF5 und IF6. Sie konnte keinen signifikanten Unterschied in den Erträgen dieser beiden Pärchen feststellen. Da IF1 und IF2-4 sowie IF5 und IF6 genetisch sehr ähnlich zueinander sind, kann geschlossen werden, dass ein niedriger VC-Gehalt keinen negativen Einfluss auf die Erträge der Ackerbohnen hat. Diese Befunde müssen mit den Ergebnissen zum Effekt des unterschiedlichen VC-Status von Ackerbohnen auf ihren VC-Gehalt insbesondere in den Wurzeln abgeglichen werden (Aufgabe 2.1).

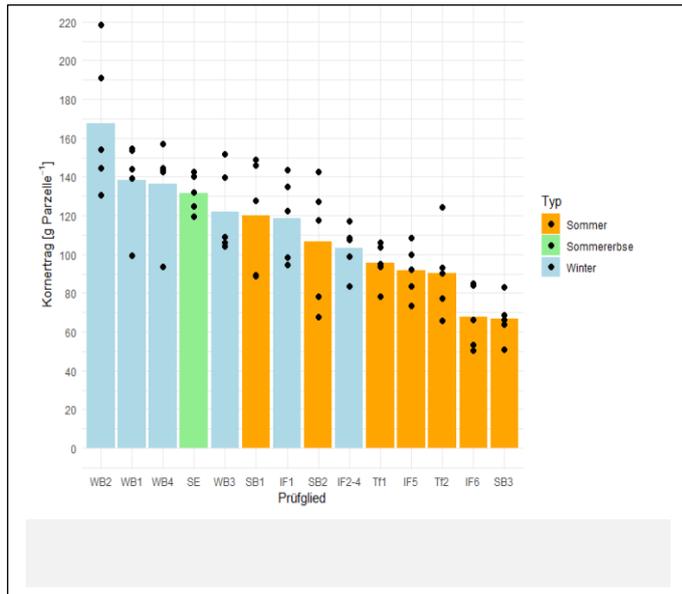


Abb. 2: Kornträge der Prüfglieder (Gramm pro Parzelle). Sommer- und Wintertypen sowie die Sommererbse sind farblich gekennzeichnet. VC-arm sind SB2, IF6, SB3. Die Höhe der Säulen gibt das arithmetische Mittel wieder (geändert nach Flügge, 2018).

finden (<https://www.uni-goettingen.de/de/abo-vici-projekt/559637.html>). Eine detaillierte Aufarbeitung der Ergebnisse dieses Projektteiles am Versuchsstandort Göttingen wird in der Dissertation der Doktorandin Rebecca Tacke zu finden sein, welche voraussichtlich 2021 in Göttingen publiziert wird.

Aufgabe 5 NIRS Kalibration, Züchtung einer V+C-armen Winterackerbohne

Bisher gab es noch keine Kombination der Eigenschaft „Winterackerbohne“ mit dem Qualitätsaspekt „VC-Armut“. Das Ziel dieses Projektteiles war es zum einen, die Zucht einer VC-armen Winterackerbohnenart durch die Erstellung einer praxistauglichen NIRS (Nah-Infrarot-Spektroskopie) Kalibration für VC zu erleichtern (Teilaufgabe 5.1). Zum anderen sollte die Zucht einer solchen Winterackerbohnenart direkt begonnen werden (Teilaufgabe 5.2). Die praxistaugliche NIRS Kalibration für VC sollte im ersten Projektjahr erstellt werden. Die Kalibration sollte dann in der Züchtung zum Einsatz kommen. Für die Züchtung der VC-armen Winterackerbohnenart sollten außerdem die Ergebnisse der Markerentwicklung (Aufgabe 6) benutzt werden und die HPLC Evaluationen des Zuchtmaterials auf seinen VC-Status. Das VC-arme Winterackerbohnenmaterial sollte dabei weiterentwickelt und im Feld geprüft werden (in Kooperation mit der NPZ Lembke KG).

Die Ergebnisse des Versuches legen nahe, dass der VC-Status keinen signifikanten und keinen über Jahre konsistenten Einfluss auf Pflanzenentwicklung, Befall mit bodenbürtigen Pathogen sowie Korntrag hat. Der Zucht und Agronomie einer VC-armen Winterackerbohnenart sollte somit nichts im Weg stehen.

Präsentationen für mögliche Nutzer

Die Ergebnisse dieses Versuchsteils werden gemeinsam mit den Ergebnissen der anderen Versuchsstandorte im Abschlussbericht der Universität Dresden besprochen. Zudem sind Ergebnisse und Updates auf der Homepage des Projektes Abo-Vici zu

Wissenschaftlicher und technischer Stand, an den angeknüpft wurde:

Ackerbohnsorten sind zumeist synthetische Sorten, die aus mehreren Linien zusammengesetzt werden (Link 1990). Synthetische Sorten zeichnen sich durch Heterosis für wichtige agronomische Merkmale aus. Das Ziel dieser Aufgabe war es daher, mehrere winterharte und zugleich VC-arme Linien zu züchten, die sich zu einem Synthetik sinnvoll kombinieren lassen.

Um die Züchtung zu vereinfachen, sind Schnelltests hilfreich. Für VC existieren die Testmethoden mit HPLC sowie ein UV-basiertes Verfahren (Sixdenier et al., 1996). Zum Zeitpunkt des Projektbeginns waren bereits einige Vorarbeiten zu einer NIRS-basierten Kalibration für den VC-Gehalt durchgeführt worden (Link 2016, unpubliziert; Puspitasari, 2016). An diese Vorarbeiten wurde hier angeknüpft.

Arbeiten und Ergebnisse zu 5.1:

Der Projektteil 5.1 wurde 2018 planmäßig beendet. Zur Praxistauglichkeit einer NIRS Kalibration für VC-Werte informiert die Masterarbeit von Björn Allemann. Allemann (2019) erweiterte die Datenlage der Kalibration von Puspitasari (2016) um Daten von insgesamt 274 Genotypen. Darunter sind 200 Genotypen des sog. A-Satzes der Göttinger Winter-Ackerbohnenpopulation (A-Satz) und 11 Begründerlinien dieser Population (s. Ali et al., 2016). Aus dem o.g. Leguminosenmüdigkeitsversuch (2.3) stammen VC-Resultate von weiteren 38 Genotypen; 36 weitere Genotypen mit VC-Werten stammen aus Rückkreuzungen zwischen der VC-armen Sommerbohnenlinie Mélodie/2 und der VC-reichen Winterbohnenlinie Hiverna/2, welche für Aufgabe 3.2 durchgeführt wurden. Erntegut aller zusätzlichen Genotypen kam aus den Anbauumwelten der Jahre 2017 und 2018. Die Referenzdaten zu den VC-Gehalten der Genotypen wurden beim National Institute of Agricultural Botany (NIAB) in Großbritannien durch HPLC ermittelt. Einige Daten wurden außerdem in Kanada mit der HILIC-HPLC erfasst (Purves et al., 2017). Allemann (2019) kam zu dem Ergebnis, dass die erreichte Genauigkeit nicht für eine sichere Vorhersage ausreicht. Somit wurde die NIRS-basierte Vorhersage nur als begleitende Methode empfohlen, und die Züchtungsarbeit von Abo-Vici basierte dann im Wesentlichen weiterhin auf der HPLC beim NIAB Institut sowie der modifizierten, bei der NPZ etablierte Methode des UV-Tests (Sixdenier et al., 1996). Mit dieser Methode wurden zusätzlich zu den Analysen für züchterische Zwecke über 400 Proben untersucht, die für die Aufgabe 6 benutzt wurden. Die Arbeiten zur NIRS-gestützten Vorhersagen von VC im Samen wurden fortgesetzt, die aktuelle NIRS-Kalibration ist deutlich verbessert, und für 2021 ist eine Publikation in Vorbereitung (Puspitasari et al., 2021).

Arbeiten und Ergebnisse zu 5.2:

Das Abo-Vici Zuchtprogramm für eine winterharte VC-arme Ackerbohnsorte nutzte Material, welches auf erste Züchtungsaktivitäten in Göttingen im Jahr 2006 zurückgeht: Kreuzung der Linien Hiverna/2 und Mélodie/2. Hiverna/2 ist eine Linie aus der alten, winterharten Sorte

Hiverna und ist VC-reich (siehe Tacke et al. 2021, in Vorbereitung; als Anlage beigefügt). Mélodie/2 wurde als Linie aus der genetisch VC-armen Sommerackerbohnenart Mélodie gezüchtet. Die Rückkreuzungen zu Hiverna/2 als rekurrentem Elter bis zur Generation BC₂F₃ wurden über Selektion anhand der Nabelfarbe als morphologischen Marker durchgeführt (Nabelfarbe schwarz vs. weiss ist als monogene Eigenschaft ist mit 5-10 cM mit dem Locus des Major-Gen „vc-“ für niedrig-VC gekoppelt; e.g. Khazaei et al., 2015; die Nabelfarbe am Samen wird erst bei Samenreife sichtbar und charakterisiert die Mutterpflanze der Samen). Ab Generation BC₃F₂ wurde in Abo-Vici die Selektion durch HPLC Ergebnisse unterstützt. Ab dieser Generation wurde zudem die SNP-Marker-gestützte Selektion durchgeführt (Khazaei et al., 2015; Webb *et al.* 2015). Ab 2018 wurden dann SNP Marker (per KASP-Analysen) verwendet, welche aus den Abo-Vici-Transkriptomanalysen (Aufgabe 6) entwickelt wurden (Tacke et al. 2021). Zudem wurde die genetische Breite des Abo-Vici- Zuchtprogrammes erweitert: Kreuzungen mit vier weiteren, winterharten Winterackerbohnen-Linien (S_062, S_300, S_306 and S_340) wurden durchgeführt. Diese Kreuzungen wurden bis ins Jahr 2020 und damit zur Rückkreuzungsgeneration BC₄F₄ gebracht. Aus diesem Material wurden vier Sub-Linien ausgewählt (Tab. 2), welche im Oktober 2019 in Göttingen in Freilandisolation als Generation Syn-0 angebaut wurden (Abb. 3). Das Erntegut des Syn-0 wurde im Jahr 2020 als Syn-1 weitervermehrt und bildet eine neue, experimentelle niedrig-VC Populationssorte und ebenso einen entsprechenden züchterischen Genpool für die weitere züchterische Auslese (Tacke et al. 2021).

Um zu testen, ob die VC-armen Linien Nachteile gegenüber den VC-reichen Linien im Feld aufweisen, wurden 2019 Feldversuche in Göttingen sowie in Hohenlieth durchgeführt. BC₁F₆-Linien wurden dazu je einmal als VC-reiche und einmal als VC-arme Mischung angebaut, ebenso die Generation BC₂F₃ und BC₃F₃. Im Mittel wiesen die VC-armen Genotypen einen Ertrag von 30,15 dt/ha auf, während die VC-reichen Typen einen Mittelwert von 31,89 dt/ha hatten.

Tabelle 2. Vier genetisch VC-arme Komponenten von Winterackerbohnen, welche zum Aufbau eines VC-armen, winterharten Syn-0 benutzt wurden (geändert nach Tacke et al., 2021)

Feldnummer 2019	Rückkreuzungsgeneration	Pedigree
F19_[622-631]	BC4F4	BC4F4(S_062 * BC3F2(Hiv/2 * Mél/2))
F19_[633-638]	BC4F4	BC4F4(S_300 * BC3F2(Hiv/2 * Mél/2))
F19_[675-698]	BC4F4	BC3F4(S_306 * BC2F2(Hiv/2 * Mél/2))
F19_[702-720]	BC3F4	BC3F4(S_340 * BC2F2(Hiv/2 * Mél/2))

Der Unterschied fiel zwar ungünstig für die VC-armen Typen aus, war aber sehr klein und statistisch nicht signifikant. Außerdem kann angenommen werden, dass der Anteil an Sommerackerbohnen-Genen in den niedrig-VC Typen um einen geringen Anteil höher lag als in den hoch-VC-Typen („linkage drag“), was durch die Herbstsaat einen kleinen Nachteil der niedrig-VC-Typen erklären würde (der im weiteren Verlauf der Rückkreuzung und Züchtung weiter verkleinert wird). Insgesamt schließen wir auch aus diesen Experimenten, dass die VC-armen Linien keinen durch ihren VC-Status vermittelten Nachteil im Feldversuch gegen-



Abbildung 3. Versuchsparzelle in Freiland-Isolierlage zwischen Reinshof (Göttingen) und Niedernjesa am 23. Juni 2020 (Syn-0, VC-arme Winterackerbohnen-Linien aus Rückkreuzungsarbeit)

über den VC-reichen Linien hatten.

Präsentationen für mögliche Nutzer

Einige der beschriebenen Ergebnisse aus Aufgabenteil 5.1 sind nachzulesen in der Masterarbeit von 2019 (Allemann, 2019), auf Anfrage in der Abteilung Pflanzenzucht der Universität Göttingen einzusehen. Für 2021 ist eine Publikation zu diesem Thema in Vorbereitung (Puspi-

tasari et al. 2021).

Die Ergebnisse aus Aufgabenteil 5.2 werden Teil des genannten Manuskriptes von Tacke et al. (2021) sein, welches im Februar 2021 beim Journal ‚Plant Breeding‘ eingereicht werden soll (als Bestandteil der Dissertation R. Tacke in Göttingen).

Aufgabe 6 Feinkartierung und Lokalisation des VC-Locus

Um eine Züchtung von VC-armen Ackerbohnenlinien zu beschleunigen und zu erleichtern und um das (oder die) relevanten Gene zu identifizieren und auch um ein Verständnis des Biosynthesewegs von VC zu gewinnen, sollte die chromosomale Lokalisation des VC-Locus bestimmt, die Lage maximal eingengt werden und das Gen vc^- „gefunden“ werden. Maximal eng an den VC-Locus gekoppelte Marker, die hier gesucht wurden, dienen diesen Zielen. Es wurden hierzu Transkriptomanalysen mit zwei hoch-isogenen Pärchen von Ackerbohnen-Linien durchgeführt (siehe oben; je ein VC-hoher, das heißt normal-Typ, und ein VC-armer Genotyp). Diese Pärchen gingen jeweils aus dem F_5 -Individuum einer Ursprungskreuzung zwischen einem VC-hohen und einem VC-armen Elter hervor (nicht verwechseln mit IF1 und IF2-4). Insgesamt gab es zwei Ursprungskreuzungen (Kreuzung 1 und Kreuzung 2). Die mRNA wurde aus den unreifen Samenschalen (Samen aus kontrollierter Selbstbefruch-

tung) geerntet; die Literatur-gestützte Annahme ist, dass die Biochemie in diesem Gewebe für die Variation des VC-Gehaltes in den Keimblättern (also den Samen) kausal zuständig ist. Aus der Gen-Expression und aus Sequenzvergleichen sollten dann polymorphe und differentiell exprimierte SNPs abgeleitet werden, welche für die Erstellung genetischer Kartenfragmente und zudem für die Marker-gestützte Selektion verwendet werden konnten. Des Weiteren sollten diese Analysen in Kooperation mit der Gruppe Höfer und Krczal (ALPlanta) mögliche Kandidatengene liefern, welche in der Folge auf ihre mögliche Funktion in der VC Biosynthese hin analysiert werden sollten.

Wissenschaftlicher und technischer Stand, an den angeknüpft wurde:

Eine detaillierte Beschreibung des wissenschaftlichen und technischen Standes der Forschung findet sich in Tacke et al. 2021 (diesem Bericht beigelegt). Generell sind Werkzeuge für eine genomische Analyse der Ackerbohne nicht ausreichend verfügbar (Annicchiarico et al. 2017; Tacke et al. 2021), da z.B. die Sequenz des Ackerbohnen-genoms mit seinen 13 Gb noch nicht entschlüsselt ist. Das macht es nötig, behelfsmäßig die hohe Syntenie der Ackerbohne mit schon sequenzierten Arten wie *Medicago truncatula* (*M.t.*) und *Cicer arietinum* (*C.a.*) für genomische Analysen zu nutzen (O'Sullivan and Angra 2016). Dies war auch eines der bestimmenden Probleme bzw. ein Problemlösungsweg in unseren Analysen.

In einer vorangegangenen Studie von Khazaei et al. (2015) wurde der VC Locus bereits auf dem ersten, sehr großen Chromosom von *Vicia faba* lokalisiert. Mit dem Locus wurden auch erste DNA-Marker für eine Selektion auf VC-Armut beschrieben, welche jedoch nicht ausreichend eng an das Material gekoppelt sind und nicht in allen Kreuzungen nutzbar sind (Vorhabensbeschreibung 2017, Khazaei et al. 2015). Zusätzlich unternahmen schon 2015 Ray et al. einen Versuch, das *vc*⁻ Gen zu identifizieren und beschrieben sechs RNAseq Contigs, welche differenziell zwischen VC-hohen und VC-niedrigen Genotypen exprimiert waren (Ray et al., 2015).

Darstellung der Ergebnisse und Diskussion

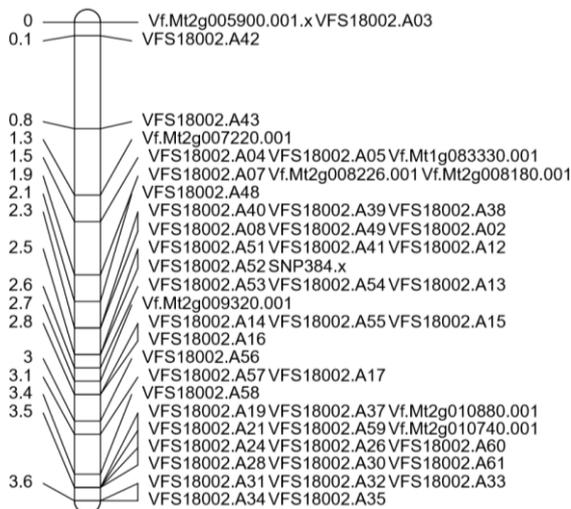
Unsere mRNA Analysen ermöglichten die Entwicklung von insgesamt 58 neuen SNP-Markern, welche im Folgenden für Analysen und genetische Karten verwendet werden konnten (Tab. 3; Tacke et al., 2021.) Die so erhaltenen Marker wurden verwendet, um Kartenfragmente der genetischen Umgebung des VC-Locus zu erstellen (Abb. 4).

Die entstandenen genetischen Kartenfragmente wurden zusammen mit HPLC Ergebnissen für die VC-Werte einiger spezifischer Spaltungs-Nachkommen aus den Kartierung verwendet, um eine manuelle Feinkartierung der Umgebung des VC-Locus vorzunehmen und um so zu schließen, welche der SNP-Marker maximal eng mit dem Merkmal VC gekoppelt sind. Exemplarisch ist dies in Abb. 5 für die Kreuzung 2 zu sehen.

Tabelle 3. **58 SNPMarker aus den mRNA und MACE Analysen** (geändert nach Tacke et al., 2021; aus Kooperation mit Höfer & Krzcal, ALPlanta.)

Filterungsprozess	Marker
33 Marker aus MACE & RNAseq-Daten auf physikalischer Sequenz <i>M.t.</i> kartierbar	VFS18002. A03 bis VFS18002. A35
Sechs Marker aus MACE & RNAseq-Daten <u>nicht</u> auf <i>M.t.</i> kartierbar	VFS18002. A36 bis VFS18002. A41
19 Marker, nur aus der RNAseq Analyse auf physikalischer Sequenz <i>M.t.</i> kartierbar	VFS18002. A42 bis VFS18002. A60

Kreuzung 1



Kreuzung 2

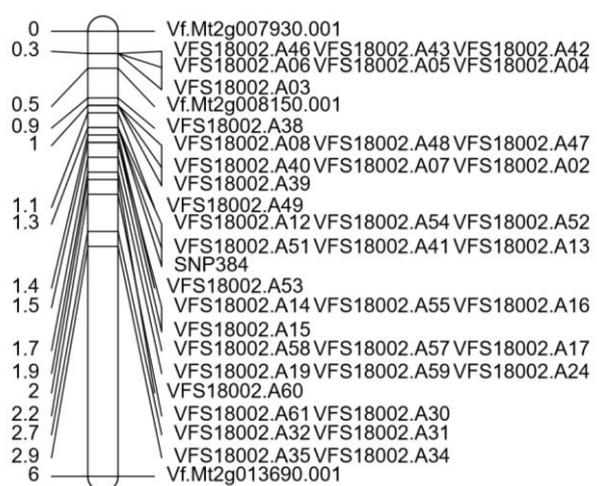


Abb. 4. Genetische Kartenfragmente der Umgebung des VC-Locus für die Kreuzungen 1 und 2 (geändert nach Tacke et al., 2021).

Durch die Feinkartierung war es möglich, den Bereich, in dem das VC-Gen liegt, sehr stark einzugrenzen und entsprechend die Regionen, welche syntänisch zu diesem Bereich in *Medicago truncatula* und *Cicer arietinum* zu finden waren, nach potenziellen Kandidatengenen zu durchsuchen. Wir überprüften die resultierenden 30 Kandidatengene (von einem splicing factor bei 1.771.882 bis zu einem hydroxyproline-rich glycoprotein bei 1.975.139 (Chromosom 2, *Medicago t.*) auf ihre Expressionsmuster sowie ihre Anwesenheit in beiden syntänischen Genomen. M. Höfer (ALPlanta) kam durch sein mehrstufiges Ausschlussverfahren schließlich auf ein sehr hoch wahrscheinliches Kandidatengen, das Gen für RIBA1, das im *Medicago truncatula* Genom auf diesem Chromosom 2 bei 1.848.020 bp beginnt. Es ist dort als Gen für eine 3,4-dihydroxy-2-butanone 4-phosphate synthase‘ annotiert ist, welches eine der beiden enzymatischen Funktionen des bifunktionalen RIBA1 Proteins ist. Das RIBA1 ist

ebenfalls das Gen, das auch von der Gruppe um F. Geu-Flores (Universität Kopenhagen, Abteilung für Pflanzenbiochemie) als Kandidatengen identifizierten (Björnsdotter et al., 2021, unter Begutachtung). Weitere Details dazu in Tacke et al. (2021). Durch unsere Analysen war es zudem möglich, die in Tab. 3 genannten und einige weitere, neue KASP Marker zu entwickeln, welche für Marker-gestützte Selektion in Abo-Vici benutzt wurden und in drei genetischen Hintergründen gut funktionieren. Ein logischer nächster Schritt ist die Überprüfung dieser Marker auf ihre allgemeine Tauglichkeit in weiterem, diversem Zuchtmaterial.

Position im Krtrenfragment (cM)	SNP-Marker	Fünf ausgewählte F2 Individuen (genotypisiert, phänotypisiert)				
		223	589	11	267	443
		VC Phänotyp				
		Gehalt (%) an Vicin & Convicin (TM) per HPLC				
		0,03	0,03	0,32	0,51	0,53
SNP-Marker Genotyp						
0,98	VFS18002.A39	A	A	H	H	B
1,10	VFS18002.A49	A	A	H	H	B
1,26	VFS18002.A51	A	A	H	B	B
1,26	VFS18002.A41	A	A	H	B	B
1,26	VFS18002.A12	A	A	H	B	B
1,26	VFS18002.A52	A	A	H	B	B
1,26	SNP384	A	A	H	B	B
1,26	VFS18002.A54	A	A	H	B	B
1,26	VFS18002.A13	A	A	H	B	B
1,37	VFS18002.A53	A	H	H	B	B
1,49	VFS18002.A14	A	H	H	B	B
1,49	VFS18002.A55	A	H	H	B	B

Abb. 5. Feinkartierung der genetischen Umgebung des VC Locus für Kreuzung 2. Fünf F2-Individuen als spaltende Nachkommen wurden phänotypisiert (siehe deren VC-Gehalte) und genotypisiert (siehe deren Marker Genotyp). Die Marker sind nach ihren Kopplungspositionen angeordnet. A steht für dasjenige Marker-Allel, wie es beim jeweiligen Markerlocus im VC-armen Elter vorliegt, B für das Marker-Allel, wie es im VC-reichen Elter vorliegt, H steht für Heterozygotie. Die farblich markierten Marker VFS18002.A49 und VFS18002.A53 kennzeichnen cM-Positionen der Karte, an denen auf ein meiotisches Cross-Over geschlossen werden kann. Diese Feinkartierung mit diesen beiden markierten cM-Position definiert damit den chromosomalen Bereich, in dem das VC-Gen liegen sollte, auf den Bereich zwischen diesen beiden Markern, zwischen 1,10cM und 1,37cM.

Präsentationen für mögliche Nutzer

Die beschriebenen Ergebnisse werden in dem bereits referenzierten Paper Tacke et al. (2021), welches im Februar im Journal ‚Plant Breeding‘ eingereicht wird, vorgestellt. Zudem sind die Ergebnisse und Fortschrittsberichte der letzten drei Jahre auf der Website des Abo-Vici-Projektes, <https://www.uni-goettingen.de/de/abo-vici-projekt/559637.html>, zu finden. Dort finden sich auch Poster, welche vom der Göttinger Abo-Vici-Team im Laufe des Projektes auf verschiedenen wissenschaftlichen Konferenzen vorgestellt wurden.

4. Der Wissenschaftliche und technische Stand wird oben jeweils in den einzelnen Teilaufgaben dargestellt.

5. Zusammenarbeit mit anderen Stellen.

Alle Resultate standen zeitnah über Werner Vogt-Kaute (Naturland-Berater; www.demoneterbo.agrarpraxisforschung.de) dem ‚Demonstrationsnetz Erbse Ackerbohne‘ (www.demoneterbo.agrarpraxisforschung.de) zur Verfügung. Vogt-Kaute kooperierte in unserem Projekt zum Thema Pflanzenbau mit Schmidtke (Dresden) und hat darüber die Einbindung unserer Abo-Vici Resultate in die Arbeit des Demonstrationsnetzes realisiert. Siehe zum Beispiel auch www.demoneterbo.agrarpraxisforschung.de/index.php?id=331.

Siehe auch unten, Punkt III, Erfolgskontrollbericht.

Abschlussbericht Punkt II

VERWENDUNG DER ZUWENDUNG, ERREICHUNG DER ZIELE, DAS BUDGET, DIE NOTWENDIGKEIT UND ANGEMESSENHEIT, DER VORAUSSICHTLICHE NUTZEN, DIE VERWERTBARKEIT, DIE PARALLEL BEKANNTGEWORDENEN FORTSCHRITTE BEI ANDEREN STELLEN, VERÖFFENTLICHUNGEN.

1. und 2. Zuwendung

Die Zuwendungen wurden von den Projektpartnern zunächst wie bewilligt und anschließend wie per Fortschreibung der Bewilligung vorgesehen eingesetzt. In Göttingen wurden Personalmitel für Landwirtschaftlich-technische Assistenz eingesetzt und für eine wissenschaftliche Mitarbeiterin (Doktorandin), darüber hinaus für studentischen Hilfskräfte. Diese Mittel wurden durchgehen sparsam eingesetzt, immer wurden zusätzliche Kräfte der Versuchswirtschaften (Lehr- und Versuchsstation Reinshof, Göttingen) für das Abo-Vici Projekt eingesetzt (im Sommer für die Feldversuche, im Winter für die Arbeiten im Gewächshaus, unter anderem als Gießdienst; die Versuchsflächen der Feldversuche und diese zusätzlichen Arbeitskräfte der Versuchswirtschaften wurden dem Abo-Vici Projekt nicht in Rechnung gestellt; seit 2020 verursachen neue Drittmittel-Projekte budgetrelevante Kosten; <https://www.uni-goettingen.de/de/abteilung+eigenbetriebe/7320.html>). Die Unteraufträge für Vicin- und Convicin-Analysen wurden erfolgreich vergeben und erfüllt, ebenso alle molekulargenetischen Analysen. Die phytopathogenen Effekte des leguminosenmüden Bodens wurden dargestellt (M1, M2). Die Möglichkeit, NIRS als Methode für VC-Bestimmung einzusetzen, wurde zum Zeitpunkt von M3 kritisch gesehen, trotzdem werden die relevanten Daten weiter analysiert, das Thema ist noch in Bearbeitung (in Göttingen, außerhalb und im Nachgang des Abo-Vici-Projektes). Die Feinkartierung (M4) konnte mit den geplanten SNP-Markern durchgeführt werden. Die Ackerbohnen als Komponente des Futter (Aufgaben 7 und 8; M5) konnte rechtzeitig zur Verfügung gestellt werden.

3. Notwendigkeit, Angemessenheit.

Notwendigkeit und Angemessenheit der Arbeiten zu bewerten übersteigt unsere Expertise. Aus heutiger Sicht wären Arbeiten über Corona-Viren wichtiger gewesen. Mit dem Ziel, nachhaltige Landwirtschaft zu fördern und den Klimawandel zu bändigen sind wir allerdings weiter von diesem Projekt überzeugt: die Etablierung von VC-armen Winterackerbohnen erhöht den Anbau und die bekannten günstigen Wirkungen von proteinreichen, legumen, einheimischen Eiweißpflanzen (z.B. Köpke and Nemecek, 2010). Im Laufe der Durchführung wurde stets auf die Effizienz, Sparsamkeit, Sinnhaftigkeit und Zielführung aller Schritte geachtet. Die Projektpartner von Abo-Vici konnten trotz der Pandemie und entsprechender Einschränkungen die geplanten Experimente koordiniert und erfolgreich durchführen und die Resultate analysieren.

4. Nutzen, Verwertung

Die Resultate des Abo-Vici Projektes stehen als methodische Erkenntnissen, als Marker-, Sequenz- und Expressionsdaten, und als Saatgut von VC-armen Winterackerbohnen der Forschung, der Saatzuchtwirtschaft und der Landwirtschaft zur Verfügung. Zur Vertiefung und nachhaltigen Verbesserung des Wissenstransfers wurde in der Saison 2018 am Standort Wartmannsroth vom Partner Vogt-Kaute ein Besichtigungstermin der Abo-Vici Ackerbohnen im Feld insbesondere für die ökologische Community durchgeführt und in der Saison 2019 wiederum eine Demonstration des Materials im Feld (Aktivität des Demo-Netztes Erbse Ackerbohne). Im Juni 2019 wurde Abo-Vici von der Gruppe Schmidtke beim Feldtag am Standort Großkragen vorgestellt; acht weitere Vorträge der Gruppe werden im Abschlussbericht aus Dresden gelistet. Der Fortgang des Projektes wurde vom Koordinator mittels einer projektspezifischen Website dokumentiert (<https://www.uni-goettingen.de/de/abo-vici-projekt-30-m%C3%A4rz-2017/559637.html>). Dort werden auch in der Projektlaufzeit auf einschlägigen Konferenzen ausgestellten Posterbeiträge weiterhin nachgehalten. Die durch Abo-Vici ermöglichte und durchgeführte markergestützte Züchtung und Produktion von VC-armen Ackerbohnen wird (neben der Ausbildung von wissenschaftlichem Nachwuchs) die ökonomisch und längerfristig nachhaltigste Maßnahmen gewesen sein, als Aufwertung der Ackerbohnen als Futter für Geflügel und andere monogastrische Tiere.

5. Während der Durchführung des Vorhabens bekannt gewordener Fortschritt

Einer der von Ray et al. (2015) beschriebenen Contigs (s.a. Khazaei et al. 2017), nämlich Contig 4518, wurde während der Projektlaufzeit in derjenigen chromosomalen Region von *Medicago truncatula* gefunden, welche eine hohe Syntänie zu der Region des Ackerbohnen-genoms aufweist, in welcher sich der VC Locus mit hoher Wahrscheinlichkeit befindet. Khazaei et al. (2017) entwickelten daraufhin einen SNP Marker, der eng an den VC Locus gekoppelt war. Zudem veröffentlichte die Gruppe von Geu-Flores (Björnsdotter et al. 2020)

am 27. Februar 2020 einen Preprint auf bioRxiv, welcher sich ebenfalls auf diesen Contig und das damit indizierte Gen RIBA1 bezog (siehe auch den Abschlussbericht von M. Höfer, AIPlanta). Dieser Preprint enthielt Ergebnisse, die darauf schließen ließen, dass das RIBA1 Protein für einen wichtigen Schritt in der VC Biosynthese verantwortlich ist. Um die nach der ersten Einreichung dieses Preprintes in das Journal ‚Nature Plants‘ gestellten Fragen der Reviewer zu beantworten, wurden zentrale Genotypen aus dem Abo-Vici-Projekt re-analysiert und die Daten in dieses Manuskript aufgenommen; W. Link und R. Tacke werden nun entsprechend als Co-Autoren geführt (Björnsdotter et al. 2021, Nature Plants, 2021; unter Begutachtung).

6. Veröffentlichungen, Vorträge, betreute Bachelor- und Masterarbeiten im Abo-Vici Projekt (Göttinger Arbeitsgruppe; die von den Projektpartnern stammenden Veröffentlichungen werden direkt in deren Abschlussberichten aufgeführt).

- Tacke, Link, 2017. Poster, ICLGG, Ungarn. “Towards a localization of the “vc” gene which is responsible for low vicine and convicine content in seeds of faba bean (*Vicia faba* L.) and towards a low vicine and convicine winter faba bean cultivar”.
- Tacke, Angra, O’Sullivan, and Link, 2018. Poster. German Plant Breeding Conference, Deutschland. “High-resolution map fragment of the genomic vicinity of the VC-locus, harbouring a major allele for very low vicine and convicine seed content in seeds of faba bean (*Vicia faba* L.)”.
- Tacke, Höfer, Angra, O’Sullivan, and Link, 2019. Poster. ICLGG, Frankreich. “High-resolution map fragments from three bi-parental crosses to zoom into the genomic vicinity of a known major gene for very low vicine and convicine seed content in faba bean (*Vicia faba* L.)”.
- Tacke, Höfer, Link, 2019. Poster. CiBreed Workshop, Deutschland (Göttingen). “Fine-mapping of a major gene for very low vicine & convicine seed content in faba bean (*Vicia faba* L.)”.
- Halle, Link, 2019. Poster. Öko-Feldtage Kassel-Frankenhausen, Deutschland. „Untersuchungen zum Einfluss eines steigenden Anteils an Winter-Ackerbohnen in der Futtermischung auf Legeleistungsmerkmale und Eiqualität von Legehybriden.“
- Halle, Martsch, Link, 2019. Poster. CiBreed Workshop Göttingen, Deutschland. „Untersuchungen zum Einfluss eines steigenden Anteils an Winter-Ackerbohnen in der Futtermischung auf Legeleistungsmerkmale und Eiqualität von Legehybriden.“
- Tacke, Ecke, Höfer, Link, 2020. Poster, GPZ, Tulln, Österreich. Fine-mapping of two bi-parental crosses to zoom into the genomic vicinity of the major QTL for very low vicine & convicine seed content in faba bean (*Vicia faba* L.).
- Tacke, 2017. Vortrag im Winterseminar der Abteilung Pflanzenzüchtung. „Züchtung und Agronomie neuartiger, Vicin-arter Ackerbohnen und Einsatz als einheimisches Eiweißfutter“
- Tacke, 2018. Vortrag im Winterseminar der Abteilung Pflanzenzüchtung. “vc” gene, where art thou? Towards mapping and localisation of the VC- locus and the identification of “vc” gene.
- Tacke, 2018. Vortrag, Arbeitsgruppe Züchtung der Ackerbohne. “Breeding and agronomy of faba bean cultivars (*Vicia faba* L.) with low vicine and convicin content”.
- Tacke, 2018. Vortrag, AgrarSlam, Universität Göttingen, Deutschland. "Züchtung neuartiger, Vicin-arter Ackerbohnen“.

- Tacke 2019. Vortrag im Winterseminar der Abteilung Pflanzenzüchtung. „Fine-mapping of the vicine and convicine locus in *Vicia faba* L.“
- Tacke 2019. Abo-Vici Projekttreffen. „Vicin- und Convicin-Markeranalysen aus Abo-Vici“
- Tacke, 2020. Vortrag im Winterseminar der Abteilung Züchtungsmethodik der Pflanze. „Is there and what may be the impact of vicine and convicine on soil-borne pathogens?“
- Boldischar, 2017. Bachelorarbeit. Züchterische Untersuchungen über die Wirkung eines Kontrastes im Vicin- und Convicin-Samengehalt von Ackerbohnen auf ihre agronomische Leistung auf einem leguminosenmüden Standort.
- Flügge, 2019. Bachelorarbeit. Leguminosenmüdigkeit: Angewandt-genetischer Vergleich von Ackerbohnen (Wintertyp, Sommertyp) mit hohem bzw. niedrigem Gehalt der antinutritiven Sameninhaltsstoffe Vicin und Convicin.
- Allemann, 2019. Masterarbeit. Erweiterung einer NIRS-Kalibration für Vicin und Convicin im Samen der Ackerbohne (*Vicia faba* L.) und Anwendung für die Qualitätszüchtung.
- Baxmann, 2020. Bachelorarbeit. Leguminosenmüdigkeit: Vergleich von Ackerbohnen (Wintertyp, Sommertyp) mit hohem bzw. niedrigem Gehalt der antinutritiven Sameninhaltsstoffe Vicin und Convicin und besonderer Vergleich von vier Paaren nah-isogener Linien
- Reese, 2020. Bachelorarbeit. HPLC-basierte Analyse von Vicin- und Convicin-Gehalten in der Ackerbohne .
- Pupkes, 2021. Bachelorarbeit. Züchterische Analyse des Befalls von Ackerbohnen (*Vicia faba*) mit dem Bohnenkäfer (*Bruchus rufimanus*) in Abhängigkeit von deren Vicin/Convicin-Status.

Geplante Publikationen / Dissertation in Vorbereitung

- Tacke et al., 2021. *Zooming into the genomic vicinity of the major locus for vicine and convicine in faba bean (Vicia faba L.; in Vorbereitung)*
- Tacke, 2021. *Faba bean (Vicia faba L.) trial addressing the impact of vicine and convicine in roots on soil-borne pathogens (in Vorbereitung)*
- Tacke, 2021. *Inheritance and distribution of vicine and convicine in shoot and root of faba bean (Vicia faba L.; in Vorbereitung)*
- Puspitasari, W., Renner, C., Allemann, C. Purves, R., Tacke, R., Möllers, C., Link, W., 2021: *GWAS of the quantitative genetic variation of seed content of vicine and convicine of German winter faba beans, based on NIRS-predicted phenotypes (in Vorbereitung).*
- Björnsdotter, E., M. Nadzieja, W. Chang, L. Escobar-Herrera, D. Mancinotti, D. Angra, X. Xia, R. Tacke, H. Khazaei, C. Crocoll, A. Vandenberg, W. Link, F.L. Stoddard, D.M. O’Sullivan, J. Stougaard, A.H. Schulman, S.U. Andersen, and F. Geu-Flores, 2021 (under review). *VC1 catalyzes a key step in the biosynthesis of vicine from GTP in faba bean. Nature Plants.*

Abschlussbericht Punkt III

ERFOLGSKONTROLLBERICHT

1. Das Vorhaben entsprach dem Hauptziel der Bekanntmachung Nr. 09/14/31 im Rahmen der BMEL-Eiweißpflanzenstrategie vom 27.03.2015. Eine signifikante „**Ausweitung und Verbesserung des Anbaus und der Verwertung von ... Bohnen ... in Deutschland**“ ...ist zu erwarten, wenn:

- Neue Aufmerksamkeit seitens Erzeuger und Verbraucher auf die Ackerbohne gelenkt wird,
- Ackerbohnen wegen ihres agronomischen Wertes und als hochwertige, problemfreie Futterkomponente gerne nachgefragt werden.

Entsprechend wird die Etablierung von Winter-Ackerbohnen in Deutschland ist als Novum gesehen, um in der Landwirtschaft Aufmerksamkeit und Erwartung zu wecken. Der aktuelle Zuchtfortschritt bei der Winterhärte von Winterbohnen (und der Klimawandel) bereiten heimischen Winterackerbohnen den Weg. Seit 2018 steht die erste neue Winterbohnen-Sorte aus der Forschungskoooperation Göttingen-Hohenlieth der Landwirtschaft zur Verfügung („Augusta“; winterhart, ertragreich, ein VC-haltiger Typ). VC-armes Winterackerbohnenmaterial wurde entsprechend in diesem Projekt entwickelt. Der Züchtungsforschung und der praktischen Züchtung wurden aus Abo-Vici die notwendigen Werkzeuge für eine effiziente Schaffung von weiteren, wiederum verbesserten VC-armen Winterackerbohnen zur Verfügung gestellt.

2. Wissenschaftlich-technische Ergebnisse des Vorhabens

Die wissenschaftlich-technischen Ergebnisse des Vorhabens werden für die in diesem Abschlussbericht fokussierten Aufgaben bei der Darstellung der jeweiligen Aufgaben mitgeteilt, oben, unter Punkt I: „Darstellung der Aufgabenstellung, Planung und Ablauf, Stand der Forschung, Resultate, Zusammenarbeit“, und zwar für die Aufgaben 2.3 und 6 als „Darstellung der Ergebnisse und Diskussion“, für die Aufgaben 5.1 und 5.2 als „Arbeiten und Ergebnisse“.

3. Verwertungsplan

Dem Abo-Vici Projekt steht das Züchterhaus NPZ Lembke KG als Kooperationspartner zur Verfügung, die schnelle Verwertung der Resultate läuft über diesen Partner und vermittelt der NPZ über die GFPi (www.bdp-online.de/de/GFPi). Über das ‚Demonstrationsnetz Erbse Ackerbohne‘ und von dem Naturland-Berater Werner Vogt-Kaute wurde über die neu entstehende niedrig-VC Winterbohnen der ökologischen Landwirtschaft berichtet (siehe auch <https://www.demoneterbo.agrarpraxisforschung.de/index.php?id=331>; „Die Ackerbohne ist eine Widerspenstige“, Interview mit Prof. Dr. Wolfgang Link). Die Verwertung der Resultate über Vorträge und Publikationen und Abschlussarbeiten der Göttinger Gruppe zum Abo-Vici-

Projekt sind oben unter II Punkt 6 aufgeführt. Die Resultate zu Wurzelbonituren können für spezifische Beratungen über Anbaupausen in Ökolandbau genutzt werden.

Da etwa 50% der heimischen Ackerbohnenfläche ökologisch bewirtschaftet wird, ist ein Erfolg der Ackerbohne zugleich von hoher Relevanz für den Öko-Landbau. In Deutschland werden jährlich etwa 2,0 Mio. Tonnen Mischfuttermittel für Legehennen hergestellt. Aus den Arbeiten der Projektpartner Dr. I. Halle (FLI Braunschweig) und Prof. M. Rodehutschord & Dr. W. Siegert, Hohenheim konnte die Einsatzwürdigkeit von VC-armen Ackerbohnen überzeugend demonstriert werden (siehe Abschlussberichte aus Braunschweig und Hohenheim). Wenn zukünftig Ackerbohnen entsprechend im Durchschnitt zu wenigstens 15% im Mischfutter für Legehennen eingesetzt werden, dann wird dies einem Verbrauch für Legehennen in Höhe von 0,3 Mio. Tonnen pro Jahr auslösen (das entspricht einer Ackerbohnenanbaufläche von etwa 75.000 ha; die gesamte aktuelle Fläche beträgt in Deutschland etwa 57.000ha). Die Potenziale beim Mastgeflügel und insbesondere bei Schweinen sind noch größer. Die Verfügbarkeit von VC-armen Winterbohnen in der Praxis des Landbaus ist in voraussichtlich ab drei Jahre nach Projektende (Herbstaats 2023) zu erwarten, bei den Futtermühen und bei den Tierhaltern entsprechend ab Ernte 2024.

Als Anschlussprojekt wurde von W. Link (Göttingen) im November 2020 eine Forschungs-Skizze zur Bekanntmachung der BLE 07/20/33 eingereicht: „Direkt zu Resistenz, Qualität und Ertrag mit Ackerbohnen-Linien; Abo-Direkt“, in der neben Ertrag und Resistenz die hier gewonnenen Erkenntnisse und das Material (unter anderem) im Sinne der ‚Genomischen Selektion‘ eingesetzt werden sollen. Dieses beleuchtet die wissenschaftliche Anschlussfähigkeit des Abo-Vici-Projektes. Die Bedeutung und Anschlussfähigkeit von Abo-Vici wird auch aus der Koautorenschaft von Tacke und Link in der Publikation von Björnsdotter et al., 2021 deutlich (s.o).

Alle im Abo-Vici Projekt erzeugten Erkenntnisse und Daten stehen über die wissenschaftlichen Publikationen der Community frei zur Verfügung.

Verwertungsplan zum Abschlussbericht (Teilprojekt, Göttinger Arbeiten zu Abo-Vici)

FKZ:	2815EPS004
Projekttitel:	Züchtung und Agronomie neuartiger, Vici-arter Ackerbohnen und Einsatz als einheimisches Eiweißfutter

1. Angestrebte Erfindungen/Schutzrechtsanmeldungen und bereits erteilte Schutzrechte		
Lfd. Nr.	Konkrete Verwertung	Zeithorizont
1	Keine	entfällt

2. Wirtschaftliche Erfolgsaussichten nach Projektende		
Lfd. Nr.	Konkrete Verwertung	Zeithorizont
1	Genetisch VC-arter Winterackerbohnen-Synthetik, als Sortenkandidat	Ab Herbstsaat 2023
2	Genetisch VC-arter Winterackerbohnen-Synthetik, als Genpool für Vorlaufzüchtung	Ab Herbsaat 2020
3	SNP-Marker für markergestützte Selektion auf VC-Armut in Winterackerbohnen-Material	Ab 2020
4	SNP-Marker für markergestützte Selektion auf VC-Armut in Ackerbohnen	Ab 2021

3. Wissenschaftliche und/oder technische Erfolgsaussichten nach Projektende		
Lfd. Nr.	Konkrete Verwertung	Zeithorizont
1	SNP-Marker für markergestützte Selektion auf VC-Armut in Winterackerbohnen-Material	Ab 2020
2	SNP-Marker für markergestützte Selektion auf VC-Armut in Ackerbohnen	Ab 2021

4. Wissenschaftliche und wirtschaftliche Anschlussfähigkeit		
Lfd. Nr.	Nächste Phase / nächste Schritte	Zeithorizont
1	Zur Kalibration eines Algorithmus für Genomische Selektion auf VC-Armut. Siehe Forschungsskizze Nov. 2020 aus Göttingen, Akronym „Abo-Direkt“	2022
2	Aufklärung der Genetik des Gens „vc-“, das hier im Fokus steht, und der minor-Gene, die die restlichen 20-30% der genetischen Variation des VC-Gehaltes steuern.	2022
3	Aufklärung pleiotroper Effekte von Genen für VC-Samengehalt auf den VC-Gehalt anderer pflanzlicher Organe und mögliche pleiotrope Wirkungen (wie Pathogenabwehr)	2022

7. Januar 2021
Ort, Datum

Unterschrift: W. Link

4. Arbeiten, die zu keiner Lösung geführt haben

Die Erarbeitung einer NIRS-basierten Kalibrationsgleichung, mit NIRS als Schnellmethode zur Phänotypisierung des VC-Gehaltes, ist noch nicht abgeschlossen. Aktuell werden die Abo-Vici-Resultate mit denen des Projektes PorReE (<https://www.uni-goettingen.de/de/porree+workshop/622533.html>) für dieses Ziel zusammengeführt. Eine Publikation hierzu ist in Vorbereitung (Puspitasari et al., 2021).

5. Präsentationsmöglichkeiten für mögliche Nutzer

Auch nach Projektende von Abo-Vici sollen außer der Abo-Vici-Homepage (www.uni-goettingen.de/de/abo-vici-projekt.html) auch folgende Plattformen zur Präsentation der Resultate für mögliche Nutzer bedient werden: GPZ, GFPi, GPB, DLG, VDLUFA, www.oekolandbau.de.

6 Einhaltung der Kosten- und Zeitplanung.

Der mehrfach im Verlauf des Projektes angepasste Kosten- und Zeitplan wurde jeweils eingehalten. Das Projekt wurde für die Arbeiten in Göttingen bis zum 31.7. 2020 verlängert, die Änderungsbescheide stammen vom Juni 2017, November 2017, November 2018, Mai 2019, November 2019. Zum Abschluss der Arbeiten in Göttingen blieb ein unverbrauchter Restbetrag von etwa 6.000€ stehen.

Der Koordinator erklärt, auch für Projektpartner, das Einverständnis zur Veröffentlichung der Kurzfassung sowie Speicherung der Autorennamen in Datenbanken zwecks Information der Öffentlichkeit

Datum Unterschrift