

ISOWOOD-Breeding – Nutzbarmachung SNP-basierter Züchtungsstrategien für die Züchtung ertragsoptimierter Pappelsorten in landwirtschaftlichen Kurzumtriebsplantagen“

Projektförderung durch das BMBF im Rahmen des Programmes „BioEnergie 2021 - Forschung für die Nutzung pflanzlicher Biomasse“, Modul B „Energiepflanzen“, B2 „Biotechnologie“

Mit dem Projekt sollen SNP-Marker gestützte, nicht transgene Züchtungstechnologien für die Pappelzüchtung (*Populus* spp.) nutzbar gemacht werden, um deren Biomasseertrag über die Schwelle eines in Deutschland (Röhle et al. 2006) und Skandinavien (Weih 2004) als wirtschaftlich konkurrenzfähig angesehenen Biomasse-Ertrages von Kurzumtriebsplantagen mit Pappeln oder Weiden (KUP) von 8 t Biomasse je Hektar und Jahr zu heben. Dieser Schwellwert wird in Deutschland oft nicht erreicht (Boelcke und Kahle 2000; Röhle et al. 2006; Röhle et al. 2005; Wolf und Bönisch 2004).

KUP haben dennoch ein enormes Potenzial zur ökologisch sinnvollen Biomasse-nutzung, denn sie weisen im Vergleich zu anderen Biomassekulturen bereits jetzt das beste Verhältnis von Energie-Input zu -Output auf und integrieren eine mehrjährig eingriffsfreie Lebensraumfunktion für Begleitvegetation und Tierarten (Boehmel et al. 2008). Mit der angestrebten SNP-basierten Züchtungstechnologie soll die Netto-Energieausbeute weiter gesteigert werden können und das im Vergleich zu anderen Biomassekulturen noch nahezu unausgeschöpfte Potenzial zur Leistungssteigerung durch Züchtung erschließbar gemacht werden.

Das Hauptproblem der KUP ist der für typische Ackerflächen zu hohe Wasserbedarf der Bäume und die Anpassungsreaktion der Bäume an Trockenheit, Wasserdefizite und Dürre. Diese Anpassungsreaktion ist mit Biomassezuwachsverlusten verbunden und führt zwangsläufig zu nicht wieder ausgleichbaren Ertragseinbußen, Zwergwuchs bis hin zum Totalverlust der Bäume im juvenilen Stadium. Deshalb hat das vorgeschlagene Projekt zum Ziel, physiologische Eigenschaften der Wassernutzungseffizienz (WUE) und derjenigen holzanatomischen Anpassungsmöglichkeiten (HA) an Trockenheit, die nicht einem wirtschaftlichen Biomasseertrag von KUP entgegenstehen, zu erforschen und für die Züchtung von Pappeln verfügbar zu machen. Unter Nutzung verschiedener Datenbanken und Werkzeuge, unter anderem einer eigenen früheren Genomkartierungs- und QTL-Mappingstudie an Zitterpappel (*Populus tremula* L.) sollen Genombereiche oder Gene definiert werden, die mit WUE und HA in einer Beziehung stehen. Um die vorhandene allelische Vielfalt dieser Sequenzbereiche und Gene nutzbar zu machen, soll diese Vielfalt an von Naturstandorten selektierten Pappeln untersucht und deren Vererbung und Rekombinierbarkeit anhand einer vorhandenen, genetischen Kartierungs-population ermittelt werden.