



UNIVERSITÄT
HOHENHEIM



Jahresbericht 2020

Landessaatzuchtanstalt



Die Landessatzzuchtanstalt

Die Landessatzzuchtanstalt (LSA), gegründet 1905 auf Anregung von C. Fruwirth, ist eine Universitäts-Einrichtung für Forschung und Entwicklung (F+E) im Bereich der Pflanzenzüchtung. Die von der LSA zu erfüllenden Aufgaben orientieren sich an den gesellschaftlichen Erfordernissen einer ressourcenschonenden, umwelt- und marktgerechten landwirtschaftlichen Pflanzenproduktion.

Vorrangige Ziele sind:

- nachhaltige genetische Resistenz gegen Krankheiten und Schädlinge
- verbesserte biologische und technologische Produktqualität
- hohe Nährstoffaufnahme- und Verwertungseffizienz
- Toleranz gegen abiotische Stressfaktoren

Um vorstehende Ziele zu erreichen, arbeitet die LSA auf folgenden Gebieten:

- Weiterentwicklung und Optimierung von Züchtungsverfahren
- Erstellung genetisch verbesserten Zuchtmaterials, erforderlichenfalls bis zur Sorte
- Analyse des genetischen Potentials neuer Pflanzenarten für Produktionsalternativen
- Weiterentwicklung und Erprobung neuer biologischer Techniken sowie effizienterer Test- und Untersuchungsmethoden
- Erhaltung, Evaluierung und züchterische Nutzung pflanzengenetischer Ressourcen

Organisation

Die LSA ist Teil der Universität Hohenheim und ist in fünf Arbeitsgebiete, Biotechnologie, Leguminosen, Roggen, Triticale und Weizen, unterteilt. Die jeweiligen Arbeitsgebiete stehen in engem Austausch miteinander, so dass Synergien optimal ausgenutzt werden können. Jedes Arbeitsgebiet wird von einem:r Wissenschaftler:in geleitet. Die Leiter:innen berichten der Leitung der Landessatzzuchtanstalt, welche wiederum dem Kuratorium, dem Beirat und

dem Rektorat der Universität Hohenheim berichtet. Das Kuratorium der LSA beinhaltet die Professoren:innen des Instituts 350 der Universität Hohenheim, dessen Vorsitz aktuell Prof. Dr. Tobias Würschum inne hat. Im Beirat der LSA sind Vertreter des Bauernverbandes Baden-Württembergs, von verschiedenen Pflanzenzüchtungsfirmen, der Gemeinschaft zur Förderung von Pflanzeninnovation e.V., von verschiedenen Saatgutvermehrern und -Händlern, des Julius-Kühn-Institutes und des Ministeriums für Ernährung und Ländlichen Raum Baden-Württemberg. Den Vorsitz des Beirates hat aktuell der Ministerialrat Thomas Berrer des Ministeriums für Ernährung und Ländlichen Raum Baden-Württemberg inne.

Personal

Die LSA verfügt aktuell über 27,5 Haushaltsstellen und eine Vielzahl an Drittmittelstellen. Nur durch die stets sehr gute Zusammenarbeit aller Mitarbeitenden ist die LSA voll funktionsfähig und kann all ihre satzungsgemäßen und drittmittelfinanzierten Forschungs- und Züchtungsprojekte durchführen.

Leitung & Sekretariat

Dr. Willmar Leiser, Leitung

Beate Kurka, Sekretariat

Anja Rude, Sekretariat

Ursula Schrader, Sekretariat

AG Biotechnologie

Dr. N.N., Leitung

Alexandra Appel, techn. Personal

Barbara Renz, techn. Personal

Benjamin Schleicher, techn. Personal

Stefanie Sommer, techn. Personal

AG Leguminosen

Dr. Volker Hahn, Leitung

Birgit Bojarski, techn. Personal

Regina Bauer, techn. Personal

Tatjana Göhler, techn. Personal

Thea Koch, techn. Personal

Claudia Lange, techn. Personal
Irmtraud Lutz, techn. Personal
Christiane Maus, techn. Personal
Thorsten Mellin, techn. Personal
Sabine Schillinger, techn. Personal
Xintian Zhu, Doktorandin

AG Roggen

apl. Prof. Dr. Thomas Miedaner, Leitung
Viola Abraham, techn. Personal
Félicien Akohoue, Doktorand
Jakob Adam, techn. Personal
Rodrigo Galán, Doktorand
David S. Gaikpa, Doktorand
Ana L. Galiano-Carneiro Boeven, Doktorandin
Thomas Grafe, techn. Personal
Heike Goßlau, techn. Personal
Paul Gruner, Doktorand
Lore Handt, Sekretariat
Anna Kodisch, Doktorandin
Silvia Koch, techn. Personal
Bärbel Lieberherr, techn. Personal
Christian Metzke, techn. Personal
Marlene Warsaw, techn. Personal
Leander Weber, techn. Personal

AG Triticale

Dr. Hans Peter Maurer, Leitung
Johannes Häge, techn. Personal
Mario Jenz, PostDoc
Silvia Koch, techn. Personal
Arben Mrasori, techn. Personal
Jacek Till, techn. Personal

AG Weizen

apl. Prof. Dr. Friedrich Longin, Leitung
Muhammad Afzal, Doktorand

Emad Alsabab, techn. Personal
Claudia Benz, techn. Personal
Khaoula El Hassouni, PostDoc
Sabine Frey-Tippelt, techn. Personal
Mire Halilaj, techn. Personal
Arben Mrasori, techn. Personal
Sabit Rrecaj, techn. Personal
Lea Schwarzwälder, Doktorandin
Ortwin Schildmann, techn. Personal
Verena Till, techn. Personal
Bianca Yildirim, techn. Personal

Forschungsprojekte

Neben ihren satzungsgemäßen Aufgaben, u.a. Züchtung von neuem Sortenmaterial, ist die LSA in einer Vielzahl von Drittmittel-finanzierten Forschungsprojekten involviert. Im Jahr 2020 konnte die LSA insgesamt 1.138.306 € an Drittmittel einnehmen. Die Summe an eingenommenen Drittmitteln stieg somit in den letzten Jahren und lag für die ersten zwei Jahre in Folge über 1 Mio € pro Jahr (Abb. 1). Die Zahl an derzeit laufenden drittmittelfinanzierten Forschungsprojekten umfasst im Jahr 2020/21 insgesamt 21 Projekte. Förderer waren sowohl Bundes- wie auch Landesministerien.

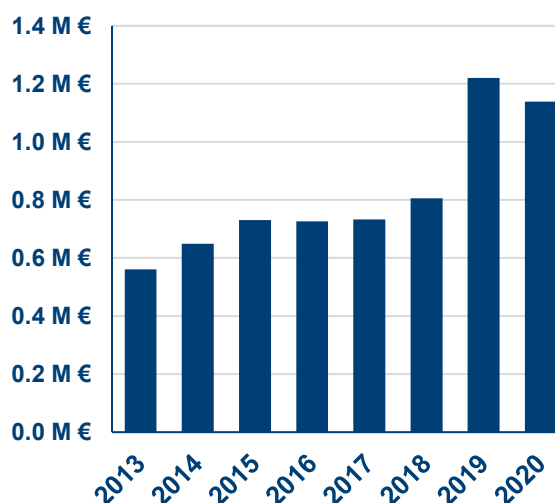


Abb. 1: Drittmittelleinnahmen LSA 2013 - 2020

Genebank: Genomik-basierter Aufschluss genetischer Ressourcen im Weizen für die Pflanzenzüchtung

Förderung

Bundesministerium für Bildung und Forschung (BMBF)

Laufzeit

2016 – 2022

Forschungspartner

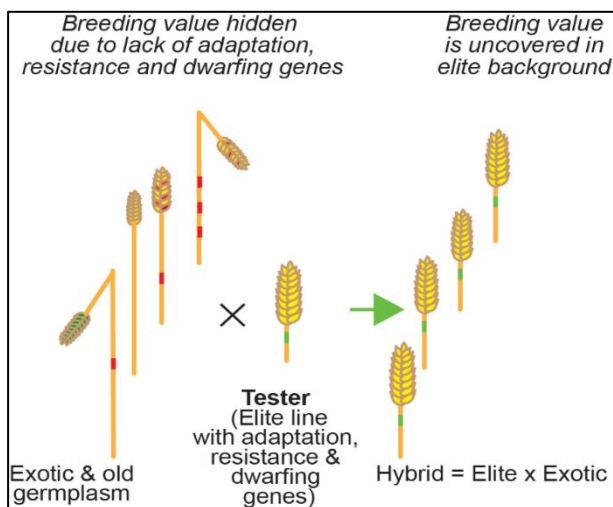
Leibniz Institut für Pflanzengenetik und Kulturpflanzenforschung (IPK), Julius Kühn Institut (JKI)

Industriepartner

Gesellschaft für Erwerb und Verwertung von Schutzrechten(GVS) mbH; KWS LochowGmbH; Limagrain GmbH

Wissenschaftler:innen LSA

F. Longin



Das Ziel des Projekts ist es, die Weizensammlung des IPK Gatersleben für die Züchtung über einen Ansatz der Genomik, Phenomik, Biodiversitäts-informatik und des Präzisions-PreBreeding integriert aufzuschließen. Wir werden mittels neuester Marker-Technologie Fingerprints von ~22.000 Akzessionen der Genbank des IPK's erstellen. Diese bilden die Basis für die Entwicklung von vier innovativen und komplementären Strategien zur Identifizierung neuer nützlicher Allele oder Gameten:

1. Die 22.000 Akzessionen werden auf Resistenzen gegen die Krankheiten Gelbrost, Braunrost und Fusarium untersucht. Die phänotypischen sowie die ge-notypischen Daten werden mithilfe eines neuen Algorithmus analysiert, der es ermöglicht, eine nicht stratifizierte Population für Assoziationskartierung (GWAS) zusammenzustellen. Diese Population wird mittels der RenSeq-Technologie sequenziert, um Gene und Allele durch haplotyp-basierte GWAS ausfindig zu machen.

2. Bei der Suche nach neuen Merkmalen werden wir uns auf die genetische Variation konzentrieren, die für eine offene Weizenblüte und damit für die Hybridweizenzüchtung wichtig ist. Unter Anwendung der „Genomics-based Select-and-Backcross“-Methode identifizieren wir Hauptgene, die für offene Bestäubung verantwortlich sind.

3. Wir kombinieren Methoden der molekularen Physiologie und der Populationsgenomik, um gezieltes Allele-Mining nach Kandidatengenen durchzuführen, die an der Stickstoffnutzungs-Effizienz beteiligt sind.

4. Wir werden uns der Werkzeuge der genomischen Selektion beim Pre-Breeding bedienen, um genetische Variation für den Kornertrag aufzuschließen. Die vier Strategien sind in Aktivitäten der Biodiversitätsinformatik eingebettet, um die umfangreichen Daten mit neuen Werkzeugen der Populationsgenomik und der Quantitativen Genetik zu analysieren.

Steigerung der Biodiversität im nachhaltigen Getreideanbau durch Etablierung der alten Weizenart Emmer – Grundlagenarbeit zu Anbau und Verarbeitungseigenschaften für die heimische Wertschöpfungskette

Emmer (*Triticum turgidum* ssp. *dicoccum*) ist der Urweizen der neolithischen Revolution, der Jahrtausende lang die Hauptgetreideart der Menschheit darstellte. Aktuell wird sein Wiederaanbau sehr kleinflächig versucht, insbesondere im Ökolandbau und nachhaltig konventionellen Anbau, was vor allem aber an der fehlenden Kenntnis zum Anbau und Verarbeitungseigenschaften und insbesondere an der Wahl geeigneter Sorten für die heutige Landwirtschaft scheitert. Genau darauf zielt unser Projektvorhaben ab. Eine weltweit einmalige Sammlung von ca. 150 alten Emmersorten soll zusammen mit den Baden-Württembergischen Pflanzenzüchtungsfirmen Pflanzenzucht Oberlimpurg sowie Südwestdeutsche Saatzucht an drei Orten angebaut und agronomisch auf deren Eignung für die heimische Landwirtschaft geprüft werden. Die Erntemuster aus diesen Versuchen sollen dann als Probemuster für genauere Qualitätsuntersuchungen dienen, um mögliche Verarbeitungsprodukte zu erarbeiten. Dafür werden alle Probemuster in Hohenheim auf Proteingehalt, Sedimentationswert, Hektolitergewicht, und Korngröße untersucht. Zudem sollen wichtige rheologische Tests am Teig, wie das Farinogramm und Extensogramm, sowie ein Backversuch an allen Mustern durchgeführt werden. Anhand der Qualitätsdaten können wichtige Informationen für die erfolgreiche Weiterverarbeitung von Emmer zu Backwaren und alternativen Produkten erarbeitet werden. Zudem wird durch die Vielzahl an indirekten Parametern (wie Proteingehalt, Sedimentationswert, Extensogramm) versucht, eine Schnellmethode zu etablieren, anhand derer man entlang der Wertschöpfungskette mit möglichst wenig Körnern in kurzer Zeit die Qualität von Emmerchargen bewerten kann. Final können anhand der erarbeiteten Daten wichtige Kennzahlen für eine nachhaltige Emmerzüchtung erarbeitet werden.

Förderung

Ministerium für Ländlichen Raum und Verbraucherschutz Baden-Württemberg

Laufzeit

2018 – 2021

Industriepartner

Pflanzenzucht Oberlimpurg; Südwestdeutsche Saatzucht GmbH & Co KG; DIGeFa GmbH, Detmolder Institut für Getreide- und Fettanalytik

Wissenschaftler:innen LSA

F. Longin



Entwicklung von innovativen Technologien und Dienstleistungen für eine effiziente Züchtung sowie Bewertung der Mahl- und Backeigenschaften bei der Kulturart Einkorn

Förderung

Bundesministerium für Wirtschaft und Energie, ZIM

Laufzeit

2018 – 2022

Industriepartner

Strube Research GmbH; DiGeFa GmbH, Detmolder Institut für Getreide- und Fettanalytik

Wissenschaftler:innen LSA

M. Afzal / F. Longin



Einkorn (*Triticum monococcum*) ist der Urweizen, der Jahrtausende lang die ein Bestandteil der menschlichen Ernährung darstellte. Aktuell wird sein Wiederaufbau sehr kleinflächig versucht, insbesondere im Ökolandbau und nachhaltig konventionellen Anbau, was vor allem aber an der fehlenden Kenntnis zum Anbau und Verarbeitungseigenschaften und insbesondere an der Wahl geeigneter Sorten für die heutige Landwirtschaft scheitert. Genau darauf zielt unser Projektvorhaben ab. Eine weltweit einmalige Sammlung von ca. 150 alten Einkornsorten wird an drei Orten angebaut und agronomisch auf deren Eignung für die heimische Landwirtschaft geprüft. Die Erntemuster aus diesen Versuchen sollen dann als Probemuster für genauere Qualitätsuntersuchungen dienen, um mögliche Verarbeitungsprodukte zu erarbeiten.

Dafür werden alle Proben in Hohenheim auf Proteingehalt, Hektolitergewicht und Korngröße untersucht. Strube untersucht den Sedimentationswert, Fallzahl und Glutopik. Zudem sollen wichtige rheologische Tests am Teig, wie das Farinogramm und Extensogramm, sowie ein Backversuch an allen Mustern durchgeführt werden. Da keiner der Partner über die notwendige Technik verfügt, wird dies an das externe Qualitätslabor DiGeFa vergeben. Anhand der Qualitätsdaten können wichtige Informationen für die erfolgreiche Weiterverarbeitung von Einkorn zu Backwaren und alternativen Produkten erarbeitet werden. Zudem wird durch die Vielzahl an indirekten Parametern versucht, eine Schnellmethode zu etablieren, anhand derer man entlang der Wertschöpfungskette mit möglichst wenig Körnern in kurzer Zeit die Qualität von Einkornchargen bewerten kann.

BETTERWHEAT - Genomisch-proteomische Grundlagen und Umweltabhängigkeit der qualitäts- und gesundheitsrelevanten Eigenschaften bei Weizen für innovative neue Sorten und Produkte

Das Projektvorhaben BETTERWHEAT vereint interdisziplinäre Partner aus Wissenschaft und Industrie mit hervorragendem Know-how in der Weizenforschung. Durch die Kombination modernster innovativer Verfahren der Genomik, Proteomik sowie Phänotypisierung der Qualitätseigenschaften sollen im vorgeschlagenen Projekt Grundlagen von Qualitätseigenschaften und deren Stabilität im Kontext sich verändernder Umwelt- und Anbaubedingungen aufgeklärt werden. Dazu werden an einem breiten Satz von Weizensorten, die an mehreren Standorten angebaut werden, neben agronomischen Merkmalen und Krankheitsresistenzen, zahlreiche Back- und Teigeigenschaften erfasst und mit modernsten Genomik- und Proteomikansätzen sowie Klimadaten kombiniert werden. Diese Ergebnisse erlauben eine Optimierung und Stärkung der Weizenzüchtung hinsichtlich Ertrag, sowie Qualität und deren Umweltstabilität, aber auch eine deutlich effizientere Beurteilung von Weizenmustern entlang der Wertschöpfungskette bis hin zur Entwicklung neuer Weizenprodukte mit besseren Inhaltsstoffen.

Förderung

Bundesministerium für Landwirtschaft und Ernährung (BMEL)

Laufzeit

2019 – 2022

Forschungspartner

Universität Hohenheim, Lehrstuhl für Prozessanalytik und Getreidewissenschaft, Universität Mainz, Institut für Immunologie

Industriepartner

KWS Lochow GmbH; Limagrain GmbH; Deutsche Saatveredelung AG, W. von Borries-Eckendorf GmbH & Co. KG

Wissenschaftler:innen LSA

L. Schwarzwälder / K. El Hassouni / F. Longin



Stärkung der biologischen Vielfalt in der Landwirtschaft durch Integration von Buchweizen und anderer kleinkörniger, spätblühender Saaten in bestehende, heimische Fruchtfolgen: Buchweizen-Sortenscreening und Entwicklung von Intercropping- sowie Zweikulturen-Nutzungssystemen

Förderung

Ministerium für ländlichen Raum und Verbraucherschutz Ba-Wü (MLR)

Laufzeit

2020 – 2022

Forschungspartner

Universität Hohenheim, Arbeitsgruppe Anbausysteme und Modellierung (340 AG)

Wissenschaftler:innen LSA

F. Longin



Buchweizen (*Fagopyrum esculentum* Moench) stammt ursprünglich aus den mittelasiatischen Steppen und ist zuerst um 1000 v. Chr. in der heutigen Ukraine kultiviert worden. Buchweizen zählt zu den vielversprechendsten Pflanzenarten, die für einen Anbau in Südwestdeutschland geeignet sein könnten und eignet sich bei entsprechender Sortenverfügbarkeit gffs. für Zweikulturen-Anbausysteme oder als Intercropping-Partner mit andern spät blühenden klein-körnigen Saaten (Chia, Sesam, Kümmel, Lein, Mohn). Da Buchweizen sich sehr schnell entwickelt, kann bereits im September geerntet werden und die Aussaat von Winterkulturen als Folgekultur ist möglich. Darüber hinaus liefert Buchweizen wertvollen Nektar für Bestäuber und zieht nützliche Insekten an, wodurch deren Vielfalt in der Landwirtschaft deutlich erhöht wird. Der späte Blühzeitpunkt ist von besonderer Bedeutung, Nahrungsquellen für Insekten zu einem Zeitpunkt zu schaffen, zu dem die meisten anderen Kulturarten schon verblüht sind.

In diesem Kooperationsprojekt mit Prof. Dr. Graeff-Hönniger, Arbeitsgruppe Anbausysteme und Modellierung (340 AG), Universität Hohenheim, werden verschiedenste Buchweizensorten auf deren Anbaueignung in Süddeutschland untersucht. Dabei werden agronomische Größen wie Ertrag, Bestandesentwicklung, Blühdauer, Standfestigkeit sowie Qualitätsmerkmale wie Kornform und -größe und Inhaltsstoffe bestimmt. In weiteren Versuchen werden verschiedene Saattermine und Stickstoffdüngungsvarianten und deren Wirkung auf obige Merkmale untersucht. Back- und Kochversuche mit Buchweizen sowie ein Insektenmonitoring in den Feldversuchen runden das Projekt ab.

SENSELGO: Sensorbasierte Präzisionszüchtung von Triticale als ressourcen-effiziente Rohstoffpflanze

Das Projekt dient der Weiterentwicklung und Optimierung der sensorbasierten Präzisionsphänotypisierung für die Pflanzenzüchtung sowie der Etablierung von Triticale als Rohstoffpflanze. Dabei wird eine Kombination von sensorbasierter Feldphänotypisierung und Genomik eingesetzt um eine Steigerung des Biomasseertrags und die zielgerichtete Verbesserung von dessen Komponenten zu erreichen. Desweiteren erfolgt eine direkte und indirekte Selektion auf die Ressourceneffizienz von Triticale, insbesondere die Verbesserung der Stickstoffeffizienz. Das Projektvorhaben gliedert sich in folgende Komponenten: (1) eine praxisrelevante Population von 1.000 aus aktuellen Zuchtprogrammen stammenden Triticalelinien aufzubauen und mit genomweiten Markern sowie für Kandidatengene zu genotypisieren, (2) neue, zu den bisher verwendeten komplementäre Sensoren mit Selektivität für bisher überhaupt nicht erfasste pflanzenphysiologische Parameter ins Sensormodul der BreedVision Phänotypisierungsplattform zu integrieren und an Triticale zu evaluieren, (3) ein neues Sensormodul zur Erfassung der Bestandesdichte zu entwickeln und ebenfalls an Triticale zu evaluieren, (4) das BreedVision System neben der kontinuierlichen Messfahrt zu erweitern für statische Messungen im Stop-and-Go Messmodus, (5) die BreedVision Plattform zur Erfassung und Vorhersage des Biomasseertrags sowie für bisher nicht erfasste, für die Ertragsbildung relevante Komponenten, wie die Bestandesdichte und die Pflanzenphysiologie, in der etablierten Triticalepopulation zu nutzen, (6) die Effizienz von Triticalegenotypen unter reduziertem Stickstoff- und Pestizideinsatz zu evaluieren, und (7) die gewonnenen Daten zur prädiktiven Züchtung von Triticale als ressourceneffiziente Rohstoffpflanze zu nutzen.

Förderung

Bundesministerium für Ernährung und Landwirtschaft (BMEL über FNR)

Laufzeit

2017 - 2020

Forschungspartner

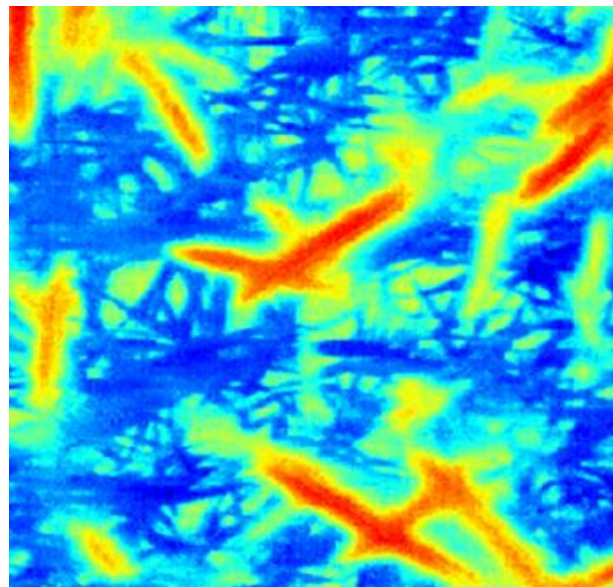
Hochschule Osnabück

Industriepartner

HegeSaat GmbH & Co. KG, Nordsaat Saatzüchtgesellschaft mbH, PZO Pflanzenzücht Oberlimpurg, Saaten-Union Versuchstation Moosburg, weitere Züchter Abteilung Getreide in der Gemeinschaft zur Förderung von Pflanzeninnovation e.V. (GFPI)

Wissenschaftler:innen LSA

J. Neuweiler / J. Trini / H.P. Maurer



BreedFlexStraw: Innovative Verfahren zur Züchtung von Getreide mit erhöhtem Stroherträgen bei erhöhter Standfestigkeit

Förderung

Ministerium für ländlichen Raum und Verbraucherschutz Baden-Württemberg (MLR)

Laufzeit

2021 - 2022

Wissenschaftler:innen LSA

M. Jenz / H.P. Maurer



Das Projekt dient der Förderung der pflanzenzüchterischen Versuchsarbeit. Im Rahmen von diesem Projekt soll ein Sensor zur Messung des Merkmals Standfestigkeit von Getreidehalmen entwickelt werden, um Empfehlungen für die weitere Züchtung auf dieses Merkmal abzuleiten. Dieses Merkmal spielt mit Blick auf den Klimawandel und die Humusbildung (Stichwort C02-Speicherung in Boden) eine wichtige Rolle.

Das Projektvorhaben gliedert sich in folgende Komponenten: (1) Entwicklung eines ersten Prototypensensors für das Merkmal Halmelastizität, (2) Test des Sensors am Teststand im Labor und Verbesserung des Sensors bis zur Feldtauglichkeit, (3) Einbau des Sensors in die BreedVision Plattform, (4) Erfassung von Messdaten in mehrortigen Feldversuchen mit 200 Triticale Sorten, (5) Auswertung der Messdaten und phänotypische Charakterisierung der 200 Triticale Sorten, (6) Untersuchung der genetischen Basis des Merkmals Halmelastizität und Ableiten von Empfehlungen für die weitere Züchtung auf dieses Merkmal

1000 Gärten - Citizen Science meets Omics: Tapping into soybean diversity for functional products with improved quality and nutritional value

Ziel des Projektes ist es, das Potential von Soja für eine nachhaltige Bioökonomie zu erschließen. In diesem Projekt kommt eine bisher einmalige Kombination moderner Omics Ansätze und Citizen Science zum Einsatz, um so Sojalinien mit maßgeschneiderten Qualitäten und ernährungsphysiologischem Wert für neue Produkte zu etablieren. Citizen Science ist ein neuer Ansatz bei dem Bürger Wissen schaffen, im vorgeschlagenen Projekt durch die Evaluierung von Soja-Zuchtstämmen an weit über 1000 Orten in ganz Deutschland. In einem komplementären Ansatz wird eine Population aus genetischen Ressourcen aufgebaut und mit verschiedenen Omics Ansätzen untersucht. Darüber hinaus werden Zuchtstämme und genetische Ressourcen auf Tofuqualität untersucht um neben dem ernährungsphysiologischen Wert auch die Produktqualität zu verbessern. Zusammengefasst kommen im Projekt modernste Ansätze zum Einsatz, die in Kombination eine Etablierung von Soja mit maßgeschneiderten Inhaltsstoffen für eine nachhaltige Bioökonomie ermöglichen.

Förderung

Bundesministerium für Bildung und Forschung (BMBF)

Laufzeit

2017 – 2021

Industriepartner

Taifun Tofu GmbH

Wissenschaftler:innen LSA

X. Zhu / V. Hahn / W. Leiser



Citizen Science meets Biodiversity: Verbesserung der Soja-Produktqualität und Umweltstabilität unter erhöhter Biodiversität

Förderung

Bundesministerium für Bildung und Forschung (BMBF)

Laufzeit

2021 – 2024

Forschungspartner

Uni Hohenheim, Lehrstuhl für Pflanzenzüchtung

Industriepartner

Taifun Tofu GmbH

Wissenschaftler:innen LSA

V. Hahn / W. Leiser



Eiweißpflanzen sind essentiell für eine moderne und nachhaltige Landwirtschaft, die den Übergang zur Bioökonomie bewältigen muss und sich mit den Konsequenzen des Klimawandels und einem Rückgang der Biodiversität konfrontiert sieht. Deshalb sehen wir ein neues Anbausystem vor, in dem Blühpflanzen zwischen den Sojareihen wachsen und so die Biodiversität erhöhen, ohne den Sojaertrag oder die Qualität stark negativ zu beeinflussen. Dazu werden wir mehrere Blühpflanzen auf ihre Eignung testen sowie den Effekt auf das Bodenmikrobiom. Außerdem werden Sojalinien mit guten Tofueigenschaften im neuen Citizen Science Projekt getestet und zwar an einer Kontrolle sowie mit ausgewählten Blühpflanzen. Dies wird ergänzt durch mehrortige Feldversuche in denen das neue Anbausystem evaluiert wird sowie die Genotyp-mal-Umwelt Interaktion von agronomischen Merkmalen, Tofueigenschaften und Omics Prädiktoren untersucht wird. Zusätzlich wird eine QTL-Kartierung gemacht um die genetische Architektur von Tofueigenschaften zu untersuchen. Ein Fokus des Industriepartners Taifun liegt darin, die Produktion von Tofu für die Weiterverarbeitung zu für Tofu-basierten Produkten zu optimieren. Insgesamt wird das Projekt die Etablierung und Optimierung von Tofuprodukten unterstützen und ist ein wichtiger erster Schritt um genetische Aspekte eines neuen Anbausystems zu untersuchen, welches das Potential hat die Biodiversität in unseren Agrarsystemen zu erhöhen, für eine höhere Verbraucherakzeptanz und nachhaltige Bioökonomie.

Genomik-basierte Verbesserung des heimischen Sojazuchtmaterials und Etablierung eines molekularen Screeningsystems für Soja-Pathogene

Leguminosen haben in Agrarökosystemen vielfältige positive Auswirkungen und sind ein Schlüsselement für einen verantwortungsvollen und nachhaltigen Umgang mit den der Landwirtschaft zur Verfügung stehenden Ressourcen. Insbesondere im Ökologischen Landbau sind Leguminosen, durch ihre Fähigkeit den Luftstickstoff zu nutzen, ein entscheidendes Fruchtfolgeglied. Die Sojabohne spielt dabei als weltweit wichtigste Leguminose eine herausragende Rolle. Allerdings wird sie in Deutschland nur in geringem Umfang angebaut. Das übergeordnete Ziel des Vorhabens ist es daher, die Voraussetzungen zu verbessern, damit der Sojaanbau in Deutschland ausgedehnt werden kann. Um dieses Ziel zu erreichen werden in einzelnen Arbeitspaketen die folgenden Ziele angestrebt:

Der Aufbau eines Genomik-basierten Zuchtprogramms, die Verbreiterung der Züchtungspopulationen durch Allel-mining genetischer Ressourcen, die Etablierung eines schnellen und sensitiven Testverfahrens auf die Anwesenheit von Pathogenen an Sojabohnen sowie die phänotypische und genetische Erfassung der Reaktion von Sojalinien auf Kühlestress während der Blüte.

Förderung

Bundesministerium für Ernährung und Landwirtschaft (BMEL), Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung (BLE) – Geschäftsstelle Eiweißpflanzenstrategie

Laufzeit

2015 – 2021

Forschungspartner

Universität Hohenheim - Institut für Pflanzenzüchtung, Saatgutforschung und Populationsgenetik (350b), Institut für Phytomedizin (360) Julius Kühn-Institut (JKI) Bundesforschungsinstitut für Kulturpflanzen – Institut für Resistenzforschung und Stresstoleranz

Wissenschaftler:innen LSA

A. Kurasch / V. Hahn / W. Leiser



Chia-Züchtung

Förderung

Ministerium für Ländlichen Raum und Verbraucherschutz Ba-Wü

Laufzeit

2019 – 2020

Wissenschaftler:innen LSA

V. Hahn



Chia (*Salvia hispanica* L.) ist eine Salbeiart die zuerst im präkolumbianischen Mesoamerika kultiviert wurde. Bei den Azteken wurde Chia neben Mais, Bohnen und Amarant als Grundnahrungsmittel angebaut und zusätzlich als Arzneipflanze sowie zur Ölgewinnung genutzt. Die hochwertige Nahrungspflanze geriet zwischenzeitlich fast in Vergessenheit. Seit ca. 20 Jahren wird Chia zwischen dem 10 und 25 Breitengrad wieder angebaut und erlebte in jüngster Vergangenheit als „Functional Food“ eine Renaissance, die sich vor allem auf dem vorteilhaften Nährwert der Samen begründet, da das Chiaöl sehr reich an Omega-3-Fettsäuren ist. Zusätzlich zu seinem außergewöhnlichen Omega-3-Gehalt enthält Chia Proteine mit sehr hoher biologischer Wertigkeit, die Vitamine B und E, Kalzium, Ballaststoffe sowie Antioxidantien. Der Bedarf an Chiasamen in Deutschland ist in den letzten Jahren um das 10fache angestiegen, laut Marktforschungsinstitut Nielsen auf 23,6 Millionen Euro im vergangenen Wirtschaftsjahr (Juni 2016 bis Juni 2017). Chia in Deutschland anzubauen wäre eine gute Bereicherung für die Agrarlandschaft. Mit ihrem langen Blühzeitraum liefert sie über eine lange Zeit Nahrung für pollen- und nektarsuchende Insekten. Zudem sind blühende Chiabestände sehr schön anzuschauen und lockern die getreide- oder maislastigen Fruchtfolgen auch optisch gut auf. Um Chia längerfristig als Anbaualternative der deutschen (badenwürttembergischen) Landwirtschaft zur Verfügung stellen zu können, muss eine Weiterentwicklung der sehr wenigen vorhandenen Sorten vorgenommen werden. Hierzu sollte ein - zu Beginn kleines - Zuchtprogramm aufgebaut werden, um Erfahrungen mit der Züchtung zu sammeln und um eine erste Materialentwicklung anzustoßen.

InnoSun – Erhöhung des Ölertrages und Verbesserung der Ölqualität und Krankheitsresistenz bei der Sonnenblume unter Einsatz neuer innovativer Züchtungsmethoden

Das InnoSun-Vorhaben hat sich zum Ziel gesetzt, die Sonnenblume konkurrenz-fähiger zu machen und dadurch das Spektrum der Ölpflanzen zur nachhaltigen Erzeugung von nachwachsenden Rohstoffen für den deutschen und europäischen Markt zu erweitern. Das Ziel kann durch die Kombination von einmaligen genetischen Ressourcen, die die InnoSun-Partner in Vorarbeiten entwickelt haben, und innovativen Züchtungsstrategien, welche die gleichzeitige züchterische Verbesserung von mehreren Merkmalen (Ertrag, Ölqualität, Krankheitstoleranz) ermöglichen, umgesetzt werden.

Das InnoSun-Konsortium aus Wirtschaft und Wissenschaft zielt auf die folgenden Forschungsfelder ab:

i) Genotypische und phänotypische Evaluierung von Experimentalpopulationen auf Ölgehalt, Ölqualität, Sklerotinia-Toleranz und Frühreife ii) Entwicklung von statistischen Modellen für die multivariate genomische Selektion, iii) Identifizierung einer neuen genetischen Quelle zur Züchtung von Hochölsäure-Sonnenblumen, iv) Entwicklung kostengünstiger SNP-Genotypisierungsmethoden, v) Etablierung der multivariaten Vorhersage in der Sonnenblumenzüchtung.

Die signifikante züchterische Verbesserung der Sonnenblume wird ihre Konkurrenzfähigkeit steigern und zum Erhalt der Biodiversität in der deutschen und europäischen Landwirtschaft beitragen.

Förderung

Bundesministerium für Ernährung und Landwirtschaft (BMEL über FNR)

Laufzeit

2017 – 2021

Forschungspartner

TU München, Lehrstuhl für Pflanzenzüchtung, Prof. C.-C. Schön, Dr. C. Lehermeier; TU München, Fachgebiet für Biotechnologie gartenbaulicher Kulturen, Prof. B. Poppenberger-Sieberer

Industriepartner

KWS Saat SE, Dr. S. Wieckhorst, Dr. M. Ouzonova; TraitGenetics GmbH, Dr. M. Ganal

Wissenschaftler:innen LSA

V. Hahn



Strategien zum Schutz von Getreide vor klimabedingt zunehmenden Pilzkrankheiten

Förderung

Bundesministerium für Ernährung und Landwirtschaft (BMEL über BLE)

Laufzeit

2018 – 2022

Forschungspartner

JKI-Institut für Pflanzenschutz im Ackerbau und Grünland, Kleinmachnow: Dr. K. Flath, Dr. A.-K. Schmitt

JKI- Institut für Strategien und Folgenabschätzung, Kleinmachnow: Dr. B. Klocke
Bundessortenamt, Hannover: D. Rentel

Industriepartner

Strube Research, Söllingen: Dr. W. Akef
LIMAGRAIN, Peine-Rosenthal: Dr. J. Schacht, Dr. P. Boeven

Hegesaat GmbH & Co.KG, Singen-Bohlingen, Drs. S.+ E. Weissmann

PZO Pflanzenzucht Oberlimpurg, Schwäbisch Hall, Norbert Starck

Wissenschaftler:innen LSA

T. Miedaner / H.P. Maurer, F. Longin



Der globale Klimawandel wird die deutsche Getreideproduktion auch im Hinblick auf Resistenz vor biotischem Stress vor neue Herausforderungen stellen. Es ist zu erwarten, dass einige Erreger durch mildere Winter und wärmere Sommertemperaturen gefördert werden, z.B. Gelbrost, Ährenfusariosen, während andere Erreger neu epidemisch werden können, z.B. Schwarzrost. Neben den Rosten werden auch einige mykotoxinbildende Erreger von Ährenfusariosen durch die Erwärmung gefördert. Der komplexe Aufbau der Schwarzrost- und der rasche Wechsel der Gelbrostrassen sowie alarmierende Meldungen zum Schwarzrostaufreten in Sizilien 2016 und Schweden 2017 zeigen, dass ein Monitoring dieser windbürtigen Pathogenpopulationen ist (AP1) wichtig ist. In AP2 sollen neue Resistenzquellen durch Assoziationskartierung an einem vorselektierten Weizenpanel (280 Genotypen) und einem unselektierten Triticalepanel (1000 Genotypen) durchgeführt sowie fünf identifizierte Träger von Schwarz- und Gelbrostresistenz bei Weizen mit je 92-140 Nachkommen durch QTL-Kartierung analysiert werden. Die Prüfungen auf wirksame qualitative und quantitative Resistenzmechanismen erfolgen mit künstlicher Infektion im Adultpflanzenstadium durch multiple Phänotypisierung. Es werden Genomregionen identifiziert, die unmittelbar von den Züchtern genutzt werden können. Dabei wird auch ein Vergleich der Effizienz einer markergestützten mit der einer genomischen Selektion durchgeführt. Da Züchtung ein langwieriges Verfahren ist, müssen zur kurzfristigen Sicherung der Erträge Fungizidstrategien zur Bekämpfung des Schwarzrostes erforscht werden. In AP3 wird die Wirksamkeit von Fungiziden in Klimakammer- und Freilandversuchen im Hinblick auf Temperatur, Sorte und Applikationstermin getestet, um potente Mittel zur Kontrolle des Schwarzrostes zu finden.

Charakterisierung von Elite-Rückkreuzungslinien mit Genomsegmenten aus europäischen Flint-Landrassen mit Resistenz gegen Kolbenfusariosen

Europäische Mais-Landsorten sind wertvolle Ressourcen für die Pflanzenzüchtung. Durch die Möglichkeit, in einem Schritt Doppelhaploide (DH) zu erzeugen, können direkt aus den Landsorten wertvolle Eigenschaften in Elitezuchtmaterial übertragen werden. Im Rahmen eines Vorgängerprojektes wurden je fünf bis acht DH-Linien mit überlegener Resistenz gegen Kolbenfusariosen aus zwei alten Landsorten, „Petkuser Ferdinand Rot“ aus Petkus/Brandenburg und „Kemater Landmais Gelb“ aus Tirol/Österreich selektiert. Mit diesen wurden zusammen mit je zwei anfälligen Linien als Kontrolle unterschiedliche Kreuzungs- und Rückkreuzungsnachkommenschaften mit drei Elite-Flintlinien erstellt. Diese werden in vier Umwelten mittels phänotypischer Analyse charakterisiert. Es geht dabei um die Korrelation der Resistenzen gegen die drei wichtigen Kolbenfäule-Erreger *Fusarium graminearum*, *F. verticillioides* und *F. temperatum* mittels künstlicher Inokulation. Aus den besten Nachkommenschaften werden DH-Linien gezogen und phänotypisiert sowie genotypisiert. An den Daten werden quantitativ-genetische und assoziationsgenetische Auswertungen vorgenommen.

Förderung

Deutscher Akademischer Austauschdienst (DAAD)

Laufzeit

2020 – 2023

Industriepartner

KWS SAAT AG, Dr. B. Kessel/Dr. T. Presterl

Wissenschaftler:innen LSA

F. Akohoue / T. Miedaner



Entwicklung einer harmonisierten Methode zur Resistenzprüfung und Minimierung der Alkaloidkonzentration bei Befall von Roggen mit Mutterkorn (*Claviceps purpurea*)

Förderung

CORNET – AiF (+GFPI)

Laufzeit

2018 – 2019 (+2020)

Forschungspartner

JKI-Institut für Pflanzenschutz im Ackerbau und Grünland, Braunschweig,
Dr. B. Rodemann
Institute of Plant Protection – National Research Institute (IPP – NRI), Poznan, Polen:
Dr. A. Tratwal
AGES-Österreichische Agentur für Gesundheit und Ernährungssicherung GmbH, Wien, Österreich: M. Oberforster

Industriepartner

KWS LOCHOW, Bergen: B. Schmiedchen/Dr. J. Eifler/Dr. A. Gordillo;
HYBRO Saatzucht GmbH & Co. KG, 17291 Schenkenberg: Dr. J. Fromme
DANKO Hodowla Roślin Sp. z o.o, 64-000 Kościan, Poland: Karol Marciniak
Saatzucht Edelhof, 3910 Zwettl, Austria: F. Wieser, E. Zechner
Polish Seed Trade Association: K. Marciniak
GFPI, Bonn: Dr. J. Jacobi

Wissenschaftler:innen LSA

A. Kodisch / T. Miedaner



Mutterkorn wird von *Claviceps purpurea* verursacht und ist eine ernste Erkrankung des Roggens, die zur Bildung von schwarz-violetten Sklerotien in der Ähre führt. Wegen einer Vielzahl von toxischen Alkaloiden hat die EU-Kommission strenge Grenzwerte für den Anteil der Sklerotien im Erntegut (0,05% für menschliche Ernährung, 0,1% für Futter) erlassen. Dieses Merkmal macht jedoch nur bedingt eine Aussage über die wirkliche Toxizität einer Partie. Innovative Ziele des Antrages sind eine einheitliche Methode zur Resistenzprüfung von Roggen gegen Mutterkorn und eine Untersuchung der Alkaloidbildung in Abhängigkeit von Ort, Jahr, Land (=Umwelten), Wirtsgenotyp und Pilzisolat. Dazu werden in Deutschland, Österreich und Polen in einem standardisierten Design mit künstlicher Inokulation mehrere Feld- und Gewächshausexperimente durchgeführt, die eine getrennte Ermittlung der Bedeutung von Blümmorphologie, Pollenschüttung, physiologischer Resistenz (=Genotyp), Umwelt und deren komplexer Interaktion erlauben. Zur Ernte wird der Prozentsatz der Sklerotien, der Gesamtalkaloidgehalt anhand eines kommerziellen ELISA, sowie an einem Teil der Proben der Gehalt von 12 einzelnen Alkaloiden mit HPLC geprüft. In einem aufwändigen, methodischen Experiment wird untersucht, ob es auch bei Ausschaltung des Einflusses von Blümmorphologie und Pollenschüttung noch physiologische Resistenz gegen Mutterkorn gibt. Dies wird den Züchtern Hinweise auf die relative Bedeutung der einzelnen Faktoren geben, die sie im Selektionsprozess berücksichtigen müssen, um resistente Sorten zu erzielen.

Nutzung der genetischen Diversität europäischer Flint-Landsorten für die Resistenz gegen Kolbenfusariosen

Europäische Landsorten sind wertvolle Ressourcen für die Pflanzenzüchtung. Durch die Möglichkeit, in einem Schritt Doppelhaploide (DH) zu erzeugen, ist es möglich, direkt aus den Landsorten wertvolle Eigenschaften in Hybridzuchtmaterial zu übertragen. Ziel dieses Projektes ist die Schätzung der genetischen Varianz für Resistenz gegen Kolbenfusariosen in zwei alten Landsorten, „Petkuser Ferdinand Rot“ aus Petkus/Brandenburg und „Kemater Landmais Gelb“ aus Tirol/Österreich. Dazu wurden je Population 250 DH-Linien erstellt. Sie werden an zwei Orten in zwei Jahren und zwei Wiederholungen mittels künstlicher Infektion geprüft. Dazu wird kurz nach der weiblichen Blüte Konidiensuspension von *Fusarium graminearum* in den Narbenfadenkanal von 10 Pflanzen je Reihe injiziert. Der Pilz wächst dann, je nach Resistenzniveau der Linie, mehr oder weniger weit in den Kolben hinein und infiziert Körner und Spindel. Zur Ernte werden die Lieschblätter entfernt und der Prozentsatz infizierter Kolben bonitiert. Dieselben DH-Linien wurden mit einem 600 k SNP-Array untersucht an der TU München und nach Vorliegen der Bonitur werden quantitativ-genetische und assoziationsgenetische Auswertungen vorgenommen mit dem Ziel die für die Resistenz relevanten QTL (quantitative-trait loci) zu entdecken.

Förderung

Deutscher Akademischer Austauschdienst (DAAD) (Stipendium), KWS SAAT AG

Laufzeit

2017 - 2020

Forschungspartner

Institut für Pflanzenzüchtung, Saatgutforschung und Populationsgenetik, Prof. Dr. A.E. Melchinger;
TU München, Prof. Dr. C.C. Schön/Dr. E. Bauer

Industriepartner

KWS SAAT AG, Dr. B. Kessel/Dr. T. Presterl

Wissenschaftler:innen LSA

D.S. Gaikpa / T. Miedaner



PRIMA - PilzResistenz in Mais durch Kombination genetischer und molekularer Ressourcen mittels Präzisionszüchtung

Förderung

Bundesministerium für Ernährung und Landwirtschaft (BMEL über BLE)

Laufzeit

2017 – 2020

Forschungspartner

Georg-August-Universität Göttingen, Abt. Allgemeine Pflanzenpathologie und –schutz, Göttingen – Prof. A. von Tiedemann
Universität Hamburg, Biozentrum Klein Flottbek, Abt. Phytopathologie - Dr. C. Voigt

Industriepartner

KWS SAAT AG – Dr. B. Kessel/Dr. T. Presterl

Wissenschaftler:innen LSA

A. Galiano Carneiro Boeven / T. Miedaner

Ziel dieses Projektes ist die Verbesserung der Resistenz von Mais gegenüber Kolbenfäulen, verursacht durch *Fusarium spp.*, und *Turcicum*-Blattdürre, verursacht durch *Setosphaeria turcica*, im gemäßigten Klima. Beide Krankheiten sind die wichtigsten pilzlichen Krankheiten im Maisanbau in Deutschland und kommen auch in den Subtropen und Tropen vor. Methoden der Phytopathologie und der molekularen Züchtung werden in einem interdisziplinären Projekt kombiniert, um die Resistenz-züchtung bei Mais zu beschleunigen. Ein zentrales Ziel des Projektes ist dabei, neue Methoden für die gezielte Nutzung tropischer genetischer Ressourcen zu entwickeln und für die Züchtung in Deutschland bereitzustellen (Introgression). Dazu werden resistente tropische Maislinien mit angepassten heimischen Linien gekreuzt und in den Nachkommenschaften mittels Markeranalysen neue Resistenzgene identifiziert sowie über ein Rekurrentes Selektionsprogramm verschiedene Strategien der Introgression verglichen. Ein weiteres Projektziel ist die biotechnologische Entwicklung und Anwendung einer neuartigen Pilzresistenzquelle für Mais mittels Methoden der Präzisionszüchtung, der sogenannten Genomeditierung.



Schutz von Roggen vor Schwarzrost durch die Nutzung neuer genetischer Ressourcen und innovativer Selektionsmethoden

Zur Verbesserung der Resistenz gegen Schwarzrost bei Roggen (*Puccinia graminis f. sp. secalis*) soll eine Hochdurchsatzmethode mittels Blattsegment-Test (BST) etabliert werden. Dadurch wird der Aufwand zur Identifikation neuer Resistenzgene erheblich vermindert. Das Projekt soll (1) neue Schwarzrostresistenzgene in spaltenden selbst-fertilen Populationen genetischer Ressourcen identifizieren, (2) die Ergebnisse des BST mit denen der Feldversuche für diese Populationen vergleichen, (3) eine vergleichende QTL-Kartierung anhand der Daten der Feld- und BST-Ergebnisse durchführen, (4) die Rassendiversität und –komplexität der Schwarzrostpopulationen mit einem erweiterten Differentialsortiment in Deutschland und Polen untersuchen, (5) neu entdeckte Resistenzgene auf ihre Wirksamkeit gegen hochvirulente Isolate überprüfen. Wir werden dazu von sechs bi-parentalen Kreuzungen mit Resistenzträgern (A × R) jeweils 92 Nachkommen phänotypisch in Deutschland und Polen (BST und Feld) sowie mit einem 15k SNP-Array untersuchen. Zusätzlich werden 60 Inzuchtlinien von den drei kooperierenden Züchtungsfirmen (D, PL) untersucht. Das Projekt macht die Selektion auf Schwarzrostresistenz mit innovativen Verfahren für die Züchtung deutlich effektiver und wird für die deutschen und polnischen Unternehmen neue Märkte in Osteuropa erschließen, wo Schwarzrostresistenz unabdingbar ist.

Förderung

CORNET - AiF

Laufzeit

2019 – 2021

Forschungspartner

JKI-Institut für Pflanzenschutz im Ackerbau und Grünland, Kleinmachnow:

Dr. K. Flath; A. Witzke

Institute of Plant Protection – National Research Institute (IPP – NRI), Poznan, Polen:

Dr. A. Tratwal

Industriepartner

KWS LOCHOW, Bergen: Dr. J. Eifler/Dr. A. Gordillo;

HYBRO Saatzucht, Kleptow: Dr. F.J. Fromme

DANKO Hodowla Roślin, Kościan, Poland

National Federation of Cereal Producers

(NFPCP), Warsaw, Polen;

GFPi, Bonn: Dr. J. Jacobi

Wissenschaftler:innen LSA

P. Gruner / T. Miedaner



Nutzung von Diversität zur Entwicklung von GPS-Roggen mit Hilfe von genomischen und spektrometrischen Technologien

Förderung

Bundesministerium für Ernährung und Landwirtschaft (BMEL über FNR)

Laufzeit

2017 – 2020

Industriepartner

KWS LOCHOW GmbH – Dr. P. Steffan/Dr. A. Gordillo

Wissenschaftler:innen LSA

R. Galan / T. Miedaner



Voraussetzung für die Erzielung von Zuchtfortschritt für komplexe Merkmale, wie etwa Biomasse- und Kornleistung, ist eine ausreichend hohe genetische Diversität im Zuchtmaterial sowie Methoden zur effizienten Erschließung und Nutzung dieser Diversität. Allele, die bisher nicht in den selbstfertilen Genpools vorhanden sind, müssen aus ansonsten wenig leistungsfähigen, genetischen Ressourcen eingelagert werden. Dies ist in akzeptablen Zeiträumen mit molekularen Markern und Hochdurchsatz-Technologien für die Phänotypisierung wie etwa der Hyperspektraltechnik möglich. Übergeordnetes wissenschaftliches Ziel dieses Projektes ist die genomweite Suche nach quantitative trait loci (QTL) und ihre Lokalisation mittels Assoziationskartierung für agronomisch wichtige Merkmale der Korn- und Biomasseleistung. Neben der Vorhersage über eine Assoziationskartierung lassen sich auch genomische Indizes bilden, die im Rahmen der genomischen Vorhersage verwendet werden. In einem synergistischen Konzept können genomische und spektrometrische Indizes mit direkt erfassten agronomischen Merkmalen wie dem Biomasse- und Korn-Ertrag zu einem übergeordneten Selektionskriterium für die Entwicklung von Ganzpflanzensilage (GPS) -Hybriden gebündelt werden.

Züchtung von Stangenbohnen für den Mischanbau mit Mais

Im Jahr 2017 wurden in Deutschland auf insgesamt 2.5 Mio. ha Mais angebaut. Durch die starke Ausdehnung der Anbaufläche gerät der Maisanbau in Deutschland zunehmend in die Kritik. Die häufigsten Kritikpunkte sind ein Verlust der Bodenfruchtbarkeit und Biodiversität durch den Maisanbau. Um diesen Herausforderungen zu begegnen und den Maisanbau nachhaltiger zu gestalten, müssen Alternativen gefunden werden. Eine solche Alternative bietet der Gemengeanbau von Mais mit Stangenbohnen. Mais und Bohnen verbindet eine Koevolution in ihren nord-, mittel- und südamerikanischen Herkunftsländern. Mehr als 2000 Jahre sind sie zusammen angebaut und aufeinander hin selektiert worden. Deshalb ist es aussichtsreich, den beiden Kulturarten auf züchterischem Weg ihre ursprüngliche Fähigkeit zur Mischkultur zurückzugeben. Die Mischkultur von Mais mit Stangenbohnen hat das Potenzial, Ertragsleistung, Biodiversität und Bodenfruchtbarkeit zu vereinen. Der Mais fungiert als Leistungsträger, die Bohne bringt für Insekten und Bodenbrüter nutzbare Biodiversität in die Feldbestände und stellt eine flexible N-Quelle dar. Darüber hinaus wird in diesem System die Erosionsgefahr verringert, da freie Bodenflächen durch die Bohne geschützt sind. Gelingt es, den Gemengeanbau von Mais mit Stangenbohnen zur Praxisreife zu bringen, so ist davon auszugehen, dass dieses Anbausystem auf einem großen Anteil der derzeitigen Silomaisfläche übernommen wird und dass die damit einhergehenden ökologischen Vorteile großflächig genutzt werden können. Durch die meist großen Maisschläge, würden somit große zusammenhängende Biodiversitätsrefugien für Vögel und Insekten geschaffen und es würde der Herbizid Einsatz, aufgrund der Herbizidunverträglichkeit der Bohne, drastisch reduziert.

Förderung

Ministerium für Ländlichen Raum und Verbraucherschutz Ba-Wü

Laufzeit

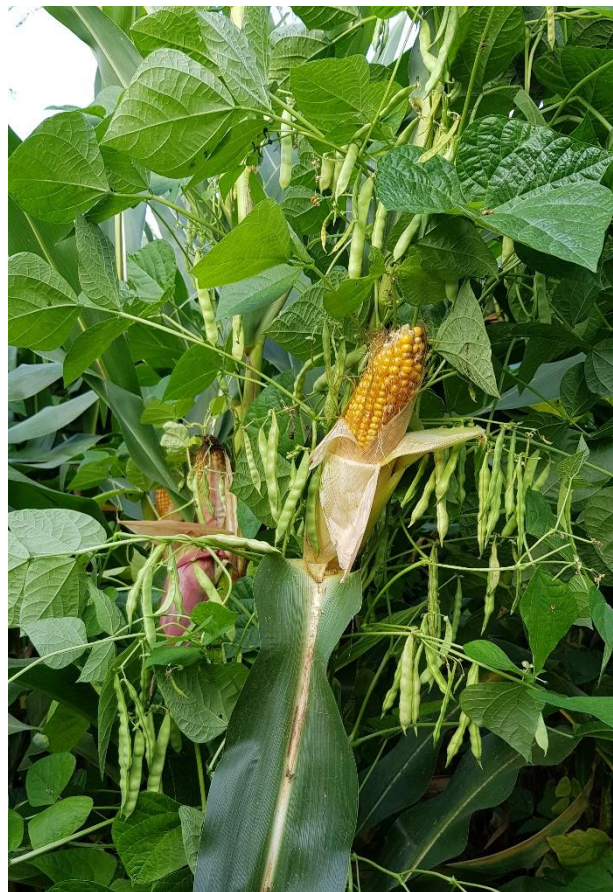
2018 – 2021

Industriepartner

Sativa Rheinau AG

Wissenschaftler:innen LSA

W. Leiser



Sino-German International Research Training Group (IRTG 2366) Adaptation of maize-based food-feed-energy systems to limited phosphate resources

Förderung

DFG

Laufzeit

2018 – 2023 bzw. 2027

Forschungspartner

11 Institute der Universität Hohenheim

Wissenschaftler:innen LSA

W. Leiser



Phosphat gelangt über Düngung und Futter in den landwirtschaftlichen Stoffkreislauf und hier über verschiedene Schritte von der Primärproduktion über Futter, Nahrung und Biomassekonversion in tierische Ausscheidungen, Abwasser und organische Abfälle. Auf diesem Weg wird Phosphat teils ungenutzt in Böden angereichert, während große Anteile durch Erosion sowie über die Abfall- und Abwasserströme den landwirtschaftlichen Stoffkreislauf in die Umwelt verlassen. Phosphat ist ein begrenzter, essentieller Nährstoff (Reichweite ca. 350 Jahre). Auswirkungen der Limitierung eines essentiellen Nährstoffs und des damit verbundenen ökonomischen Drucks sind weitgehend unbekannt. Das Schließen des Phosphatkreislaufs und die Senkung des Verbrauchs primärerer Phosphate sind grundlegende Herausforderungen. Mais ist eine der bedeutendsten Kulturpflanzen mit hohen Phosphatansprüchen besonders in der Jugendentwicklung und so ideal zur Untersuchung der Auswirkungen einer Phosphatlimitierung geeignet. Zusammen repräsentieren China und Deutschland die gesamte Breite maisbasierter Produktionsketten in weiten Klimabereichen.

Interdisziplinär untersuchen wir (1) das genetische Potential von Maispopulationen zur Anpassung an eine Phosphatlimitierung, (2) Anpassungsmöglichkeiten von Maisanbausystemen an Phosphatlimitierung, (3) mechanistische Interaktionen der Produkte mit einer weiteren Verwertung in der Human- und Tierernährung sowie Phosphatgewinnung durch Biomassekonversion. (4) Eine ökonomische Evaluierung erfolgt auf verschiedenen Skalen. Feldversuche in China und Deutschland ermöglichen ergänzende und vergleichende Analysen. Genetische und molekulare Methoden, moderne Spektroskopie, ökonomische Untersuchungen sowie Modellierung sind Eckpunkte des weiten Methodenspektrums.

Züchtung

Die LSA hat aktuell Zuchtprogramme in den Kulturarten Chia, Dinkel, Durum, Einkorn, Emmer, Roggen, Soja und Triticale. Basierend auf den landwirtschaftlichen und gesellschaftlichen Anforderungen untersucht die LSA stets das Potential neuer Arten. Aktuell werden die Arten, Buchweizen, Kichererbsen, Lein, Linsen, Saflor und Stangenbohnen geprüft.

Zuchtmaterial

Im Jahr 2020 konnten insgesamt 105 Zuchtstämme der LSA an verschiedene Züchter abgegeben werden. Eine sehr starke Nachfrage wurde in den Kulturarten Soja, Weizen und Triticale verzeichnet (Tab. 1). Besonders hervorzuheben ist auch die sehr große Anzahl an neuen direkten Sortenanmeldungen aus LSA Sojazuchtmaterial (Tab. 2).

Tab. 1: Abgegebene Zuchtstämme der LSA im Jahr 2020.

Kulturart	Zuchtstämme
Dinkel	6
Durum	4
Emmer	2
Soja	42
Triticale	22
Weizen (Pre-Breed)	29

Tab. 2: Sortennamen neu zugelassener Sorten, welche aus LSA Zuchtstämmen entwickelt wurden.

Kulturart	Sortenname
Dinkel	Alarich, Franckentop, Badenjuwel, Lohengrin, Hildegard
Einkorn	LD Phi, Monoverde, Aurifex SZS
Soja	Frodo (Ru), Aztek (Ru), Pocahontas (Hu, D), Canyon (Ru), Smaragd (Ru), Wapiti (D), Proplus PZO (At), Nessie PZO (At, D), Ceres PZO (D, PI), Sussex (D), Timor PZO (D), Cantate PZO (D), Orakel PZO (At), Magnolia PZO (PI, D), Sully PZO (PI), Simoncine Szs (D), Tofina (At), Tori (D).
Triticale	Rescue PZO
Roggen*	SU Skaltio (PI), SU Allawi (D), SU Performer (D), SU Satellit (D, PI), SU Forsetti (D), SU Stakkato (Lit)
Chia	Juana

*Bestäuberkomponente

Publikationen

Die LSA veröffentlicht in wissenschaftlichen internationalen Journalen, d.h. die Artikel sind peer-reviewed, und aber auch in Zeitschriften der Landwirtschaft, sowie deren vor- und nachgelagerten Bereichen. Außerdem werden Beiträge in anderen Medienformaten, wie TV, Bücher, Konferenzen, veröffentlicht. Im Folgenden sind die aktuellsten Veröffentlichungen aufgelistet, jeweils unterteilt in Mediengruppen.

Peer-Reviewed

2021

- Afzal, M., M. Sielaff, V. Curella, M. Neerukonda, K. El Hassouni, D. Schuppan, S. Tenzer, and C.F.H. Longin. (2021). Characterization of 150 wheat cultivars by LC-MS based label-free quantitative proteomics unravels possibilities to design wheat better for baking quality and human health. *Plants* 10: 424, doi.org/10.3390/plants10030424
- Gaikpa, D. S., Kessel, B., Presterl, T., Ouzunova, M., Galiano-Carneiro A. L., Mayer, M., Melchinger, A. E., Schön C. C., and Miedaner, T. (2021). Exploiting genetic diversity in two European maize landraces for improving *Gibberella* ear rot resistance using genomic tools. *Theoretical and Applied Genetics*, 134, 793-805 <https://doi.org/10.1007/s00122-020-03731-9>
- Galán, R. J., Bernal-Vasquez, A.-M., Jebsen, C., Piepho, H.-P., Thorwarth, P., Steffan, P., Gordillo, A., and Miedaner, T. (2021). Early prediction of biomass in hybrid rye based on hyperspectral data surpasses genomic predictability in less-related breeding material. *Theoretical and Applied Genetics*. <https://doi.org/10.1007/s00122-021-03779-1>
- Galiano-Carneiro, A. L., Kessel, B., Presterl, T., Gaikpa D. S., Kistner M. B., and Miedaner, T. (2021). Multi-parent QTL mapping reveals stable QTL conferring resistance to *Gibberella* ear rot in maize. *Euphytica*, 217:2. <https://doi.org/10.1007/s10681-020-02748-x>
- Galiano-Carneiro, A., Kessel, B., Presterl, T., and Miedaner, T. (2021). Intercontinental trials reveal stable QTL for Northern corn leaf blight resistance in Europe and in Brazil. *Theoretical and Applied Genetics*, 134, 63-79. <https://doi.org/10.1007/s00122-020-03682-1>
- Gruner, P., Schmitt, A.-K., Flath, K., Piepho, H.-P., and Miedaner, T. (2021). Mapping and validating stem rust resistance genes directly in self-incompatible genetic resources of winter rye. *Theoretical and Applied Genetics*. <https://doi.org/10.1007/s00122-021-03800-7>
- Laidig, F., Feike, T., Hadasch, S., Rentel, D., Klocke, B., Miedaner, T., and Piepho, H.-P. (2021). Breeding progress of disease resistance and impact of disease severity under natural infections in winter wheat variety trials. *Theoretical and Applied Genetics*. <https://doi.org/10.1007/s00122-020-03728-4>
- Li, D., Z. Chen, M. Wang, W.L. Leiser, T.M. Weiß, Z. Zhao, S. Cheng, S. Chen, F. Chen, L. Yuan, T. Würschum, and W. Liu (2021). Dissecting the phenotypic response of maize to low phosphorus soils by field screening of a large diversity panel. *Euphytica* 217: 12. doi:10.1007/s10681-020-02727-2.
- Miedaner, T., Lieberherr, B., Gaikpa, D.S. (2021). Aggressiveness of *Fusarium culmorum* isolates for head blight symptoms is highly stable across four cereal crops. *J. Phytopathol.* <https://doi.org/10.1111/jph.12995>
- Miedaner, T. and Juroszek P. (2021). Global warming and increasing maize cultivation demand comprehensive efforts in disease and insect resistance breeding in north-western Europe. *Plant Pathology*. <https://doi.org/10.1111/ppa.13365>
- Miedaner, T. and Juroszek, P. (2021). Climate change will influence disease resistance breeding in wheat in Northwestern Europe. *Theoretical and Applied Genetics*. <https://doi.org/10.1007/s00122-021-03807-0>
- Neuweiler, J.E., H.P. Maurer, and T. Würschum. (2021). Genetic architecture of

phenotypic indices for simultaneous improvement of protein content and grain yield in triticale (*×Triticosecale*). *Plant Breeding*. doi: <https://doi.org/10.1111/pbr.12894>

Ponomareva, M. L., Gorshkov, V. Y., Ponomarev, S. N., Korzun, V., and Miedaner, T. (2021). Snow mold of winter cereals: a complex disease and a challenge for resistance breeding. *Theoretical and Applied Genetics*, 134, 419-433. <https://doi.org/10.1007/s00122-020-03725-7>

Sielaff, M., V. Curella, M. Neerukonda, M. Afzal, K. El Hassouni, U. Distler, D. Schuppan, C. F. H. Longin and S. Tenzer. (2021). Hybrid QconCAT-Based targeted absolute and data-independent acquisition-based label-free quantification enables in-depth proteomic characterization of wheat amylase/trypsin inhibitor extracts. *Journal of proteome research*, doi.org/10.1021/acs.jproteome.0c00752

Zhu, X., W.L. Leiser, V. Hahn, and T. Würschum (2021). Identification of seed protein and oil related QTL in 944 RILs from a diallel of early-maturing European soybean. *The Crop Journal* 9: 238–247. doi:10.1016/j.cj.2020.06.006.

Zhu, X., W.L. Leiser, V. Hahn, and T. Würschum (2021). Identification of QTL for seed yield and agronomic traits in 944 soybean (*Glycine max*) RILs from a diallel cross of early-maturing varieties. *Plant Breeding* doi: doi.org/10.1111/pbr.12900.

2020

Afzal, M., J. Pfannstiel, J. Zimmermann, S.C. Bischoff, T. Würschum, and C.F.H. Longin. (2020). High-resolution proteomics reveals differences in the proteome of spelt and bread wheat flour representing targets for research on wheat sensitivities. *Scientific reports* 10, 14677, doi.org/10.1038/s41598-020-71712-5

Boeven, P.H.G., Y. Zhao, P. Thorwarth, F. Liu, H.P. Maurer, M. Gils, R. Schachschneider, J.

Schacht, E. Ebmeyer, E. Kazman, V. Mirdita, J. Dörnte, S. Kontowski, R. Horbach, H. Cöster, J. Holzapfel, A. Jacobi, L. Ramgraber, C. Reinbrecht, N. Starck, P. Varenne, A. Starke, F. Schürmann, M. Ganai, A. Polley, J. Hartung, S. Beier, U. Scholz, C.F.H. Longin, J.C. Reif, Y. Jiang, T. Würschum. (2020). Negative dominance and dominance-by-dominance epistatic effects reduce grain-yield heterosis in wide crosses in wheat. *Science Advances* 6: Article number EAAY4897. doi: 10.1126/sciadv.aay4897

Castiblanco, V., Castillo, H.E., and Miedaner, T. (2020). Be flexible and adapt easily-The great role of plasticity relative to genetic variation for aggressiveness of *Fusarium culmorum* isolates. *Journal of Phytopathology*, 168, 162-174. <https://doi.org/10.1111/jph.12878>

Gaikpa, D.S., Koch, S., Fromme, F.J., Siekmann, D., Würschum, T., and Miedaner, T. (2020). Genome-wide association mapping and genomic prediction of *Fusarium* head blight resistance, heading stage and plant height in winter rye (*Secale cereale*). *Plant Breeding*, 139, 508-520. <https://doi.org/10.1111/pbr.12810>

Gaikpa, D.S., Lieberherr, B., Maurer, H.P., Longin, C.F.H., and Miedaner, T. (2020). Comparison of rye, triticale, durum, and bread wheat genotypes for *Fusarium* head blight resistance and deoxynivalenol contamination. *Plant Breeding*, 139, 251-262. <https://doi.org/10.1111/pbr.12779>

Galán, R. J., Bernal-Vasquez, A. M., Jebsen, C., Piepho, H.-P., Thorwarth, P., Steffan, P., Gordillo, A., and Miedaner, T. (2020). Integration of genotypic, hyperspectral, and phenotypic data to improve biomass yield prediction in hybrid rye. *Theoretical and Applied Genetics*, 133, 3001-3015. <https://doi.org/10.1007/s00122-020-03651-8>

Galán, R.J., Bernal-Vasquez, A., Jebsen, C., Piepho, H.-P., Thorwarth, P., Steffan, P., Gordillo, A., and Miedaner, T. (2020). Hyperspectral reflectance data and agronomic

- traits can predict biomass yield in winter rye hybrids. *BioEnergy Research*, 13, 168-182. <https://doi.org/10.1007/s12155-019-10080-z>
- Geisslitz, S., C.F.H. Longin, P. Koehler and K. A. Scherf. (2020). Comparative quantitative LC-MS/MS analysis of 13 amylase/trypsin inhibitors in ancient and modern *Triticum* species. *Scientific reports* 10: 14570, doi.org/10.1038/s41598-020-71413-z
- Gruner, P., Schmitt, A.-K., Flath, K., Schmiedchen, B., Eifler, J., Gordillo, A., Schmidt, M., Korzun, V., Fromme, F.-J., Siekmann, D., Tratwal A., Danielewicz, J., Korbas, M., Marciniak, K., Kyrzstofik, R., Niewińska, M., Koch, S., Piepho, H.-P., and Miedaner T. (2020). Mapping stem rust (*Puccinia graminis* f. sp. *secalis*) resistance in self-fertile winter rye populations. *Frontiers in Plant Science*, 11:667. <https://www.frontiersin.org/articles/10.3389/fpls.2020.00667/full>
- Groth, S., R. Wittmann, C.F.H. Longin, and Volker Böhm. (2020). Influence of variety and growing location on carentoid and vitamin E contents of 184 different durum wheat varieties in Germany. *European Food Research and Technology*, doi.org/10.1007/s00217-020-03557-1
- Jähne, F., V. Hahn, T. Würschum, and W.L. Leiser (2020). Speed breeding short-day crops by LED-controlled light schemes. *Theor Appl Genet* [doi:10.1007/s00122-020-03601-4](https://doi.org/10.1007/s00122-020-03601-4).
- Kodisch, A., Oberforster, M., Raditschnig, A., Rodemann, B., Tratwal, A., Danielewicz, J., Korbas, M., Schmiedchen, B., Eifler, J., Gordillo, A., Siekmann, D., Fromme, F. J., Wuppermann, F. N., Wieser, F., Zechner, E., Niewińska, M., and Miedaner, T. (2020). Covariation of ergot severity and alkaloid content measured by HPLC and one ELISA method in inoculated winter rye across three isolates and three European countries. *Toxins*, 12:676. <https://doi.org/10.3390/toxins12110676>
- Kodisch, A., Wilde, P., Schmiedchen, B., Fromme, F.-J., Rodemann, B., Tratwal, A., Oberforster, M., Wieser, F., Schiemann, A., Jørgensen, L.N., and Miedaner T. (2020). Ergot infection in winter rye hybrids shows differential contribution of male and female genotypes and environment. *Euphytica*, 216:65. <https://doi.org/10.1007/s10681-020-02600-2>
- Liu, F., Y. Zhao, S. Beier, Y. Jiang, P. Thorwarth, C. F. H. Longin, M. Ganal, A. Himmelbach, J.C. Reif, A. W. Schulthess. (2020). Exome association analyses sheds light onto leaf rust (*Puccinia triticina*) resistance genes currently used in wheat breeding (*Triticum aestivum* L.). *Plant Biotech Journal* 18: 1396 - 1408
- Longin, C.F.H., H. Beck, A. Gütler, H. Gütler, W. Heilig, J. Zimmermann, S.C. Bischoff, and T. Würschum. (2020). Influence of wheat variety and dough preparation on FODMAP content in yeast-leavened wheat breads. *Journal of Cereal Science*, doi.org/10.1016/j.jcs.2020.103021
- Marone, D., M. Rodriguez, S. Saia, R. Papa, D. Rau, I. Pecorella, G. Laido, N. Pecchioni, J. Lafferty, M. Rapp, C.F.H. Longin and P. De Vita. (2020). Genome-wide association mapping of prostrate/erect growth habit in winter durum wheat. *International Journal of Molecular Sciences* 21, 394; [doi:10.3390/ijms21020394](https://doi.org/10.3390/ijms21020394)
- Miedaner, T., Galiano-Carneiro Boeven, A. L., Gaikpa, D. S., Kistner, M. B., and Grote, C. P. (2020). Genomics-assisted breeding for quantitative disease resistances in small-grain cereals and maize. *International Journal of Molecular Sciences* 21:9717. <https://doi.org/10.3390/ijms21249717>
- Miedaner, T., Akel, W., Flath, K., Jacobi, A., Taylor, M., Longin, F., and Würschum, T. (2020). Molecular tracking of multiple disease resistance in a winter wheat diversity panel. *Theoretical and Applied Genetics*, 133, 419-431. <https://doi.org/10.1007/s00122-019-03472-4>

- Moreno-Amores, J., Michel, S., Miedaner, T., Longin, C.F.H., and Buerstmayr, H. (2020). Genomic predictions for Fusarium head blight resistance in a diverse durum wheat panel: an effective incorporation of plant height and heading date as covariates. *Euphytica*, 216:22. <https://doi.org/10.1007/s10681-019-2551-x>
- Neuweiler, J.E., H.P. Maurer, and T. Würschum. (2020). Long-term trends and genetic architecture of seed characteristics, grain yield and correlated agronomic traits in triticale (*×Triticosecale* Wittmack). *Plant Breeding* 139:717-729. doi: 10.1111/pbr.12821
- Sommerfeld, V., H. Steingaß, C.F.H. Longin, and M. Rodehutschord. (2020). Investigation on the variation of chemical composition and in vitro nutritive value of spelt (*Triticum aestivum* ssp. *spelta*) for ruminants. *J Anim Physiol Anim Nutr*, doi: 10.1111/jpn.13307
- Trini, J., H.P. Maurer, S. Weissmann, and T. Würschum. (2020). Hybrid breeding for biomass yield in winter triticale: II. Combining ability and hybrid prediction. *Plant Breeding* 139:906-915. doi: 10.1111/pbr.12816
- Würschum, T., W.L. Leiser, S.M. Langer, M.R. Tucker, and T. Miedaner (2020). Genetic Architecture of cereal leaf beetle resistance in wheat. *Plants* 9: 1117. doi:10.3390/plants9091117.
- Würschum, T., S.M. Langer, C.F.H. Longin, M.R. Tucker, and W.L. Leiser (2020). Refining the genetic architecture of flag leaf glaucousness in wheat. *Theor Appl Genet* 133: 981–991. doi:10.1007/s00122-019-03522-x.
- Würschum, T., F. Jähne, A.L. Phillips, S.M. Langer, C.F.H. Longin, M.R. Tucker, and W.L. Leiser (2020). Misexpression of a transcriptional repressor candidate provides a molecular mechanism for the suppression of awns by *Tipped 1* in wheat. *J Exp Bot* doi:10.1093/jxb/eraa106.

Medienbeiträge

2021

- Afzal M. und F. Longin – Emmer: die erfolgreiche Etablierung einer neuen Art erfordert intensives Screening und züchterische Arbeit. *Mühle + Mischfutter*, Febr 2021, 66-70
- Gräff-Hönninger S., F. Longin – Trendpflanze Buchweizen: Agronomie und Inhaltsstoffe verschiedener Sorten im heimischen Anbau, *Getreide, Mehl und Brot*
- Leiser W.L., 2021. Ein erfolgreiches Duo. *BWAgar.* 10. 23-26
- Leiser W.L., 2021. Why intercropping with beans can improve silage. *Farmers Weekly online.* 05.03.2021
- Leiser W.L., 2021. Stokbonen gaan goed samen met snijmaïs. *Melkvee.* 2. 16-17
- Longin F. – Buchweizen – Hohenheimer Forscher wollen eigene Sorte züchten, DPA, Zeit online, Focus online, RTL.de, Süddeutsche, Stuttgarter Zeitung, Haller Tagblatt, Tübinger Tagblatt, Südwestpresse
- Longin, F. – Buchweizen, SWR – Landeschau, 6.4.2021 und SWR4-Radio am 6.4.2021
- Longin, F. – Buchweizen, Radio 1 Berlin Brandenburg, 3.4.2021
- Longin F. – Feldversuche mit Dinkel, Emmer und Einkorn; *Weck LandJournal – März/April 2021*
- Miedaner, T. Die Funktionsweise und die Möglichkeiten von CRISPR/Cas in der Pflanzenzüchtung. *Studientag der Katholischen Akademie Freiburg*, 06.03.2021; www.youtube.com/watch?v=EyKteLH1Sco

2020

- Leiser W.L., 2020. Auf die Bohne kommt es an. *DLG-Saatgutmagazin.* Winter. 8-9

- Leiser W.L., Mund F., 2020. Das bringt der Mix von Mais mit Stangenbohnen im Anbau. TopAgrar online 11.12.2020
- Longin, F. – Der Mythos vom guten deutschen Brot, ZDF, 26.1.2020, 16.30 Uhr in planet e
- Longin – Das Geschäft mit unseren Lebensmitteln, Beitrag zu Pflanzenzüchtung, 10.11.2020, 21.15, SWR Fernsehen
- Longin, F. – Bäckerhandwerk trifft Wissenschaft – Wissenskommunikation neu gedacht mit eigener Webpage und zahlreichen Kurzfilmen, <https://beckawissen.de>
- Longin, F. – Die Wertschöpfungskette bei Weizen; ein kurzes Erklärvideo auf YouTube Kanal von F. Longin; <https://www.youtube.com/watch?v=sscZJpA0P0c>
- Longin, F. – Wie funktioniert praktische Pflanzenforschung; ein kurzes Erklärvideo auf YouTube Kanal von F. Longin; <https://www.youtube.com/watch?v=jsvjVeWuDsA&t=17s>
- Longin, F. – Weizenwertschöpfungskette verstehen = Goldgrube für Bäcker, Online Vortrag in der Facebookgruppe „Breadmania“
- Longin, F. – Weizenwertschöpfungskette nutzen; ein Online - Erklärvideo auf YouTube Kanal von F. Longin; <https://www.youtube.com/watch?v=tLcXlahCJi8>
- Longin, F. – Was ist Urgetreide und wie nutzt man es am besten? Online Talkrunde der Urkornexperten mit Bäckermeister und Brotsommelier Christoph Heger und Bäckermeister und Inhaber der Bäckerei Brücklmaier Sebastian Brücklmaier, 1.12., 8.12. und 15.12.2020
- Longin, F. – Darf es ein bisschen mehr sein? Gastkolumne, Fachblatt der Richemont Backschule Luzern, 06/2020
- Longin, F. – Weizensorten im Geschmacksvergleich, DLG-Lebensmittel 02/2020, S.10-11
- Longin, F. – Moderne und alte Weizensorten schmecken gleich gut, Fachblatt der Richemont Backschule Luzern, 02/2020
- Longin, F. – Brotaroma: Moderne und alte Weizensorten schmecken gleich gut, Mühle + Mischfutter, 157/01/2020
- Longin, F. – Kommunizieren Sie, was Bauern, Müller und Bäcker Gutes tun, panissimo, 12.6.2020, Nr 11-12, S. 7
- Longin, F. – Backwaren besser als ihr Ruf, FODMAPs in den meisten Broten sehr gering, u.a. Getreide Mehl und Brot, Mühle & Mischfutter, Allgemeine Bäckerzeitung
- Longin, F. – Jeden Tag Neues zum alten Getreide – Stuttgarter Nachrichten/ Stuttgarter Zeitung 3.12.2020
- Miedaner, T. 2020. Welche Ziele verfolgt die Hybridroggenzüchtung? top agrar. Ausgabe 6, Verlagsbeilage „top Spezial Hybridroggen“, S. 6-7.
- Miedaner, T., 2020. „Alles, was die Pflanzenzüchtung beschleunigt, ist eine positive Sache“. Steinbeis Transfer-Magazin 3:17-19.
- Miedaner, T., 2020. Pflanzenzüchtung der Zukunft – Von Mendel zur Genomeditierung. Internet: <https://www.youtube.com/watch?v=KwyAFIFbW7A>
- Miedaner, T. und Galiano-Carneiro, A.L. 2020. Neue Zuchterfolge gegen Turcicum-Blattflecken. DLG Saatgut-Magazin Winter, S. 10-12.
- Miedaner, T. und A. Kodisch. 2020. Mutterkorn – Altes Problem, neue Brisanz. DLG Saatgut-Magazin Sommer 2020. S. 12-13.
- Miedaner, T., H.P. Maurer und K. Flath. 2020. Multitalente gesucht! DLG Saatgut-Magazin Sommer 2020. S. 2-5.
- Miedaner, T. 2020. Welche Sorte soll es sein? Ährenfusarium in Weizen. Wochenblatt Magazin. S. 17-19.

Bücher/Buchbeiträge

2021

2020

Ausgewählte Konferenzbeiträge

2021

Leiser, W.L., Breeding climbing beans for intercropping with maize: From research to application, Intercropping for sustainability Research developments and their application. Virtual conference 18–20. 01. 2021

Leiser, W.L., Breeding for alternative production systems, CCPB ETH-Zürich, Virtuell per Zoom, 26.01.2021

Leiser, W.L., Maize and climbing beans: more protein, yield and biodiversity, Maize Growers Association UK, Virtuell per Zoom, 23.02.2021

Leiser, W.L., Mehr Leistung durch Züchtung: Mais-Stangenbohnen-Ergebnisse aus 2019 und 2020, DMK Werkstattgespräch „Mais-Bohnen-Gemeinde“, Virtuell per WebEx, 25.02.2021

Longin, F. – Dinkel, Emmer und Einkorn – viel im Gespräch aber was steckt dahinter? 35. Detmolder Studententage für Berufsschullehrer, Arbeitsgemeinschaft für Getreideforschung Detmold, online, 23.2.2021

Longin, F. – Sortenwahl als zentraler Faktor zur erfolgreichen Etablierung alternativer Arten, 30. Getreide-Tagung, Arbeitsgemeinschaft für Getreideforschung Detmold, online, 10.3.2021

Longin, F. – Dinkel – Herkunft, Qualität und Unterscheidbarkeit zu Weizen, Online Seminar der Arbeitsgemeinschaft für Getreideforschung Detmold, 16.3.2021

Longin, F. – Macht Weizen wirklich krank? Webinar des Vereins der Backbranche, 18.3.2021

Miedaner, T. - Innovationen in der klassischen Getreidezüchtung. LEL-Fortbildung „Pflanzenproduktion 2021“, 26./27. Januar 2021

2020

Galiano-Carneiro A. L., B. Kessel, T. Presterl, M. Ouzunova, and T. Miedaner. 2020. Harnessing Brazilian germplasm for the improvement of resistance to Northern corn leaf blight (NCLB) in European maize programs. In: Vereinigung der Pflanzenzüchter und Saatgutkaufleute Österreichs (Ed), 70. Jahrestagung 2019, 25-27 November, Raumberg-Gumpenstein, pp 45-46. BOKU-University and Life Sciences, Vienna, Austria. ISBN-13: 978-3-900932-73-2.

Hahn, V., Breeding Research on Soybean. Corteva-Webinar, virtuell per Zoom, 22.7.2020.

Hahn, V., Sojabohnen auf mitteldeutschen Äckern - was lässt die Pflanzenzüchtung erwarten? UFOP-Perspektivforum, Dresden, 23.09.2020. <https://youtu.be/vw12JplOgBQ>

Jenz, M., Möller, K., Maurer H.P., Nieberg, D., Würschum T., Ruckelshausen, A.: Automatisierte Kennzeichnung von Parzellengrenzen im Versuchsanbau mit Hilfe eines RTK-GPS Systems zur parzellenbasierten Sensordatenzuordnung in: Ruckelshausen, A., Schwarz, H.-P., Theuvsen, B. (Hrsg.): Informatik in der Land-, Forst-, und Ernährungswirtschaft, Referate der 37. GIL-Jahrestagung, 6.-7. März 2017, Dresden, S.73-76, ISBN: 978-3-88579-662-6

König, P. D., Maurer, H-P., Jenz, M., Möller, K., Neuweiler, J., Nieberg, D., Trini, J., Würschum, T., Ruckelshausen, A.: Einsatz eines Thermografiekamerasystems in der Hochdurchsatz-Phänotypisierung von Getreidefeldversuchen. In: Gandorfer, M., Meyer-Aurich, A., Bernhardt, H., Maidl, F. X., Fröhlich, G., Floto, H. (Hrsg.): GI Edition Proceedings Band 299 - Informatik in der Land-, Forst-, und Ernährungswirtschaft, Referate der 40. GIL-Jahrestagung, 17.– 18. Februar 2020,

- Freising-Weihenstephan, S. 139-144, ISBN: 978-3-88579-693-0
- Leiser, W.L., Stand der Stangenbohnenzüchtung für den Gemengeanbau mit Mais. DMK Werkstattgespräch „Mais-Bohnen-Gemenge“, Fulda, Deutschland, 19.02.2020
- Leiser, W.L., Stand der Stangenbohnenzüchtung für den Gemengeanbau mit Mais. Digitaler Feldtag Mais-Gemenge-Anbau, Nürtingen, Deutschland, 24.06.2020
- Leiser, W.L., Mais-Stangenbohnen Mischkultur: aktueller Stand Überblick, MOVO-Zaden Feldtag, Breklenkamp, Holland, 09.09.2020
- Longin, F. – Ancient grains einkorn, emmer, spelt – success depends on stable supply chain; 5th Grain school of University of Colorado Springs, Colorado Springs, USA, 19-21 Januar 2020
- Longin, F. – Weizen – Wertschöpfungskette und verschenktes Potential der Bäcker, Webinar der Akademie des deutschen Bäckerhandwerks Weinheim, 23.4.2020
- Longin, F. – Urgetreide – Chancen und Risiken entlang der Wertschöpfungskette, Webinar der Akademie des deutschen Bäckerhandwerks Weinheim, 23.4.2020
- Longin, F. – Weizen – vom Grundnahrungsmittel zum Krankmacher und was trägt Züchtung und Klimawandel bei? Webinar der Arbeitsgemeinschaft Getreideforschung e.V. Detmold, 6.5.2020
- Longin, F. – Wertschöpfungskette beim Weizen – Facts und Visionen für erfolgreiche Bäcker, Webinar des Verbands der VDB-Vereinigung der Backbranche, 20.5.2020
- Longin, F. – Die Bedeutung der Wertschöpfungskette für eine umweltbewusste Weizenproduktion; Online Diskussionsforum „Viren & Visionen“ der Umweltakademie Stuttgart
- Longin, F. – Weizenproduktion im Zeichen sich ändernder Rahmenbedingungen, 13. Wissenschaftliches Symposium, Verband der Getreide-, Mühlen- und Stärkewirtschaft VGMS e.V.
- Longin, F. – Durum production and breeding in Germany, Online Symposium of the Durum expert working group of the International Wheat Initiative
- Longin, F. – Pre-breeding for quantitative traits in wheat. BreedWheat Meeting – Advances and Beyond, 03.12.2020, online

Studentische Abschlussarbeiten

2021

Doktor

Castiblanco Vargas, V., Molecular and phenotypic diversity in populations of *Fusarium culmorum* on cereal hosts. Betreuer: Miedaner, T.

Galán, R. J., Integration of hyperspectral, genomic, and agronomic data for early prediction of biomass yield in hybrid rye (*Secale cereale* L.), Betreuer: Miedaner, T.

2020

Doktor

Gaikpa, D.S., Breeding for resistance to *Fusarium* ear diseases in maize and small-grain cereals using genomic tools. Betreuer: Miedaner, T.

Galiano Carneiro, A.L., Genomics-assisted breeding strategies for quantitative resistances to Northern corn leaf blight in maize (*Zea mays* L.) and *Fusarium* diseases in maize and in triticale (*×Triticosecale* Wittm.). Betreuer: Miedaner, T.

Rapp, M., Genetic architecture of quality traits in wheat. Betreuer: Longin, F.

Master

Schwarzwälder, L., Evaluation of phenotypic floral and flowering traits and their genetic architecture with relevance for hybrid wheat breeding. Betreuer: Longin, F.

Rahaman, Md. A., Statistical analysis of data from the field phenotyping platform

“BreedVision”. Betreuer: Piepho, H.P., Maurer, H.P.

Pashapu, A.R., Quantitative-genetic evaluation of morphological traits in triticale. Betreuer: Würschum, T., Maurer, H.P.

Overbeck, F., Genetische Untersuchungen zur Resistenz von selbstfertilem Roggen gegen Ährenfusariosen. Betreuer: Miedaner, T., Vögele, R.

Bachelor

Rose, M., Genetische Variation und Kovariation bei Linien- und Testkreuzungsleistung auf Resistenz gegen Ährenfusariosen bei Winterroggen. Betreuer: Miedaner, T.

Invanova, T., Analyse von Sensordaten der BreedVision Feldphänotypisierungsplattform. Betreuer: Würschum, T., Maurer, H.P.

Lenhardt, M., Zusammenhang zwischen Ährenfusariosen und Kurzstrohgenen in einem großen Winterweizen-Sortiment. Betreuer: Miedaner, T.

Gremientätigkeiten

Die LSA ist durch ihre Mitarbeiter:innen in Gremien der Selbstverwaltung (Universität Hohenheim) und in Externen Gremien vertreten. Tabelle 3 gibt Aufschluss über die Mitgliedschaften.

Tab. 3: Gremientätigkeiten von Mitarbeiter:innen der LSA.

Tätigkeit	Person		
Selbstverwaltung			
Mitglied des Ausschusses der Versuchsstation Agrarwissenschaften (400)	W. Leiser	Mitglied im Getreideausschuss der Arbeitsgemeinschaft Getreideforschung e.V. in Detmold	F. Longin
Mitglied des Ausschusses der Serviceeinheit Hohenheimer Gewächshäuser (680)	V. Hahn	Mitglied des External Advisory Board, „Breedwheat“, Frankreich	F. Longin
Externe Gremien			
Leiter des Arbeitsgebiets Öl- und Eiweißpflanzen der Gesellschaft für Pflanzenzüchtung e.V.	V. Hahn	Mitglied in der Expert working group Durum wheat der International Wheat Initiative	F. Longin
Mitglied der Naturland Anerkennungskommission	V. Hahn	Mitglied in der Expert working group Breeding methods der International Wheat Initiative	F. Longin
Mitglied der UFOP-Fachkommission Produktionsmanagement Öl- und Proteinpflanzen	V. Hahn	Leiter des Arbeitsgebiets Resistenzzüchtung der Gesellschaft für Pflanzenzüchtung e.V.	T. Miedaner
Mitglied im Scientific Board von Donau Soja	V. Hahn	Mitglied im Vorstandsrat der Gesellschaft für Pflanzenzüchtung e.V.	T. Miedaner
Mitglied im Editorial Board von Theoretical Applied Genetics	V. Hahn	Beisitzer im Widerspruchsausschuss 1 (Getreide) des Bundessortenamtes	T. Miedaner
Mitglied in bioverita Labelkommission	W. Leiser	Mitglied im Wissenschaftlichen Beirat des Bundesministeriums für Ernährung und Landwirtschaft zum „Nationalen Aktionsplan zur nachhaltigen Anwendung von Pflanzenschutzmitteln“ (NAP)	T. Miedaner
Leitung des Durum- und Teigwarenausschusses der Arbeitsgemeinschaft Getreideforschung e.V. in Detmold	F. Longin	Mitglied im Editorial Board von Theoretical Applied Genetics	T. Miedaner
		Mitglied im Editorial Board von Plant Breeding	T. Miedaner
		Associated Editor bei Frontiers in Plant Science	T. Miedaner

Datum: 29.04.2021

Ort: Stuttgart - Hohenheim

