

Stressresistenz durch Symbiose mit Pilzen

Luca Maria Scolari^{1,2}, Kerstin Neumann³, Gerd Patrick Bienert², Thomas Altmann³, Caroline Gutjahr^{1,4}

¹TU München, Professur für Pflanzengenetik und ²Professur für Pflanzenphysiologie, ³Leibniz-Institut für Pflanzengenetik und Kulturpflanzenforschung, ⁴Max-Planck-Institut für Molekulare Pflanzenphysiologie

Zielsetzung und Methodik - AM-Responsivität

- Screening der CFD03-Maispopulation¹ zur Kartierung von QTLs, die mit arbuskulärer Mykorrhiza (AM)-Responsivität assoziiert sind
- Zwei Behandlungen: AM und Kontrolle
- Mehrere morphophysiological Merkmale wurden automatisch durch das LemnaTec-System gemessen

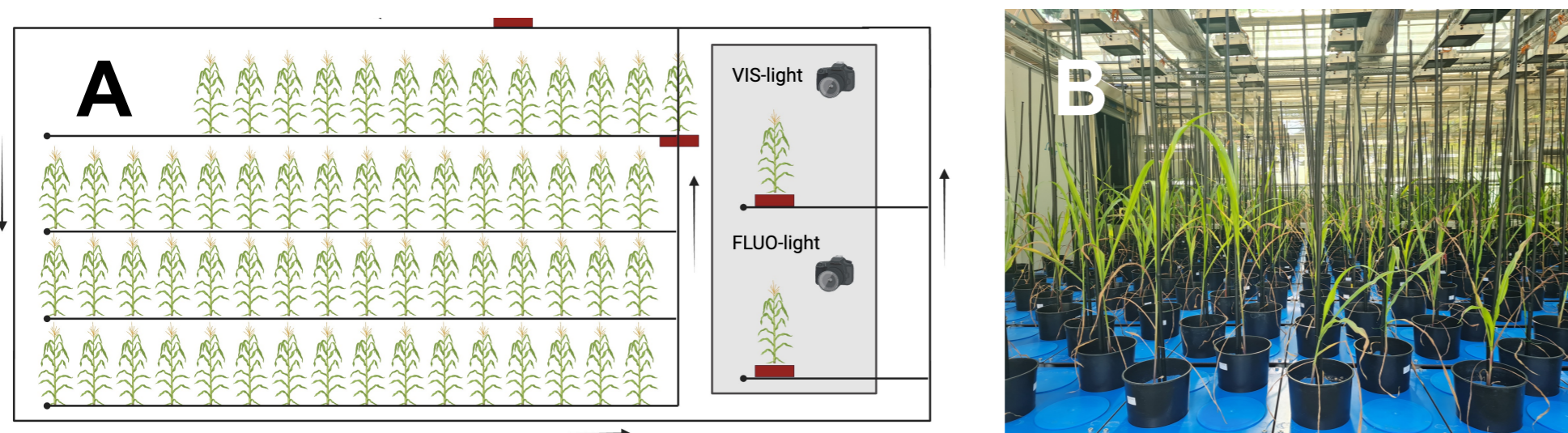


Abb. 1: Schematische Darstellung des LemnaTec-Hochdurchsatz-Phänotypisierungssystems. Mithilfe von Shuttles (rote Rechtecke), die sich entlang von Förderbändern (schwarze Linien) bewegen, wird das Pflanzenwachstum täglich automatisch mit verschiedenen Kameras aufgezeichnet (A). Maispflanzen im LemnaTec System während des Experiments (B).

Zielsetzung und Methodik - Trockenstress

- Screening der CFD03-Maispopulation¹ zur Kartierung von QTLs, die mit Dürretoleranz im Keimlingsstadium assoziiert sind
- Simulierter Wassermangel durch 200 mM Sorbitol-Wachstumslösung
- Vier verschiedene morphologische Merkmale (Spross- und Wurzelwachstum) wurden bewertet



Abb. 2: Hydroponisches Wachstumssystem, bestehend aus zwei überlappenden Blättern Keimpapier (cm 25x38), die zu einer „Zigarrenrolle“² zusammengerollt werden. Jeweils 15 Rollen wurden in 5-L-Kunststoffbecher gegeben, die mit 2 L Wachstumslösung gefüllt waren.

Ergebnisse - AM-Responsivität

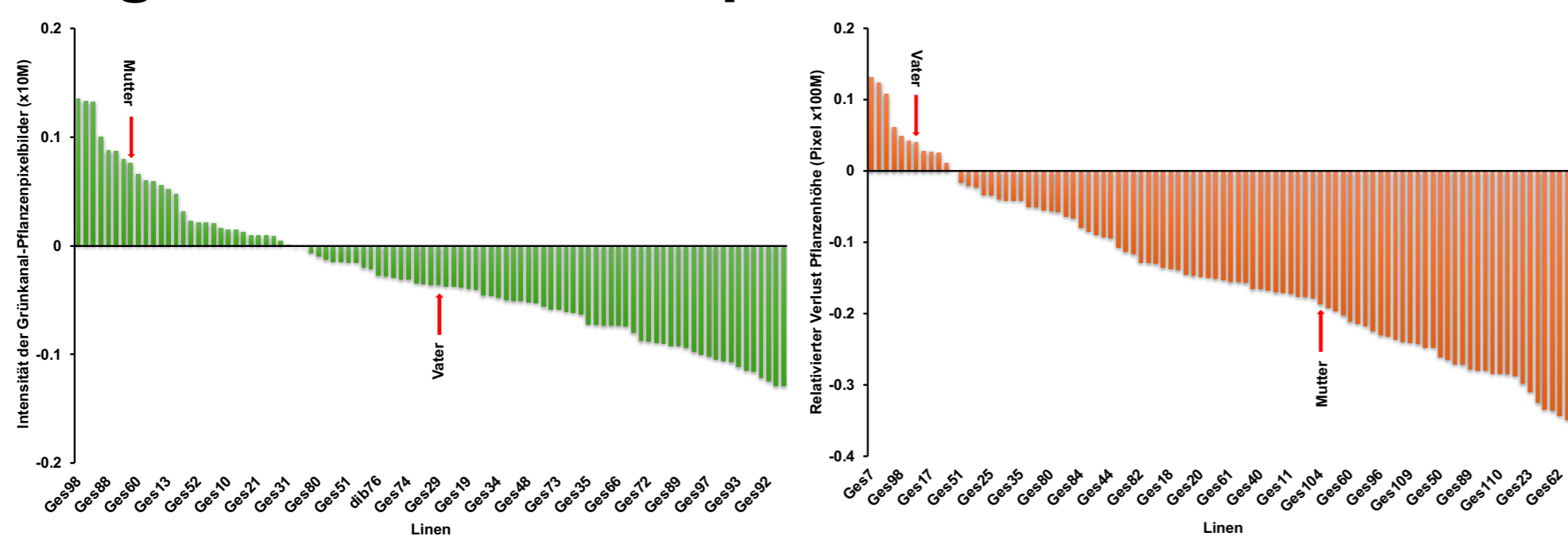


Abb. 3: Verteilung der relativen AM-Reaktivität [(AM – Kontrolle)/Kontrolle] für die beispielhaften Merkmale Triebgrünfarbe (grüne Balken) und Sproßhöhe (orangefarbene Balken) innerhalb der CFD03-Population. Die Position der beiden Elternlinien wird durch einen roten Pfeil angezeigt.

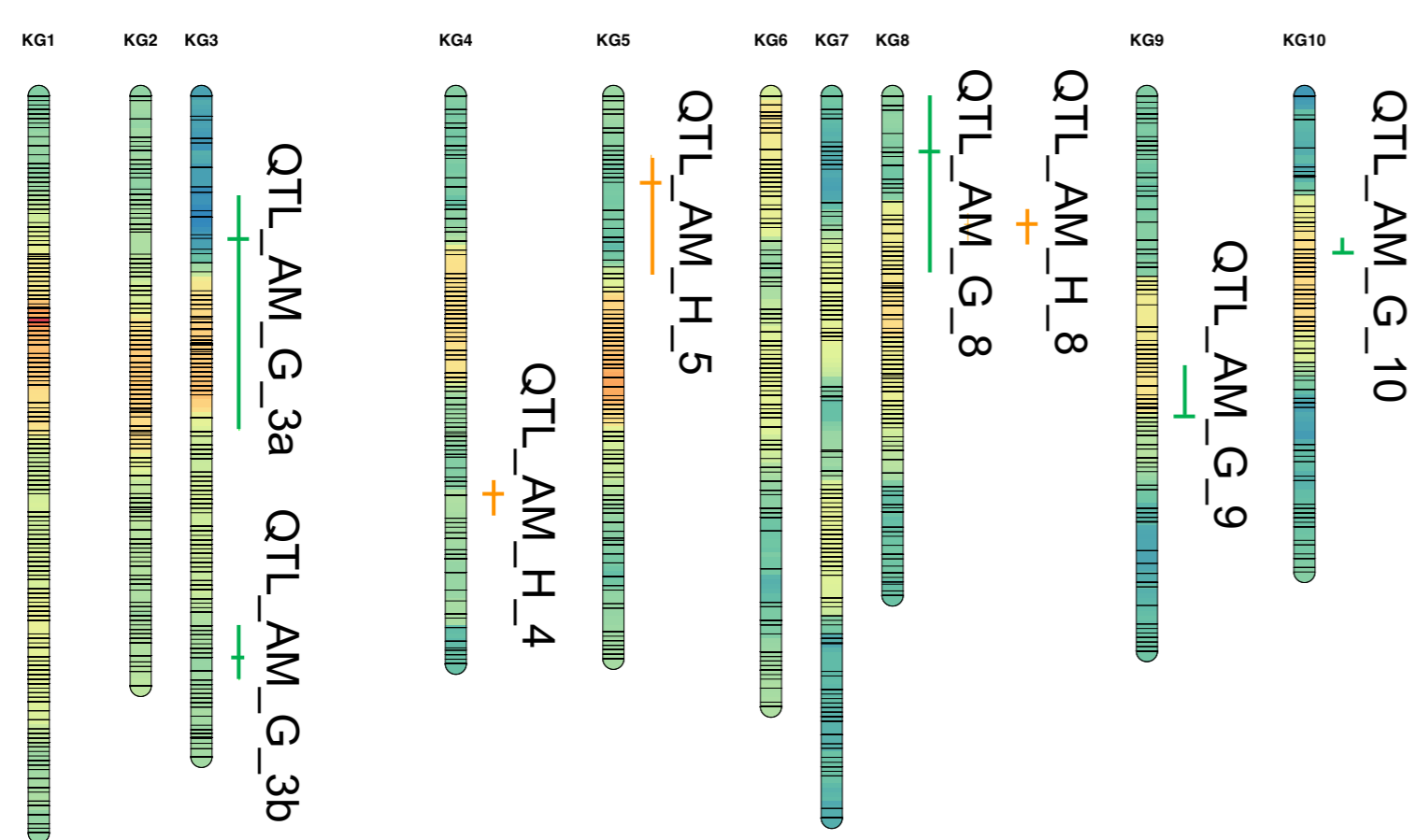


Abb. 4: Verteilung der QTLs für Sprossfarbe (grün) und Sproßhöhe (orange) auf Kopplungsgruppen im Maisgenom. Die acht QTLs für diese beiden Merkmale wurden zwischen Pflanzen mit (AM) und ohne (Kontrolle) arbuskuläre Mykorrhizapilze bezogen auf die Kontrolle [(AM – Kontrolle)/Kontrolle] ermittelt.

Ergebnisse - Trockenstress

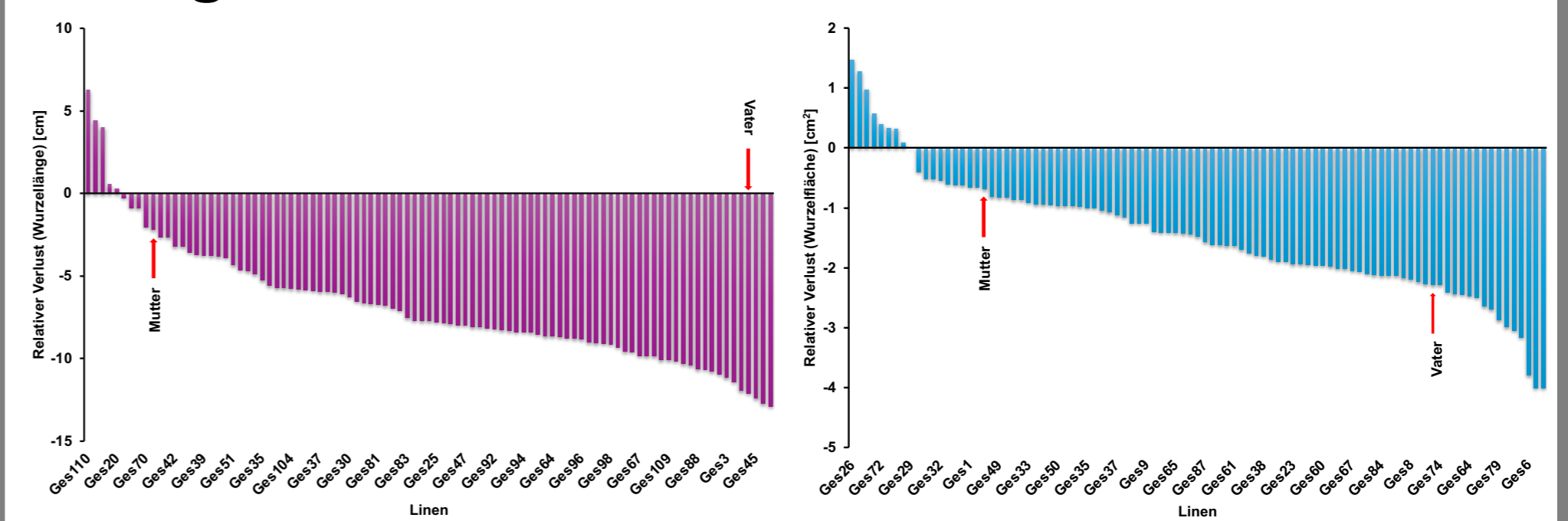


Abb. 5: Verteilung der Wachstumsreduktion unter Trockenstress (Trockenstress – Kontrolle) für die beispielhaften Merkmale Wurzellänge (violette Balken) und Wurzelfläche (blaue Balken) innerhalb der CFD03-Population. Die Position der beiden Elternlinien wird durch einen roten Pfeil angezeigt.

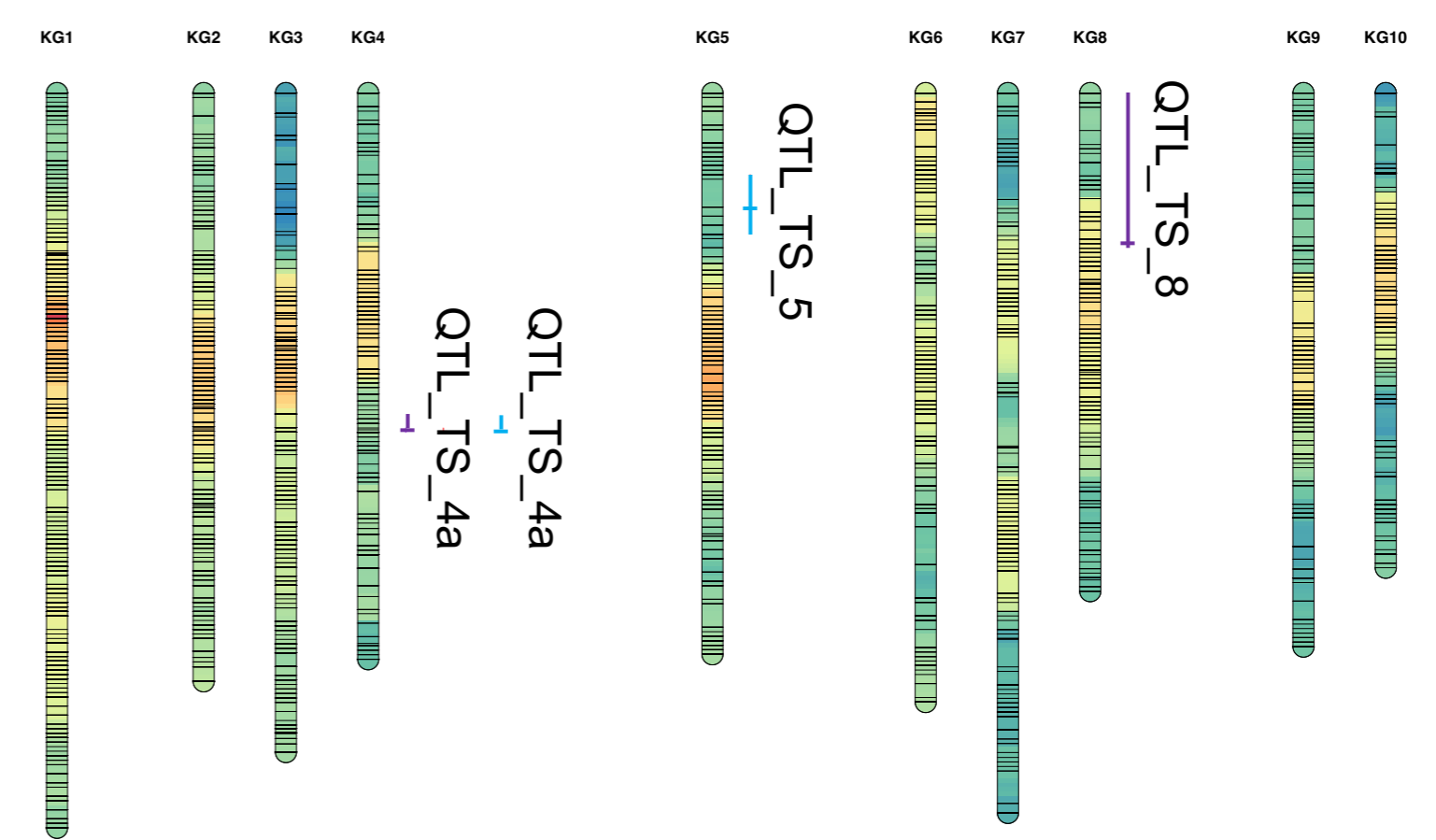


Abb. 6: Verteilung der QTLs für Wurzellänge (violett) und Wurzelfläche (blau) auf Kopplungsgruppen im Maisgenom. Die vier QTLs wurden für den Wachstumsverlust aufgrund des Wassermangelzustands (Trockenstress – Kontrolle) ermittelt.

Ausblick

- Genexpressionsanalyse von Keimlingssprossen und –Wurzeln nach Trockenstressbehandlung zur Verbesserung des Wissens über die molekularen Prozesse, die das Pflanzenwachstum bei Wasserdefizit steuern.
- Validierung der wichtigsten QTLs im Zusammenhang mit AM-Reaktionsfähigkeit und Trockenheitstoleranz vor ihrer Übernahme in Zuchtprogramme zur Auswahl neuer Maissorten.

Literatur

Bauer E, Falque M, Walter H, Bauland C, Camisan C, et al: Intraspecific variation of recombination rate in maize. *Genome Biology* 14: R103 (2013).
Zhu J, Kaepler SM and Lynch JP: Mapping QTL controlling root hair length in maize (*Zea Mays* L.) under phosphorous deficiency. *Plant and Soil* 270: 299 – 310 (2005)

Danksagung

Die Autoren danken der KWS Saat SE & Co. KGaA für die Vermehrung und Bereitstellung der in dieser Studie verwendeten CFD03-Maispopulation und Chris Carolin Schön für die Lagerung der Samen.