



Hans H. Ruthenberg-Graduierten-Förderpreis 2017/

Hans H. Ruthenberg Award for Graduates 2017

Ulrike Beukert “Genome-based identification of heterotic patterns in rice”

Matin-Luther-Universität Halle-Wittenberg, 2016

Supervisor: Prof. Dr. Jochen C. Reif

Resümee

PROBLEMSTELLUNG

Laut Schätzungen der Vereinten Nationen werden im Jahr 2050 neun Milliarden Menschen auf der Erde leben. Die Ernährungssicherung dieser wachsenden Weltbevölkerung stellt uns vor eine große Herausforderung. Da die landwirtschaftlich nutzbare Fläche begrenzt ist, muss der notwendige Zuwachs an produzierten Nahrungsmitteln über eine Erhöhung des Flächenertrags erfolgen. Reis ist eine der wichtigsten Nutzpflanzen weltweit. Für mehr als die Hälfte der Weltbevölkerung ist Reis das Hauptnahrungsmittel. Der Ertragszuwachs im Reisanbau der letzten Jahrzehnte liegt mit ca. 1 % allerdings deutlich unter einem bedarfsdeckenden Selektionsgewinn von ca. 2,5 %.

Ein vielversprechender Ansatz zur Steigerung der Reiserträge ist der Wechsel von den bisher verwendeten Liniensorten zu Hybridsorten. Dies zeigen die großen Erfolge bei der Einführung von Hybridsorten beim Reisanbau in China. Die Vorteile von Hybriden gegenüber den konkurrierenden Liniensorten liegen in der Nutzung des Heterosiseffekts, der zu einer Ertragssteigerung und einer substantiellen Erhöhung der Ertragsstabilität führt. Während in der Linienzüchtung mit einer einzigen Population gearbeitet wird, liegt die Herausforderung der Hybridzüchtung in der Kombination von Elternpopulationen, die sich ideal ergänzen. Die Suche nach diesen heterotischen Gruppen ist jedoch enorm ressourcenintensiv. So muss der Ertrag der Nachkommen aus allen theoretisch möglichen Elternkombinationen eines Zuchtprogramms ermittelt werden. Bei zum Beispiel 10.000 Elternlinien wären das 50 Millionen Hybriden, die in Feldversuchen getestet werden müssten. Die hierfür notwendige Fläche läge bei ca. einer halben Million Hektar eine nicht praktikierbare Vorgehensweise. Folglich sind im Reis noch keine heterotischen Gruppen gebildet worden, die eine hohe Komplementarität aufweisen. Als möglicher Lösungsansatz wurde ein dreistufiges Verfahren entwickelt, das moderne Methoden der quantitativen Genomik nutzt. Das Verfahren wurde erfolgreich an einem umfangreichen Weizendatensatz getestet und besitzt das Potenzial, den wesentlichen Flaschenhals bei der Hybridzüchtung im Reis, die Etablierung heterotischer Gruppen, zu beseitigen.

ZIELSETZUNG

Das Ziel dieser Arbeit war es, die Möglichkeiten und Grenzen der genomik-basierten Entwicklung heterotischer Gruppen in der Kulturart Reis zu erforschen. Hierdurch sollte das Ertragspotenzial von Reishybriden gesteigert werden, die an unterschiedliche Reisanbauregionen in Indien angepasst sind, um langfristig und nachhaltig den steigenden Nahrungsmittelbedarf decken zu können.

METHODISCHES VORGEHEN

Die Arbeit basiert auf einem Datensatz, der 1.960 Reishybriden aus drei indischen Zuchtprogrammen umfasst. Die Reishybriden sind in mehrortigen Feldversuchen auf ihren Kornertrag geprüft worden. Die phänotypischen Daten wurden mit linear gemischten Modellen analysiert, um phänotypische Varianzen, Heritabilitäten und adjustierte Mittelwerte der Hybriden zu schätzen. Zusätzlich zu den Ertragsdaten sind die Hybriden mit 6.000 molekularen Markern genotypisiert worden. Die molekularen und genomischen Daten wurden in einem ersten Schritt kombiniert, um genomweite Vorhersagemodelle der Leistungsfähigkeit von Hybriden aus allen theoretisch möglichen Elternkombinationen eines Zuchtprogramms zu entwickeln. Dieser Vorhersage folgend, sind in einem zweiten Schritt mit einem Simulated Annealing Algorithmus komplementäre heterotische Gruppen identifiziert worden, die eine maximale Hybridleistung aufweisen. Im dritten Schritt wurde der lang- und kurzfristige Züchtungserfolg unter Berücksichtigung verschiedener Gruppengrößen evaluiert.

ERGEBNISSE

Die Resultate der Feldversuche spiegeln deutlich das beträchtliche Potenzial der Hybridzüchtung im Reis für die indischen Anbauregionen wider: Die ertragreichsten Hybriden wiesen je nach Zuchtprogramm einen Ertragsfortschritt im Vergleich zu den besten zugelassenen Liniensorten von 25 % bis 37 % auf. Diese Schätzwerte liegen leicht über den bisher publizierten Werten, die im Wesentlichen auf Feldversuchen von chinesischen Hybridzüchtprogrammen im Reis basieren. Folglich scheint die Hybridreiszüchtung für Indien als weltweit zweitgrößten Reisproduzenten vielversprechend zu sein.

Die phänotypischen und genomischen Daten sind kombiniert worden, um die Genauigkeit von genomweiten Vorhersagemodellen der Hybridleistung unter Berücksichtigung von Additiv- und Dominanzeffekten zu untersuchen. Die kreuzvalidierten Ergebnisse belegen die hohe Vorhersagegenauigkeit der implementierten genomweiten Ansätze. Wichtig ist hierbei ein enger Grad an Verwandtschaft zwischen der Trainingspopulation, auf deren Basis die Vorhersagemodelle kalibriert werden, und den Hybriden, deren Leistung geschätzt wird. Diese enge Verwandtschaft lässt sich durch eine geschickte Wahl der Trainingspopulation ressourcenschonend ermöglichen, indem jeder Elter in wenigen Hybridkombinationen getestet wird. Da dies in den vorliegenden Datensätzen gegeben war, konnte die Leistungsfähigkeit der Hybriden aus allen möglichen Elternkombinationen mit hoher Genauigkeit vorhergesagt werden. Somit basierte die Suche nach ertragreichen heterotischen Gruppen auf einer exzellenten Datengrundlage.

Unter Zuhilfenahme eines Simulated Annealing Algorithmus konnten komplementäre heterotische Gruppen identifiziert werden, die eine maximale Hybridleistung aufweisen. Die heterotischen Muster hatten eine bis zu 35 % höhere Ertragsleistung im Vergleich zu den Kreuzungen zwischen den bisher verwendeten Populationen. Bei der Festlegung der

optimalen Größe der heterotischen Gruppen spielte die Balance zwischen kurzfristigem und langfristigem Selektionserfolg eine wesentliche Rolle. Eine hohe Anzahl an Individuen maximiert den langfristigen Selektionsgewinn, konterkariert allerdings

die kurzfristigen Erfolge. Die Analyse ergab, dass heterotische Gruppen mit je vierzehn Individuen einen guten Kompromiss darstellen, da der langfristige Selektionserfolg sich asymptotisch dem Maximum nähert bei noch hohem kurzfristigem Selektionserfolg. Die Anzahl von vierzehn Individuen ist vergleichbar mit der Diversität, die bei der Maiszüchtung in den Vereinigten Staaten von Amerika für die Etablierung von heterotischen Gruppen verwendet wurde. Die Hybridzüchtung im Mais blickt mittlerweile auf eine fast hundertjährige Erfolgsgeschichte zurück mit einer Versechsfachung des Ertrags. Eine Erfolgsgeschichte, die mit der nachhaltigen Implementierung der Hybridzüchtung im Reis in Indien fortgeschrieben werden kann.