

**Statusseminar zum Stand der Forschung an der Wertschöpfungskette Hafer
Quedlinburg, JKI, 26./27.03.2015**

Programm

26.03.2015 Von der Züchtung bis zur Verarbeitung

- 13:30 – 13:35 Eröffnung
- 13:35 – 14:00 Hafer – Stand der pflanzenbaulichen Forschung in Deutschland“ (Bernhard C. Schäfer und Franz-Ferdinand Gröbblinghoff, Fachhochschule Südwestfalen, Soest)
- 14:00 – 14:15 Haferproduktion in einem Praxisbetrieb (Andreas Petschke, Oederan)
- 14:15 – 14:45 Hafer in der Tierernährung – aktuelle Ergebnisse aus GrainUP (Annette Zeyner, Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg)
- 14:45 – 15:15 Industriehafer – Marktsituation, Qualitätsanforderungen und Zukunftstrends (Jens Meyer, H. & J. Brüggem KG - VDGS e.V.)
- 15:15 – 15:30 Healthy & Safe – Erste Ergebnisse des Schweizer *Fusarium*-Monitorings in Hafer (Torsten Schirdewahn, Agroscope, Schweiz)
- 16:15 – 16:45 Vorkommen von T-2 und HT-2 im Hafer und deren Minimierung bei der Verarbeitung (Christine Schwake-Anduschus, Max Rubner-Institut)
- 16:45 – 17:15 Sortenzulassung bei Hafer (Dirk Rentel, Bundessortenamt)
- 17:15 – 17:45 Züchtung von Hafer (Steffen Beuch, Nordsaat Saatzucht GmbH)
- 17:45 – 18:15 Aktuelles aus der Genomforschung zu Hafer (Wolfgang Friedt, Justus-Liebig-Universität Gießen)

27.03.2015 Züchtungsforschung und Züchtung

- 08:00 – 08:30 Anbau und Züchtung von Hafer in Bayern (Lorenz Hartl, Bayerische Landesanstalt für Landwirtschaft, Freising)
- 08:30 – 09:00 Züchtung für den Ökolandbau (Ben Schmehe, Landbauschule Dottenfelderhof)
- 09:00 – 09:30 Experimente zur *Fusarium*resistenz (Mark Winter; Georg-August-Universität Göttingen)
- 09:30 – 10:00 Blühverhalten von Hafer (Matthias Herrmann, Julius Kühn-Institut, Groß Lüsewitz)
- 10:30 – 11:00 Ergebnisse zur Qualitätsmessung mit time domain-nuclear magnetic resonance (TD-NMR) an 3000 Haferakzessionen (Hardy Rolletschek, Leibniz-Institut für Pflanzengenetik und Kulturpflanzenforschung, Gatersleben)
- 11:00 – 11:30 Qualität genetischer Ressourcen (Christoph U. Germeier, Julius Kühn-Institut)
- 11:30 – 12:00 Verfügbarkeit genomischer Ressourcen bei Hafer (Volker Mohler, Bayerische Landesanstalt für Landwirtschaft)

Kurzfassung der Vorträge

Hafer – Stand der pflanzenbaulichen Forschung in Deutschland“

Bernhard C. Schäfer und Franz-Ferdinand Gröblichhoff, Fachhochschule Südwestfalen, Soest)

Die Anbaufläche von Hafer ist in Deutschland seit 1990 von ca. 473.000 auf zuletzt etwa 132.000 Hektar in 2014 gesunken. Die vom statistischen Bundesamt ermittelten Durchschnittserträge (Mittel der Jahre 2010-2014 47,2 dt/ha) sind in dieser Zeit nahezu unverändert geblieben (ca. 6 kg/ha*a), obwohl sich anhand der Wertprüfungsdaten des Bundessortenamtes ein deutlicher Ertragszuwachs bei den zur Zulassung angemeldeten Stämmen zeigen lässt. Sortenversuche werden durch die Länderdienststellen noch in acht Bodenklimaräumen auf insgesamt 31 Standorten (Stand 2014) durchgeführt. Insgesamt hat die Zahl der Versuche in den letzten Jahren abgenommen. Auf den meisten Standorten werden die Sortenprüfungen in zwei Intensitäten durchgeführt, wobei sich aus dem Mittel der vergangenen drei Jahre höhere Mehrerträge durch die Intensitätssteigerung auf den nördlichen Standorten zeigen. Neben diesen Versuchen und den Wertprüfungen des BSA finden nur selten abgestimmte mehrjährige Versuchsserien zu Fragen der Produktionstechnik (Bodenbearbeitung, Düngung, Pflanzenschutz) statt. Beispiele sind hier Beizversuche und Fragestellungen zur Reihenweite im Ökolandbau sowie eine aktuelle Versuchsserie der LWK Nordrhein-Westfalen zu Fragen der N-Düngung im konventionellen Anbau. Fragestellungen zum Einsatz von Pflanzenschutzmitteln werden nur noch vereinzelt bearbeitet. Die meisten vorliegenden Ergebnisse sind hier älter als fünf Jahre. In größeren Forschungsprojekten wurde Hafer als eine von mehreren Getreidearten für die Erzeugung von Biogassubstraten untersucht. Die Wirkung von Hafer auf die Unkraut- und Ungrasdichten in Anbausystemen mit reduzierter Bodenbearbeitung war Gegenstand weiterer, teilweise länger zurückliegender Projekte. Die ökonomische Auswertung von Fruchtfolge-Bodenbearbeitungs-Systemversuchen belegt eine Vorzüglichkeit von Produktionssystemen mit Hafer. Insgesamt bewegen sich die Forschungsaktivitäten für Hafer in Deutschland auf niedrigem Niveau. Im Vergleich zu anbaustärkeren Kulturen können damit Innovationen im Bereich der Produktionstechnik nur verzögert in der landwirtschaftlichen Praxis umgesetzt werden. Die offensichtliche Diskrepanz zwischen züchterischem Fortschritt und den im Bundesdurchschnitt erzielten Ertragszuwächsen kann hierin teilweise ihre Ursachen haben.

Healthy & Safe – Erste Ergebnisse des Schweizer *Fusarium*-Monitorings von Hafer

T. Schirdewahn, S. Vogelgsang; Agroscope, Institut für Nachhaltigkeitswissenschaften, Zürich, Schweiz; Forschungsgruppe Ökologie von Schad- und Nutzorganismen; Torsten.Schirdewahn@agroscope.admin.ch

Getreideerzeugnisse bilden bei der schweizerischen Bevölkerung einen grossen Anteil der Kalorienzufuhr und tragen zu einer ausgewogenen Ernährung bei. Besonders weniger häufig angebaute Getreidearten, wie Gerste und Hafer, können für den Menschen gesundheitsfördernde Stoffe (GFS) enthalten.

Jedoch muss Getreide nicht nur gesund, sondern auch sicher sein und daher frei von gesundheitsschädlichen Substanzen. Die gefährlichsten pilzlichen Erreger von Getreidekrankheiten gehören zur Gattung *Fusarium*. Fusarien-Infektionen führen bei Getreide zur partiellen Taubährigkeit, die durch verschiedene Fusarienarten ausgelöst werden kann, wobei *Fusarium graminearum* (SCHWABE) die weltweit dominanteste Fusarienart ist. Die Getreidearten unterscheiden sich in ihrer Anfälligkeit gegenüber den verschiedenen Fusarien. Weiterhin können Anbaufaktoren, wie Bodenbearbeitung und Vorfrüchte, sowie das Wetter einen grossen Einfluss auf den Fusarien-Befall haben. Neben den Ertragsverlusten bildet die Produktion verschiedener Pilzgifte (Mykotoxine) ein grosses Risiko für Menschen und Tiere, da sie z.B. zur Schädigung von Organen führen können.

Das übergeordnete Ziel des Projekts ist es, das Risiko von Mykotoxin-Belastungen durch neue Weizen-, Hafer- und Gerstensorten mit erhöhtem Gehalt an gesundheitsfördernden Inhaltsstoffen zu verringern. Dazu wurden zunächst Gerste- und Haferproben aus der gesamten Schweiz gesammelt und analysiert, um das Fusarien-

Spektrum bei den verschiedenen Getreidearten zu bestimmen und den Einfluss der Anbaufaktoren zu erkennen. Dabei konnte in den Jahren 2013 und 2014 festgestellt werden, dass *F. poae* die vorherrschende Fusarienart in Hafer ist, diese produziert u.a. das Mykotoxin Nivalenol. Die Messung der Mykotoxine ergab jedoch eine wesentlich höhere Kontamination der Proben mit T2-HT2, welches durch *F. langsethiae* gebildet wird. Diese Art war im Monitoring nur die dritthäufigste. Die Analysen zum Einfluss der Anbaufaktoren und Sorten auf das Auftreten von Fusarienarten und Mykotoxinen in Hafer sind im Gange.

Sortenzulassung bei Hafer

Dirk, Rentel, Bundessortenamt

Der landeskulturelle Wert neuer Hafersorten wird in einer dreijährigen Wertprüfung mit jeweils 14 Standorten /Jahr festgestellt. Die Prüfung erfolgt analog zu den übrigen Getreidearten in zwei Intensitätsstufen, die sich nur durch den Einsatz bzw. Nichteinsatz von Wachstumsregulatoren und Fungiziden unterscheiden. Neben den wichtigen pflanzenbaulichen Eigenschaften Reife, Halmstabilität, Krankheitsanfälligkeit und Ertrag werden für die Verwertung die Parameter TKM, Sortierung, Hl-Gewicht, Spelzenanteil und Anteil nicht entspelzter Körner erfasst. Die Zahl der neu angemeldeten Sorten ist weitgehend parallel zur verringerten Haferanbaufläche seit ca. 20 Jahren von etwa 35 auf nunmehr 10 Sorten/Jahr abgesunken. Im gleichen Zeitraum blieb die Anzahl zugelassener Sorten mit ca. 30 weitgehend stabil. Aktuell sind keine Nackthafersorten und nur noch eine Winterhafersorte zugelassen. Ein Vergleich der Beschreibung aller zugelassenen Sorten mit der Beschreibung der 10 größten Sorten macht deutlich, dass für den Landwirt bei der Sortenwahl die Frühreife, der Ertrag und bei Verwendung als Industriehafer die Qualitätseigenschaften eine wichtige Rolle spielen. Schwächen in der Mehltauanfälligkeit oder in der Standfestigkeit scheinen dafür in Kauf genommen zu werden.

Züchtung von Hafer – eine privatwirtschaftliche Betrachtung

Steffen Beuch, NORDSAAT Saatzeit GmbH

Eine Wertschöpfungskette (value chain) ist als Managementkonzept definiert. Sie besteht aus verschiedenen Haupt- und Nebentätigkeiten und beschreibt normalerweise die relative Stellung eines Unternehmens im Wettbewerb. Sortenzüchtung ist ein äußerst wichtiger Bestandteil der Wertschöpfungskette bei Hafer. In Deutschland steht sie aber unter sehr starkem Refinanzierungsdruck, da Hafersaatgut bei Getreide nur etwa 2 % des deutschen Saatgutmarktes ausmacht und Hafer mit knapp 50 % eine der höchsten Nachbauraten unter den Getreidearten besitzt. Durch Züchtung wurde das Potenzial der Kornerträge bei Hafer seit den 80er Jahren trotz zurückgegangenen züchterischen Inputs deutlich erhöht. Der jährliche Anstieg der Kornerträge erreichte in der Haferwertprüfung des Bundessortenamtes zwischen 1983 und 2012 etwa 1,00 %, wobei der genetische Einfluss den agronomischen Einfluss statistisch signifikant überlagerte. Die Praxis schöpft dieses gestiegene Potenzial aber heute nicht annähernd aus, und die Lücke zwischen Versuchs- und Praxiserträgen steigt immer noch um 0,71 % pro Jahr an. Bei Hafer besteht heute in Deutschland die größte relative Differenz zwischen Versuchs- und Praxiserträgen.

Das Hektolitergewicht von Haferpartien wird in der Beratung häufig als das wichtigste Qualitätsmerkmal angesehen. Offenbar gibt es aber keine einheitliche Auffassung zur notwendigen Höhe. Bei Hafer besteht kein Zusammenhang zwischen dem Hektolitergewicht und anderen Parametern der Kornqualität, weder zwischen den Sorten noch innerhalb einer bestimmten Sorte. Außerdem können Unregelmäßigkeiten bei der Messung auftreten. Die Messmethoden und Empfehlungen zum Hektolitergewicht müssen daher dringend kalibriert und angepasst werden.

Die öffentlich geförderte Züchtungsforschung ist bei Hafer in anderen Ländern deutlich höher gewichtet als bei uns. So stehen in Nordamerika, China oder Großbritannien mit strategischer Ausrichtung deutlich mehr

finanzielle Mittel für Haferzuchtungsprojekte zur Verfügung. Es ist daher in Deutschland dringend notwendig, zu neuen Formen der intensiveren Kooperation im vorwettbewerblichen Bereich zu kommen, um die Hafersortenzüchtung auch langfristig konkurrenzfähig zu halten.

Aktuelles aus der Genomforschung zu Hafer

Wolfgang Friedt, Institut für Pflanzenbau & Pflanzzüchtung, Justus-Liebig-Universität Giessen

Die globale Haferanbaufläche ist in den letzten 50 Jahren von über 34 auf etwa 10 Mio ha gesunken. In Deutschland ging die Anbaufläche in dieser Zeit von ca. 1,1 Mio ha auf 140.000 ha zurück. Selbst in führenden Anbauländern hat der Hafer jüngst stark an Bedeutung verloren; so ging der Anbau in Kanada von jährlich ca. 3,8 Mio ha (1961-63) auf etwa 1,1 Mio ha (2011-13) zurück (FAOSTAT). Dabei konnte der Flächenertrag jedoch deutlich gesteigert werden: In der genannten Zeitspanne stieg der Haferertrag im 3-jährigen Durchschnitt global von ca. 14 auf 23 dt/ha; auch in Deutschland ist der Haferertrag – im Wesentlichen als Sommerung - im dreijährigen Mittel von knapp 28 (1961-63) auf 48 dt/ha (2011-13) gestiegen. Diese Zahlen verdeutlichen jedoch auch einen deutlichen Rückstand gegenüber den anderen Getreidearten, bei denen heute vor allem ertragsstarke Winterformen den Anbau dominieren. Angesichts dessen droht der Hafer hierzulande und auch weltweit immer weiter an Wettbewerbsfähigkeit zu verlieren.

Aus diesem Grunde sind verstärkte Aktivitäten in der Züchtungsforschung und Sortenzüchtung dringend erwünscht, um dem skizzierten Trend so möglichst entgegenzuwirken. Angesichts geringer Intensität der Haferforschung hierzulande sind die internationalen Aktivitäten auf diesem Gebiet von besonderem Interesse. Hierbei fällt gerade Kanada als eines der führenden Länder in der Pflanzengenomforschung besonders auf. Besonders herausgestellt sei an dieser Stelle die *Collaborative Oat Research Enterprise* (CORE), in der sich zahlreiche Forscher aus öffentlichen Einrichtungen zusammen mit diversen Firmen der Weiterentwicklung der Züchtungsmethodik zu Hafer widmen: angefangen bei der Charakterisierung von genetischen Ressourcen und Zuchtmaterial, über die Entwicklung von genetischen Karten und Selektionsmarkern bis hin zur Etablierung neuer Züchtungsansätze inkl. der Genomischen Selektion (pers. Mitt. N.A. Tinker, Agriculture and Agri-Food Canada, Ottawa). Hierfür wurden umfangreiche genetische Materialien (Kreuzungen, Populationen) erstellt und eingehend charakterisiert, um Assoziationen von Markern und Merkmalen zu identifizieren. Zusammenfassend kann festgestellt werden, dass die CORE-Daten sich bereits als eine reichhaltige Quelle für eine neue Haferforschung erwiesen haben. Ziel ist die Etablierung einer "universellen" öffentlichen Datenbasis für Hafer. Damit kann die molekulare Haferzüchtung nachhaltig gefördert werden. Besondere Herausforderungen liegen in der Verbesserung der Nutzbarkeit der umfangreichen Daten („big-data“) inkl. Entwicklung geeigneter Werkzeuge („smart-tools“). Hierfür müssen unterschiedlichste Kompetenzen und Erfahrungen zusammengeführt werden. Über die Bereitstellung von Selektionswerkzeugen hinaus bestehen wesentliche Ziele aus züchterischer Sicht in der Nutzbarmachung genetischer Ressourcen und der Vorhersage von herausragenden Kreuzungen für die Sortenentwicklung.

Nicht allein die nordamerikanische Agrarforschung und Landwirtschaft kann von den Ergebnissen dieser Aktivitäten profitieren. Sie stehen mehr oder weniger der gesamten internationalen *Oats Community* für die weitere Grundlagen- und Züchtungsforschung zur Verfügung.

Weiterführende Literatur:

Huang YF et al. (2014) Using genotyping-by-sequencing (GBS) for genomic discovery in cultivated oat. PLoS ONE 9(7): e102448. doi:10.1371/journal.pone.0102448

Tanhuanpää P et al. (2012) An updated doubled haploid oat linkage map and QTL mapping of agronomic and grain quality traits from Canadian field trials. Genome 55: 289-301

Tinker NA et al. (2014) A SNP genotyping array for hexaploid oat. Plant Gen. 7: doi:10.3835/plantgenome2014.03.0010

Bearbeitung von Kurzstrohhafer bei der Bayerischen Landesanstalt (LfL)

Adalbert Bund, Bayerischen Landesanstalt (LfL)

Lagernde Bestände sind ein verbreitetes Phänomen im Haferanbau, insbesondere nach Starkniederschlägen und Sturm. Neben quantitativen Genen zur Verkürzung der Wuchshöhe sind bei Hafer in der Literatur acht Dwarf(Dw)-Gene beschrieben. Von diesen acht Genen findet das dominante *Dw6*-Gen die meiste Verwendung in der Pflanzenzüchtung, weil der negative Einfluss auf die Restpflanze hier am geringsten ist. Dennoch kann aus Untersuchungen geschlossen werden, dass *Dw6* epistatisch die Eigenschaften Rispenschieben, Reife, Ertrag, TKG und Hektolitergewicht beeinträchtigt. Soll *Dw6* züchterisch genutzt werden, besteht die Herausforderung darin, die negativen Eigenschaften des *Dw6*-Gens durch modifizierende Gene abzumildern.

Aus eigenen Untersuchungen mit Genbankmaterial ist ersichtlich, dass die negative Kopplung mit Rispenschieben und Reife, sowie Hektolitergewicht abgeschwächt werden kann. Solches Zuchtmaterial soll genutzt werden, um *Dw6*-Kurzstrohlinien in adaptiertem Hintergrund zu erstellen. Das an der Bayerischen Landesanstalt (LfL) verwendete Pedigree-Zuchtschema soll dahingehend verändert werden, dass die betreffenden F₂-Populationen im Einzelpflanzenanbau erstellt werden sollen, um die Individuen besser beurteilen zu können. Eine ausreichend große Population je Kreuzung (n>300) ist sicherzustellen.

Milach S. C.K., H.W. Rines, R.L. Phillips, D.D. Stuthman and T. Morikawa 1998: Inheritance of a New Dwarfing Gene in Oat. *Crop Science*, Vol. 38, March-April 1998.

Kibite, S. 2001: Registration of Seven Pairs of Oat Near-Isogenic Lines, Dwarf vs. Tall. *Crop Science*, Vol. 41, January – February 2001.

Experimente zur Fusariumresistenz

Dr. Mark Winter, Allgemeine Pflanzenpathologie und Pflanzenschutz, Georg-August-Universität Göttingen; Unter Mitwirkung von Daniela Christ, Esther Grüner, Sandy Falk und Ruben Gödecke

Mittlerweile gehören Vertreter aus der Gattung *Fusarium* zu den wichtigsten Krankheitserregern im weltweiten Getreideanbau. Sie führen nicht nur zur Ertragseinbußen, sondern können das Erntegut mit hochgiftigen Mykotoxinen kontaminieren. Hafer ist auch anfällig gegenüber *Fusarium*arten. In der Vergangenheit konnten erhebliche Mengen an Typ A Trichothecenen (T-2 und HT-2) im Erntegut von Hafer aus Nord-West Europäischen Anbauländern gefunden werden. Daher wurde Hafer unter kontrollierten und natürlichen Bedingungen mit typischen T-2 und HT-2 Produzenten (*Fusarium sporotrichioides*, *F. venenatum* und *F. langsethiae*) inokuliert. Anschließend wurden die Symptome, die Mykotoxin- sowie die pilzliche DNA-Gehalte in den Kornproben ermittelt. Die Inokulation mit *F. sporotrichioides* führte zu den höchsten Mykotoxin- und DNA-Gehalten im Haferkorn. Neben T-2 und HT-2 konnten auch die Typ A Trichothecene T-2-Tetraol, Neosolaniol, Diacetoxyscirpenol und Monoacetoxyscirpenol unter kontrollierten Bedingungen nachgewiesen werden. Die höchsten Gehalte fanden sich immer in den Hüllspelzen, wobei die Mykotoxinmengen von den äußeren hin zu den inneren Kornkompartimenten (geschälte Haferkörner) deutlich abnahmen. Dennoch konnten in letzteren mehrere Tausend µg/kg T-2 und HT-2 nachgewiesen werden. Die DNA-Gehalte zeigten ein ähnliches Bild. Im Feld zeigte allein die Inokulation mit *F. sporotrichioides* leicht erhöhte Werte an T-2 und HT-2 im Erntegut. Die kumulierten Gehalte von T-2 und HT-2 lagen aber unter dem EU-Richtwert von 1000 µg/kg für unverarbeiteten Rohhafer. In den Mykotoxingehalten konnten keine Sortenunterschiede festgestellt werden, aber die Bonituren zeigten signifikante Unterschiede zwischen 6 ausgewählten Sorten. Dabei zeigten sich keine

Zusammenhänge zwischen dem Mykotoxingehalt und den Boniturdaten. Eine erfolgreiche Inokulation von Hafer mit *Fusarium* spp. unter Feldbedingungen ist wesentlich schwieriger als bei Weizen. Wesentliche Infektionsvoraussetzungen wie Temperatur- und Feuchteansprüche sind bislang noch nicht ausreichend erforscht.

Genetische Variation bei Blühmerkmalen von Hafer

Matthias Herrmann, Institut für Züchtungsforschung an landwirtschaftlichen Kulturen am Julius Kühn-Institut, Bundesforschungsinstitut für Kulturpflanzen

Kenntnisse zum Blühverhalten sind für die Züchtungsmethodik von essenzieller Bedeutung, weshalb die grundlegenden Fragen zur Haferblüte bereits am Beginn der wissenschaftlichen Pflanzenzüchtung Anfang des 20. Jahrhunderts beantwortet wurden. Heute bieten Kenntnisse zum Blühverhalten und den Blühmerkmalen Ansätze für die Vermeidung samenbürtiger Pilzkrankheiten wie Flugbrand und Fusarium. So ist bei Weizen, Gerste und Hafer bekannt, dass die Blühphase der entscheidende Zeitraum für die Infektion mit Fusarium ist und dass Antheren und Pollen eine förderliche Wirkung auf die Infektion mit Fusarium haben. Um diesen Zusammenhang mit dem Ziel einer Vermeidungsstrategie nutzen zu können, wurden in den hier vorgestellten Haferversuchen die genetische Variation für Antherenextrusion, Offenblütigkeit und sowie deren Zusammenhang zum Mykotoxingehalt DON sowie T-2 untersucht. Als Untersuchungsmaterial dienten 50 Haferakzessionen unterschiedlichster Herkunft aus Genbanken und von Züchtern (Diversitätspanel) sowie Zuchtstämme aus der Resistenzprüfung der Nordsaat (Zuchtmaterialpanel). Zu den Prüfgliedern lagen DON- und T-2-Werte aus dem AVEQ-Projekt bzw. dem Nordsaatversuchen vor. Untersucht wurden die Antherenextrusion durch Auszählung der in den Ährchen verbliebenen Antheren, die Bonitur der Offenblütigkeit (3 Jahre in Groß Lüsewitz) sowie der prozentuale Anteil von Blüten ohne Antheren nach der Blüte. In allen drei Blühmerkmalen wurde eine hohe genetische Variation bei hohen Heritabilitäten, höher als für Mykotoxingehalte, nachgewiesen. Die Auszählung der Antheren im Zuchtmaterial zeigte, dass im Mittel bei 95% Ährchen noch Antheren nach der Blüte zwischen den Spelzen verbleiben und nur bei einzelnen Sorten bis zu 20% der Blüten einer Rispe alle drei Antheren verlieren. Der Vergleich der Blühmerkmale mit den Mykotoxindaten ergab keinen Zusammenhang zwischen beiden Merkmalsgruppen im modernen Zuchtmaterial. Im Diversitätspanel sind die stärker offenblütigen tendenziell weniger mit Mykotoxin kontaminiert, bei einer schwach signifikanten Korrelation zwischen Offenblütigkeit und dem mittleren DON- und T-2-Ranking. In einem gesonderten Experiment an Rispen aus dem Infektionsfeld wurde die Frage untersucht, ob Karyopsen aus Blüten mit Antheren in gleicher Frequenz infiziert werden wie jene aus Blüten ohne Antheren. Dabei ergab sich ein signifikant geringeres Infektionsniveau für die Karyopsen aus Blüten ohne Antheren, was den Einfluss der in der Blüte verbleibenden Antheren auf die Fusariuminfektion belegt. Die Ergebnisse unterstützen die These, dass die Mykotoxinakkumulation von zahlreichen Faktoren beeinflusst wird und dass das Blühverhalten hier nur einer unter mehreren ist. Angesichts der hohen Heritabilität für die Blühmerkmale könnte sich dennoch ein Ansatz zur Vermeidung von Fusariuminfektionen ergeben, indem noch stärker kleistogame Genotypen oder Typen mit höherer Antherenextrusion entwickelt werden.

Verfügbarkeit genomischer Ressourcen bei Hafer

Volker Mohler, Institut für Pflanzenbau und Pflanzenzüchtung, Bayerische Landesanstalt für Landwirtschaft, 85354 Freising

Bis zum Jahr 2012 standen für die genetische Analyse bei Hafer ganze 378 publizierte Mikrosatelliten-Marker zur Verfügung; zu wenig, um das allohexaploide Genom ($2n = 6x = 42$) mit einer Größe von 11,3 Gigabasen eingehend untersuchen zu können. Hieran konnten auch die seit dem Jahr 2009 als Dienstleistung

bereitgestellten Diversity Arrays Technology (DART)-Marker nichts Wesentliches ändern, da i.d.R. nur einige Hundert der bislang entwickelten Marker in einer spezifischen Population spalten. Der rasante Fortschritt in der Entwicklung kostengünstiger, massiver paralleler Sequenzierungstechnologien hat jedoch die Art und Weise, wie Populationen genotypisiert werden, verändert. Genotyping-by-Sequencing (GBS) ist ein „All-in-One“-Verfahren, welches das Auffinden singulärer Nukleotidpolymorphismen (SNPs) mit der Genotypisierung der gesamten Zielpopulation kombiniert. Mit Hilfe der GBS-Technologie, deren erfolgreiche Anwendung bei Hafer im Jahr 2014 gezeigt wurde, gelang es uns, eine genetische Karte mit 2516 Markern und einer Länge von 2642 cM für die RIL₅-Nachkommenschaft einer Kreuzung zwischen der Hafersorte 'Leo' und der *Avena byzantina*-Akzession AVE2406 zu erstellen. Die Güte dieser hochdichten Karte wurde durch den Vergleich mit einer in ihrer Markeranzahl reduzierten Karte festgestellt. Es ist vorgesehen, die Abfolge der Marker in den Kopplungsgruppen mit der verwandten Population Leo/AVE2925 zu validieren. Daneben ist seit dem Jahr 2014 ein DNA-Microarray mit 5743 SNPs (iSelect Oat 6K SNP-Chip) vorhanden, der zur Bestimmung der SNP-Genotypen den Infinium® Genotyping-Assay nutzt.

Ergebnisse zur Qualitätsmessung an >3000 Haferakzessionen mit TD-NMR

Hardy Rolletschek, Leibniz-Institut für Pflanzengenetik und Kulturpflanzenforschung (IPK), Corrensstrasse 3, 06466 Seeland OT Gatersleben, Germany; email: rollet@ipk-gatersleben.de

The large numbers of samples processed in breeding and biodiversity programs require the development of efficient methods for the non-destructive evaluation of basic seed properties. Here, we present a novel, rapid, accurate procedure based on time domain-nuclear magnetic resonance (TD-NMR), designed to simultaneously quantify a number of basic seed traits without any seed destruction. Using a low-field, bench top ¹H-NMR instrument, the procedure gives a high accuracy measurement of oil content ($R^2=0.98$), carbohydrate content ($R^2=0.99$), water content ($R^2=0.98$), and both fresh and dry weight of seeds/grains ($R^2=0.99$). The method requires a minimum of ~20mg biomass per sample, and thus enables to screen individual, intact seeds. The procedure has been trialed as a proof of concept on the collection of ~3000 accessions of *Avena* spp. curated at the IPK genebank. The *Avena* collection was initiated in the 1940s and comprises accessions collected from over 60 countries across Europe, Asia, Africa, Australia and the Americas. The 15 species represented include wild relatives of the crop, landraces and cultivars, but the majority of accessions belong to the cultivated species *A. sativa*. The carbohydrate content ranged between 70% and 90% on a dry weight basis. The oil content ranged from 1.3% to 11.9% on a dry weight basis. For proteins (although less accurate), the predicted level ranged between 7-17% of caryopsis dry weight. There was a negative relationship between the levels of oil (protein) and carbohydrate stored in the caryopsis. A mathematical multi-trait selection approach has been designed to simplify the selection of most contrasting accessions. Some oat accessions were further analyzed by three-dimensional seed modeling, lipid imaging, metabolite and transcript profiling (for details see Hayden et al., Plant Journal 67/2011; Rolletschek et al., Plant Biotech Journal 13/2015). We conclude that the novel TD-NMR-based screening tool opens perspectives for breeding and plant biology in general.

Stand der Forschung an der Wertschöpfungskette Hafer – Qualität genetischer Ressourcen

Christoph U. Germeier, JKI-ZL, & AVEQ-Konsortium

Der Qualitätsbegriff bei Hafer wird bestimmt von verarbeitungstechnisch wichtigen Merkmalen wie Entspelbarkeit, Kern-/Spelzgehalt und Kerngewicht sowie von Inhaltsstoffen, die Haferprodukte in ihrem Gesundheitswert für die menschliche Ernährung auszeichnen. Dies sind neben Eiweiß und Fett vor allem Ballaststoffe wie β -Glucan, welche die Aufnahme von Zucker und Fett im Darm und damit Cholesterinwerte

vermindern, und Antioxidantien wie Tocole und Avenanthramide, welche für die Haltbarkeit des hohen Fettgehalts, für Farbe und Aroma bedeutsam sind, und pharmakologische (z.B. Vitamin E) Wirkungen aufweisen. In einem europäischen Projekt wurden genetische Ressourcen des Hafers an sehr unterschiedlichen Standorten kultiviert und auf Inhaltsstoffe untersucht.

In den stark divergierenden Umwelten waren Haupt – und Wechselwirkungen für alle untersuchten Inhaltsstoffe hochsignifikant. Genetische Ressourcen verfügen über hohe (> 10%) und niedrige (< 5%) Fettgehalte. Beide Ausprägungen sind, in Abhängigkeit von der Verwendung (tierische oder menschliche Ernährung) erwünscht. Der Kulturhafer (*A. sativa*) deckt den gesamten Bereich ab. Ballaststoffe werden im Hafer weitgehend als Nicht-Stärke-Poly-saccharide erfasst. Sie korrelieren negativ mit dem Stärkegehalt. Höchste Gehalte finden sich in Wildhafern. Auch für β -Glucan, einem wichtigen Anteil der Ballaststoffe, können Wildhafer die Spannweite der Kulturhafer übertreffen. Im untersuchten europäischen Genbank- und Sortenmaterial wurden bis 6.8% β -Glucan gefunden. Für US („HiFi“) Zuchtmaterial sind bis 8% β -Glucan bekannt. Hafer ist eine relevante Quelle für α -Tocotrienol und α -Tocopherol. Stark abhängig von Umwelteinflüssen, kann α -Tocotrienol, vor allem im Sandhafer (*A. strigosa*) sehr hoch (> 100 mg kg⁻¹) sein. Avenanthramide sind einzigartige Antioxidantien und Phytoalexine im Hafer. Wiederum können die Gehalte im Sandhafer höher sein als in *A. sativa*, und stark umweltabhängig über 3g kg⁻¹ erreichen. Hauptkomponentenanalysen zeigen den engen Zusammenhang von Ertrag, Korngewicht, Hektolitergewicht und Stärkegehalt, während insbesondere Proteingehalte, aber auch Gehalte von Fett, Mineralstoffen, Ballaststoffen und Antioxidantien sich meist in entgegengesetzten Quadranten finden.