



Bundesanstalt für
Landwirtschaft und Ernährung



Innovationstage 2012

Forschungs- und Entwicklungsprojekte
Programm zur Innovationsförderung des
Bundesministeriums für Ernährung,
Landwirtschaft und Verbraucherschutz

Innovationstage 2012

Forschungs- und Entwicklungsprojekte

Programm zur Innovationsförderung des
Bundesministeriums für Ernährung,
Landwirtschaft und Verbraucherschutz

Inhalt

10 Einleitung

11 Sektion 1: Pflanzenzüchtung - biotischer Stress

- 11 Züchtung klimaangepasster Wintergerste mit qualitativ wirksamer Widerstandsfähigkeit gegen Gelbverzwergungsviren und ihre vom Klimawandel begünstigten Überträger durch innovative Ansätze der Züchtungsforschung
- 14 Identifikation von molekularen Markern für BYDV-Resistenz in Mais
- 17 Sicherung der durch Klimaerwärmung bedrohten Rizomania-Resistenz in Zuckerrüben durch molekulargenetische Identifizierung des Resistenzgens Rz2 und Auffinden neuer Resistenzquellen
- 19 Entwicklung eines Resistenztests bei Radies auf neu auftretende bakterielle Blattfleckenerreger (*Pseudomonas spp.*) als Grundlage für die Züchtung resistenter Sorten
- 21 Falscher und Echter Mehltau an Petersilie – Erarbeitung von Screeningmethoden für die Resistenzzüchtung
- 24 Verbesserung der Resistenz von Winterraps (*Brassica napus*) gegen den durch Klimawandel geförderten Schadpilz *Verticillium longisporum*
- 27 Züchtung von Raps mit Resistenz gegen vom Klimawandel begünstigte Schadinsekten
- 31 Nachhaltige Sicherung der Körnermaisproduktion durch Verbesserung der Resistenz gegen Maiszünsler
- 33 Selektion von Lupinen-Genotypen mit Resistenz gegen Aphiden und deren Abhängigkeit vom Alkaloidgehalt und Entwicklungstemperatur
- 36 Induktion einer frühzeitigen Blüte bei Pappel und bei Apfel zur Beschleunigung der Züchtung auf Resistenz gegenüber Krankheiten (SpeedBreed)

41 Sektion 2: Lebensmittel

- 41 Anwendung von Plasmaverfahren zur schonenden Haltbarmachung am Beispiel verderblicher Lebensmittelprodukte in der Nachernte (FriPlas)
- 46 Einsatz der Hochdrucktechnologie in Kombination mit einer neuen Verpackung zur Herstellung sicherer, qualitätsoptimierter Frischeprodukte mit verlängerter Haltbarkeit
- 52 Entwicklung eines Schnelldiagnostiksystems auf Basis der real-time PCR zur quantitativen Allergenüberwachung in der gesamten Lebensmittelproduktionskette
- 55 Entwicklung von innovativen Schnelltest- und Screeningverfahren zum Nachweis von Lebensmittelallergenen vor Ort in der Produktentwicklung und -kontrolle
- 58 Entwicklung neuartiger Backmittel auf der Basis von Gluconobacter-Fermentationen
- 60 Frischeterminal-System für Obst und Gemüse – ein Werkzeug für Konsumentenentscheidungen

62 Sektion 3: Tierzucht

- 62 Entwicklung eines schnellen und sensitiven Diagnostikums zur frühzeitigen und sicheren Feststellung der Trächtigkeit beim Rind anhand des Nachweises von „pregnancy-associated glycoprotein“ (PAG)
- 66 Neue Wege der züchterischen Verbesserung der Gesundheit der Milchkuh rund um die Abkalbung
- 69 Erfassung und züchterische Bewertung von Krankheitsdiagnosen in Milchviehbetrieben zur Selektion auf Gesundheit und Langlebigkeit
- 72 Entwicklung von Instrumenten zur genetischen Qualitätssicherung von Zuchtprogrammen (QS@Breeding)

- 75 Sektion 4: Pflanzenzüchtung – abiotischer Stress**
- 75 TeraPlant: Terahertzwellen-Sensoren - innovative Werkzeuge für die moderne Pflanzenzüchtung: Die optoelektronische Blattdickenbestimmung als unerlässliches Instrument zur Bestimmung der Blattwasserkonzentration zur Selektion trockenstresstoleranter Pflanzen in der Land- und Forstwirtschaft
- 78 Entwicklung innovativer Selektionstechniken für die Züchtung von Trockenstresstoleranz beim Winterraps
- 81 Untersuchungen der Reaktion verschiedener Gerstegenotypen auf zukünftige CO₂-Konzentrationen als Grundlage zur züchterischen Optimierung des sog. CO₂-Düngeeffektes
- 84 Phenomics, Transcriptomics und Genomics - ein integrierter Ansatz zur Effizienzsteigerung in der Selektion trockenstresstoleranter Gerste
- 88 Entwicklung von stresstoleranten Gerstenlinien mit verbessertem Samenanatz und -ertrag bei Sommertrockenheit (SEEDSET)
- 89 Züchtung von Triticalesorten für extreme Umwelten – eine Frage des Sortentyps?
- 91 Ein Ansatz zur Präzisionszüchtung ertragsreicher Hybridroggensorten mit veränderter Pflanzenarchitektur als Antwort auf den Klimawandel
- 94 Vorbereitung einer markergestützten Verbesserung der Trockenstress-Toleranz bei der Ackerbohne
- 99 Hitzestress bei Mais – Einsatz neuer Methoden zur züchterischen Verbesserung der Toleranz
- 104 Integration innovativer Methoden zur Resistenzpyramidisierung und Charakterisierung von Trockentoleranz in der Gattung Lolium mit dem Ziel der Entwicklung klimaangepasster Futterpflanzenarten (ReTroLo)
- 106 Entwicklung eines Versuchsstandes und Testung von Phänotypisierungs-Verfahren zum zuverlässigen Screening von Zierpflanzen-Genotypen hinsichtlich einer kombinierten Trocken- und Strahlungstresstoleranz
- 109 Markergestützte Züchtung von Chrysanthemen zur Verbesserung der Pflanzenarchitektur und der Blütengröße
- 112 Entwicklung effizienter Hochdurchsatz-(HT)-Verfahren zur Selektion von Rebsorten mit hoher Säurestabilität in der Rebenzüchtung

117 Sektion 5: Schweinehaltung und -fütterung

- 117 Indikatorgestütztes Managementsystem zum Verhaltens- und Gesundheitsmonitoring in der Sauenhaltung
- 122 Entwicklung eines Monitoringsystems für die Tiergesundheit und Fruchtbarkeit in der Gruppenhaltung tragender Sauen
- 125 Gesundheitsmonitoring bei tragenden Sauen durch die Abrufstation
- 127 Ein Monitoring- und Expertensystem für den Abferkelbereich (MultiExpert)
- 131 Entwicklung eines ARV-Klimacomputers zur Vermeidung von Hitze- und Kältestress von Schweinen und zum Nachweis des thermischen Wohlbefindens der Tiere
- 135 Modifizierung und Optimierung von Regeleingangsgrößen in zwangsbelüfteten Stallanlagen der landwirtschaftlichen Nutztierhaltung
- 138 Verbesserung der Tiergerechtigkeit und Reduzierung der Ammoniakemissionen durch funktionsoptimierte Spaltenböden für Mastschweine
- 142 PigComfort - Entwicklung von Komfortmatten für den Liege- und Laufbereich in der Sauenhaltung
- 147 Entwicklung und Erprobung eines tiergerechten Wühltrogsystems für einstreulos gehaltene Mastschweine
- 150 Untersuchungen zur bedarfsgerechten Versorgung von Mastebnern zur Ausschöpfung des genetisch vorhandenen Leistungspotenzials (Eberfütterung)
- 156 Untersuchung zu spezifischen Fütterungs- und Haltungskonzepten für die Ebermast zur Minimierung von Geruchsabweichungen am Schlachtkörper durch Androstenon und Skatol – BoarTaintDown

162 Sektion 6: Technik (Sensorik im Pflanzenbau)

- 162 Elektronische Deichsel für landwirtschaftliche Arbeitsmaschinen mit Umfeldsensorik und zusätzlicher Geoinformationen
- 165 Entwicklung einer Sensorsteuerung in der Abflammtchnik
- 167 Intelligenter optischer Sensor für den teilflächenspezifischen Herbizideinsatz im Online-Verfahren 2
- 170 Entwicklung eines Regensensors für kinetische Energie und Wasserbenetzung zur Verbesserung der Schorfprognose im Apfelanbau
- 174 Qualitätsgeleitete Getreideernte durch den Einsatz optischer Analyseverfahren
- 179 Einsatz der Nah-Infrarot-Spektroskopie zur zerstörungsfreien Beurteilung des Bewurzelungspotentials von Zierpflanzenstecklingen

Einleitung

Die deutsche Agrar- und Ernährungsbranche kann im globalen Wettbewerb langfristig nur bestehen, wenn Innovationen forciert werden. Mit fundiertem produktionstechnischem Wissen, neuartigen Technologien, dem effektiven Einsatz von Betriebsmitteln und der nachhaltigen Nutzung von Ressourcen kann die Produktivität unserer Landwirtschaft und der nachgelagerten Bereiche erhöht werden. Dabei müssen der Umweltschutz und das Tierwohl berücksichtigt werden. Nur so kann ein nachhaltiger Gewinn für alle Marktbeteiligten sichergestellt werden.

Ziel des Programms zur Innovationsförderung des Bundesministeriums für Ernährung, Landwirtschaft und Verbraucherschutz (BMELV) ist die Unterstützung von technischen und nicht-technischen Innovationen in Deutschland. Durch Stärkung der wirtschaftlichen Innovationskraft, Schaffung und Sicherung von Arbeitsplätzen, Schonung natürlicher Ressourcen und Verbesserung der Arbeitsbedingungen soll die Wettbewerbsfähigkeit in den Sektoren Ernährung, Landwirtschaft und Verbraucherschutz gestärkt werden. Das Programm zur Innovationsförderung wird seit 2006 durch die Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung (BLE) als Projektträger umgesetzt. Zu den inzwischen veröffentlichten Bekanntmachungen wurden mehr als 1.000 Skizzen von Wirtschaftsunternehmen und kooperierenden Forschungseinrichtungen eingereicht. Hieraus konnten bisher über 250 richtungsweisende, innovative Forschungsprojekte, in der Regel Verbände, mit einem Gesamtvolumen von rund 155 Millionen Euro gefördert werden.

Im Jahr 2012 veranstaltet die BLE zum vierten Mal die Innovationstage. Im Mittelpunkt stehen auch in diesem Jahr aktuelle Projekte der Innovationsförderung. Neben den Projektpräsentationen aus dem Agrar- und Ernährungsbereich können Forscher und Unternehmensvertreter die Gelegenheit für einen interdisziplinären Austausch nutzen. Mit Veranstaltungsbeginn werden dem Gesamtplenum drei exemplarische Innovationsprojekte zur Verbesserung der Tiergerechtigkeit in der Schweinehaltung, zur Effizienzsteigerung in der Pflanzenzucht und zu aktuellsten Lebensmitteltechnologien zur Herstellung von Frischeprodukten vorgestellt. Im Verlauf der zweitägigen Veranstaltung werden in sechs Fachsektionen weitere, innovative Forschungsprojekte präsentiert und erörtert. Als Begleitinformation und Arbeitsgrundlage enthält der Tagungsband eine Kurzbeschreibung zu allen präsentierten Projekten. Ergänzt wird die Veranstaltung mit einem Plenumsvortrag zum Thema Innovationspartnerschaften am Ende des ersten Tages. Auch die interessierte Öffentlichkeit ist eingeladen, sich über den Stand der Innovationsförderung in den Bereichen Pflanzen- und Nutztierwissenschaften, Agrartechnik, Lebensmittel- und Ernährungswissenschaften zu informieren.

Das Team des Projektträgers Innovationsförderung freut sich auf eine offene und konstruktive Diskussion und einen Erfahrungsaustausch mit allen beteiligten Akteuren!

Ihr Projektträger Innovationsförderung

Sektion 1: Pflanzenzüchtung – biotischer Stress

„Züchtung klimaangepasster Wintergerste mit qualitativ wirksamer Widerstandsfähigkeit gegen Gelbverzwergungsviren und ihre vom Klimawandel begünstigten Überträger durch innovative Ansätze der Züchtungsforschung“

“Improvement of Barley to BYDV by Using Innovative Breeding Strategies”

Laufzeit

01.07.2011 bis 31.07.2015

Projektkoordinator, Institution

Gemeinschaft zur Förderung der privaten deutschen Pflanzenzüchtung e.V. (GFP), Bonn

Verbundpartner

Dr. Brigitte Ruge-Wehling
Julius Kühn-Institut, Institut für Resistenzforschung und Stresstoleranz (JKI-RS), Quedlinburg

Dr. Markus Herz
Bayerische Landesanstalt für Landwirtschaft – Institut für Pflanzenbau und Pflanzenzüchtung

Über GFP beteiligte Züchter:
Ackermann Saatzucht GmbH & Co.KG, Irlbach
Deutsche Saatveredelung AG DSV, Lippstadt
KWS Lochow GmbH, Bergen
Saatzucht Breun GmbH & Co.KG, Herzogenaurach
Saatzucht Sreng-Engelen GmbH & Co.KG, Uffenheim
Syngenta Seeds GmbH, Bad Salzuflen
W. von Borries-Eckendorf GmbH & Co.KG, Leopoldshöhe

Kurzfassung

Ziel

In einer gemeinsamen Anstrengung von Kooperationspartnern aus Pflanzenzüchtung – KMU der GFP-Abteilung ‚Getreide‘ – und Züchtungsforschung – Julius Kühn-Institut (JKI) sowie Bayerische Landesanstalt für Landwirtschaft (LfL) – soll deutschem Gersteszuchtmaterial erstmalig und international einzigartig eine echte Resistenz gegen BYDV (Gelbverzwergungsvirus) mit Hilfe des neuen, aus *Hordeum bulbosum* (*Hb*) stammenden Resistenzgens *Ryd4^{Hb}* verliehen und diese Resistenz mit Gelbmosaikresistenz und guter Malzqualität in Wintergerste kombiniert werden.

Die Teilziele des Prebreeding-Vorhabens sind:

1. Entwicklung informativer Marker für die *Hb*-Introgression,
2. Identifizierung rekombinativ reduzierter *Hb*-Donorchromosomensegmente (DCS),
3. Markergestützte Kombination von *Ryd4^{Hb}* mit den Resistenzgenen *Rym14^{Hb}* und/oder *Rym16^{Hb}* für Resistenz gegen den Gelbmosaikviruskomplex (BaMMV, BaYMV-1, -2) in aktuellem Wintergerste-Zuchtmaterial,
4. Agronomische Prüfung von Introgressionslinien in mehrortigen Feldversuchen.

Realisierung

Als Grundlage für die Entwicklung von *Ryd4^{Hb}*-Markern dient die Orthologie zwischen Gerstenchromosom 3H und Reischromosom R1. Die Markerentwicklung erfolgt in zwei unabhängigen Ansätzen:

In Zusammenarbeit mit der GenXPro GmbH wird die MACE-Technologie (Massive Analysis of cDNA Ends) angewandt. Dazu wurden unter Einsatz von *Ryd4^{Hb}*-gekoppelten Markern homozygot-resistente und -anfällige Genotypen gruppiert und durch den Verbundpartner JKI-RS unter Verwendung virustragender (BYDV) Läuse inokuliert. In definierten Zeitabständen wurde Blattmaterial für die MACE-gestützte Herstellung von Sequenz-Tags entnommen. Differenziell (resistent vs. anfällig) exprimierte und annotierte Sequenzen dienen als Grundlage für die weitere Entwicklung von Markern.

Parallel zum MACE-Ansatz werden, unter Verwendung eines mit BYDV-Resistenz gekoppelten Ankermarkers als Bezugspunkt, auf dem Reischromosom R1 benachbart gelegene TC- (Tentative Consensus)-Sequenzen gesucht.

In beiden Fällen werden PCR-Primer abgeleitet, ihre Amplicons auf Polymorphismus zwischen resistenten und anfälligen Pflanzen getestet und ggf. genetisch kartiert.

Aufgrund eines gekoppelten Subletalfaktors zeigen Pflanzen, welche die *Hb*-Introgression in ursprünglicher Größe und in homozygoter Form tragen, schwere Wachstumsdepression. Die Eliminierung des Subletalfaktors durch rekombinative Verkleinerung der Introgression ist eine Voraussetzung für die züchterische Nutzung von *Ryd4^{Hb}*. Zur

Identifizierung entsprechender Rekombinanten wurden 4000 Pflanzen einer BC2F6-Familie, die in Resistente und Anfällige aufspaltet, für Introgressionsmarker genotypisiert und hinsichtlich ihres Wachstums bonitiert. Unter ca. 1000 Pflanzen, für die *Hb*-Markerallele homozygot waren, wurden 28 Pflanzen identifiziert, die eine normale Entwicklung zeigten. Die Pflanzen wurden für einen Nachkommenschaftstest zu BC2F7-Familien geselbstet und diese werden einem ELISA-gestützten Resistenztest unterzogen. Normalwüchsige BC2F6-Selbstungseltern, die sich in diesem Nachkommenschaftstest als homozygot-resistent erweisen, würden auf eine erfolgte Eliminierung des Subletal-Faktors hinweisen.

Im Frühjahr 2013 werden Kreuzungen zwischen BYDV- und BaYMV-resistenten Pflanzen durchgeführt, um die betreffenden, jeweils aus dem sekundären Genpool der Gerste stammenden Resistenzgene in der Kulturgerste züchterisch zusammenzuführen.

In den Jahren 2013 und 2014 werden von den beteiligten GFP-Mitgliedsunternehmen sowie der LfL Feldversuche zur Erhebung von Ertrags- und Qualitätsdaten durchgeführt.

Ergebnisse

Bislang wurden durch GenXPro GmbH ca. 100.000 annotierten Tags zur Verfügung gestellt. In Übereinstimmung mit der Orthologie von R1 und 3H konnten bereits erste TC-Marker, die aus einer physikalisch definierten Region des Reischromosoms R1 abgeleitet sind, gefunden werden, die auf der 3H-Introgression in Gerste genetisch kartieren und eine enge Kopplung bzw. Kosegregation zum Zielgen *Ryd4^{Hb}* zeigen. Zurzeit werden aus ca. 100 differenziell exprimierten Sequenzen der GenXPro-Datenbank solche selektiert, die Homologie zu den R1-TC-Sequenzen zeigen, um damit potenziell *Ryd4^{Hb}*-diagnostische Marker zu finden. Bislang konnten fünf auf der Basis der MACE-Daten entwickelte Marker in die genetische Karte der 3H-Introgression integriert werden.

Parallel zur MACE-Technologie wurden unter Verwendung der Reisgenomdatenbanken 20 neue TC-Marker entwickelt, die auf der Introgression kartieren.

Zusammengefasst wurden im ersten Projektjahr 25 Marker für die *Ryd4^{Hb}*-tragende Hb-Introgression entwickelt, von denen einige wegen ihrer engen Kopplung mit *Ryd4^{Hb}* für eine markergestützte Selektion einsetzbar sind. Das Potenzial der GenXPro-Daten erlaubt für die verbleibende Projektzeit die Entwicklung weiterer Marker, die zur Identifizierung von Rekombinanten mit verkleinerter Hb-Introgression eingesetzt werden können.

(Geplante) Verwertung

Mit dem für 2015 zu erwartenden erfolgreichen Abschluss des vorliegenden Prebreeding-Vorhabens und den dann verfügbaren *Hb*-Introgressionslinien, die mit Hilfe von molekularen Markern definierbare DCS mit gut charakterisierten Virusresistenzgenen tragen, sollte der privaten deutschen Pflanzenzüchtung ein gut geeignetes Ausgangsmaterial zur Züchtung von Gerstensorten mit kombinierter Virusresistenz und zur Ergänzung des Sortiments BYDV-toleranter Sorten mit BYDV-resistenten Sorten zur Verfügung stehen.

Die Forschungsergebnisse aus dem Vorhaben werden in Abstimmung zwischen den Partnern in wissenschaftlichen Zeitschriften veröffentlicht sowie auf nationalen und internationalen Veranstaltungen vorgestellt, um die Bedeutung des Prebreeding für den Züchtungsfortschritt bei unseren Kulturpflanzen im Allgemeinen und das Potenzial des sekundären Genpools für den Züchtungsfortschritt bei der Gerste im Besonderen zu demonstrieren.

„Identifikation von molekularen Markern für BYDV-Resistenz in Mais“

“Identification of molecular marker for BYDV resistance in maize”

Laufzeit

01.04.2011 bis 31.03.2014

Projektkoordinator, Institution

Gemeinschaft zur Förderung der privaten deutschen Pflanzenzüchtung e.V. (GFP), Bonn

Verbundpartner

PD Dr. Benjamin Stich, Frederike Horn
Max-Planck-Institut für Pflanzenzüchtungsforschung, Köln

Dr. Antje Habekuß
Julius Kühn-Institut, Quedlinburg

Über GFP beteiligte Züchter:
Monsanto Agrar Deutschland GmbH
Syngenta Seeds GmbH

Kurzfassung

Ziel

Die Ziele dieses Projekts sind (1) die Erfassung der genotypischen und phänotypischen Variation für BYDV (*Barley yellow dwarf virus*)-Resistenz in fünf spaltenden Maispopulationen, (2) eine QTL-Analyse zur Identifikation von Genombereichen, die an der BYDV-Resistenz beteiligt sind und (3) die Feinkartierung dieser Genombereiche mit Hilfe eines Assoziationskartierungsansatzes. Auf diese Weise sollen molekulare Marker identifiziert

werden, die zur marker-gestützten Züchtung von BYDV-resistentem Mais eingesetzt werden können.

Realisierung

Fünf spaltende Populationen (mit insgesamt 445 Linien) und 5 Elternlinien wurden im Jahr 2011 an zwei Versuchsorten, in Wadersloh bei Syngenta Seeds GmbH und in Borken bei Monsanto Agrar Deutschland GmbH, sowie im Gewächshaus in zwei Wiederholungen ausgesät. Im Zweiblattstadium wurde auf dem Feld jeweils eine, im Gewächshaus beide Wiederholungen durch das Ausbringen von virustragenden Blattläusen (*Rhopalosiphum padi*, Virusisolat: BYDV-PAV) mit BYDV inokuliert. Ca. 6 Wochen später wurden Blattproben vom 6. Blatt gesammelt und mittels DAS-ELISA am JKI im Hinblick auf ihren BYDV-Gehalt analysiert. In den Feldversuchen wurden außerdem die folgenden Merkmale erhoben: Bonitur der Virussymptome (1-9) darunter gelbe Blattstreifen (YS) und rote Blattspitzen (RE). Darüber hinaus wurde die Pflanzenhöhe (PH) [cm], Kolbenhöhe (EH) [cm] und der Zeitpunkt der männlichen und weiblichen Blüte (FT) [Tage nach Aussaat] erfasst.

Im Gewächshaus (Klimatische Bedingungen) wurde die Assoziationskartierungspopulation (303 Linien) in zwei zeitlich aufeinander folgenden Wiederholungen angebaut, mit BYDV inokuliert und mittels DAS-ELISA am JKI im Hinblick auf ihre BYDV-Konzentration untersucht.

Die phänotypischen Daten der Feldversuche 2011 wurden mit den Softwares ASReml und R analysiert. Das gemischte Modell für die Auswertung beinhaltet den Orts-, Populations-, Genotyp- und Blockeffekt.

Ergebnisse

Wir beobachteten über die zwei Orte hohe Heritabilitäten für die erhobenen Merkmale, wobei die Werte zwischen 0,42 für das am niedrigsten heritable Merkmal YS und 0,94 für das höchst heritable Merkmal PH rangierten. Die Heritabilitäten für die Merkmale PH und EH waren sowohl in den inokulierten Pflanzen als auch in den Kontrollpflanzen mit Mittelwerten von 0,9 bzw. 0,8 sehr hoch. Die Virusextinktion (EX) zeigte eine Heritabilität von durchschnittlich 0,7. Das bedeutet, dass die beobachtete phänotypische Variation für dieses Merkmal im Wesentlichen durch den Genotyp beeinflusst wird und die Verbesserung dieses Merkmals durch Züchtung deshalb möglich ist. Für das Symptom RE war die Heritabilität in den inokulierten Pflanzen mit 0,6 höher als in den Kontrollpflanzen (0), da an letzteren keine roten Blattspitzen zu beobachten waren. Der Grund für die niedrige Heritabilität für YS ist, dass gelbe Blattstreifen auch durch andere abiotische und biotische Einflüsse hervorgerufen werden können. Unsere Ergebnisse deuten darauf hin, dass das Symptom RE für BYDV charakteristisch ist.

Die Variation hinsichtlich der Resistenz gegen BYDV innerhalb und zwischen den fünf spaltenden Populationen ist sowohl für das Merkmal EX als auch für das Merkmal RE groß (Abb.1). Diese Variabilität bietet eine gute Grundlage für eine erfolgreiche QTL-Kartierung. Die inokulierten Linien zeigen eine große Variation hinsichtlich des Virus-

gehaltenes (EX). Aus der Abbildung wird deutlich, dass nicht alle Linien, die einen hohen Virusgehalt aufweisen auch starke BYDV- Symptome zeigen. Diese Beobachtung hängt damit zusammen, dass man zwischen resistenten Pflanzen, in denen keine Vermehrung des Virus in der Pflanze stattfinden kann und die folglich auch keine Symptome zeigen und toleranten Pflanzen, die zwar keine Symptome zeigen, in denen sich der Virus allerdings vermehren kann, unterscheidet.

(Geplante) Verwertung

Durch steigende Wintertemperaturen überleben große Blattlauspopulationen den Winter und infizieren in frühen Wachstumsstadien Maispflanzen, die als wichtiger Sommerwirt für BYDV dienen. BYDV-resistenter Mais trägt dazu bei, den Lebenszyklus von BYDV zu unterbrechen und somit das Problem mit BYDV in der Landwirtschaft auch mit steigender Klimaerwärmung zu reduzieren. Die Evaluierung von Mais auf BYDV-Resistenz durch Blattlausinokulation und mit Hilfe von ELISA ist sehr arbeitsintensiv, teuer und lässt sich schwer in den Zuchtprozess integrieren. Deshalb sind molekulare Marker, die mit BYDV-Resistenzgenen gekoppelt sind, die Voraussetzung für eine effektive Züchtung von BYDV-resistentem Mais.

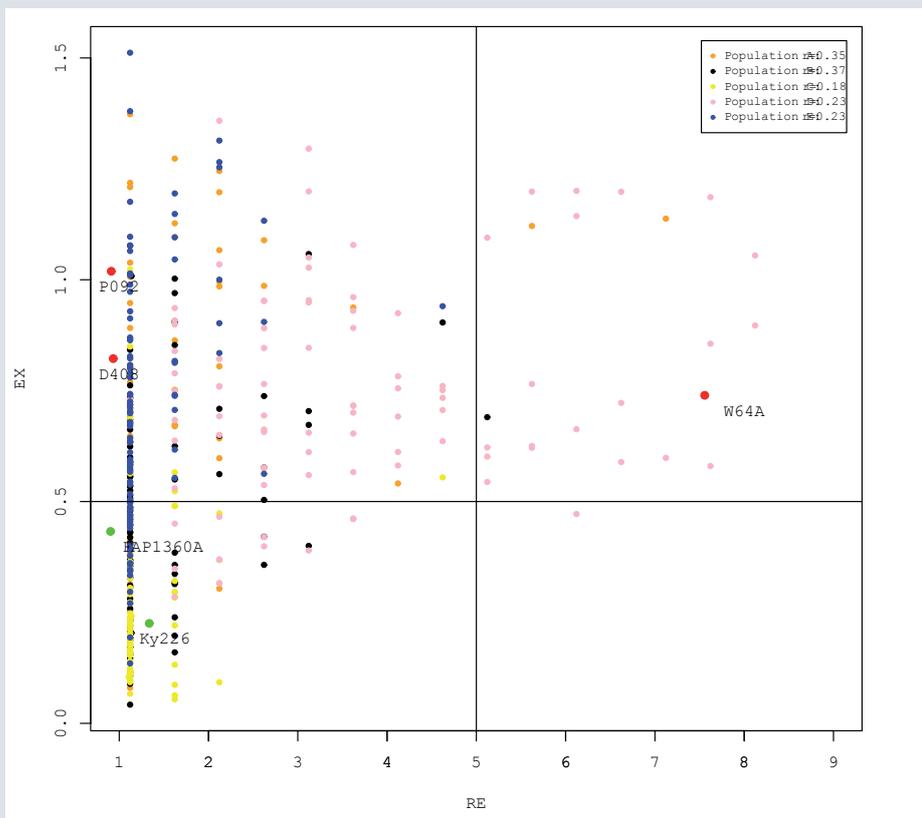


Abbildung 1: Kovariation der Merkmale rote Blattspitzen (RE) und Virusextinktion (EX) in den fünf spaltenden Populationen. Die horizontale Linie bei EX = 0,5 stellt die Grenze zwischen resistenten und anfälligen Pflanzen dar und die vertikale Linie ist die Grenze zwischen toleranten Genotypen auf der linken Seite und solchen mit starken Symptomen auf der rechten Seite. Die Elternlinien mit roten Symbolen wurden als anfällig und Elternlinien mit grünen Symbolen als resistent charakterisiert.

„Sicherung der durch Klimaerwärmung bedrohten Rizomania-Resistenz in Zuckerrüben durch molekulargenetische Identifizierung des Resistenzgens *Rz2* und Auffinden neuer Resistenzquellen“

“Stabilizing the climate change affected rhizomania resistance in sugar beet by molecular identification of the resistance gene *Rz2* and discovery of new resistance sources”

Laufzeit

01.06.2011 bis 31.01.2014

Projektkoordinator, Institution

Gemeinschaft zur Förderung der privaten deutschen Pflanzenzüchtung e.V. (GFP), Bonn

Verbundpartner

Dr. Friedrich Kopisch-Obuch
Christian-Albrechts-Universität Kiel,
Institut für Pflanzenbau und Pflanzenzüchtung

Prof. Dr. Mark Varrelmann
Institut für Zuckerrübenforschung (IfZ), Göttingen

Über GFP beteiligte Züchter:
KWS SAAT AG, Einbeck
Strube Research GmbH & Co. KG, Söllingen
Syngenta Seeds GmbH, Bad Salzungen

Kurzfassung

Ziel

Rizomania ist sowohl in Deutschland als auch weltweit eine der wirtschaftlich bedeutendsten Krankheiten im Zuckerrübenanbau. Diese durch einen bodenbürtigen Pilz übertragene Viruskrankheit wird zurzeit ausschließlich über den Anbau resistenter Zuckerrübensorten kontrolliert, die vorwiegend auf dem Majorgen *Rz1* aus der „Holly“-Resistenzquelle beruhen. Aufgrund der zu erwartenden Klimaerwärmung wird in naher Zukunft ein verstärkter Befallsdruck wie auch ein zunehmendes Auftreten von bereits nachgewiesenen aggressiveren Virus-Isolaten erwartet. Dies wird vermutlich zu einem Zusammenbruch des Resistenzniveaus der modernen Zuckerrübensorten führen und kann somit den gesamten mitteleuropäischen sowie weltweiten Zuckerrübenanbau gefährden. Die Erweiterung der bisher verwendeten *Rz1*-basierten Resistenz um neue

Resistenzquellen stellt einen vielversprechenden Lösungsansatz für dieses Problem dar, da sie das bestehende Resistenzniveau erhält und somit eine nachhaltige Sicherung des Zuckerrübenanbaus gewährleisten kann. Die Identifizierung neuer Resistenzgene und deren Übertragung in angepasstes Zuchtmaterial ist jedoch ein aufwändiger Prozess, welcher sich meist über mehrere Jahre erstreckt. Um eine Beschleunigung dieses Prozesses zu ermöglichen, soll über einen innovativen genetischen Ansatz das Resistenzgen *Rz2* in einer in situ Wildrübenpopulation feinkartiert und kartengestützt kloniert werden. Ziel des Projektes ist es, Gensequenz-basiert über *Rz2* neue Resistenzgene im *Beta vulgaris* Genpool zu identifizieren und genspezifische Marker für eine umgehende Übertragung in das Zuchtmaterial zu entwickeln.

Realisierung

Grundlage der wissenschaftlichen Arbeiten im Projekt ist eine Wildrübenpopulation im dänischen Kalundborg Fjord, die für das Resistenzgen *Rz2* aufspaltet. Da es sich bei der Wildrübe *Beta vulgaris* ssp. *maritima* um einen strengen Fremdbefruchter handelt, ist von einem geringen Kopplungsungleichgewicht (Linkage Disequilibrium, LD) in der Wildrübenpopulation auszugehen. Diese Population bildet somit hervorragendes Ausgangsmaterial für eine hochauflösende LD-Kartierung von *Rz2*. Ein Kartierungspanel von 200 Wildrüben-Nachkommenschaften dieser Population wird in wiederholten Gewächshausversuchen für Rizomania-Resistenz phänotypisiert. Zugleich soll das Kartierungspanel mit Markern genotypisiert werden, um die gewünschte Feinkartierung von *Rz2* zu ermöglichen. Weiterhin sollen basierend auf der Feinkartierung *Rz2*-Kandidatengene identifiziert und darüber hinaus in einem in EcoTilling-Ansatz verwendet werden, um potenziell neue Resistenzquellen in Wildrübenakzessionen detektieren zu können.

Ergebnisse

Die bisher durchgeführten Markeranalysen der 200 Wildrüben-Nachkommenschaften des Kartierungspanels deuten auf einen hohen Durchkreuzungsgrad und eine einfache Populationsstruktur hin. Ferner deuten die Ergebnisse des Resistenztests daraufhin, dass sich resistente und anfällige Genotypen über den gesamten Kalundborg Fjord ausbreiten. Damit liefert das vorhandene Kartierungspanel ideale Voraussetzungen für eine hochauflösende Feinkartierung.

(Geplante) Verwertung

Genspezifische Selektionsmarker werden den Züchtern für eine markergestützte Entwicklung von Rizomania-resistenten Zuckerrübensorten zur Verfügung gestellt.

Entwicklung eines Resistenztests bei Radies auf neu auftretende bakterielle Blattfleckenerreger (*Pseudomonas* spp.) als Grundlage für die Züchtung resistenter Sorten“

“Bacterial leaf spots on red radish – developing a screening method for resistance breeding”

Laufzeit

01.02.2011 bis 31.01.2014

Projektkoordinator, Institution

Gemeinschaft zur Förderung der privaten deutschen Pflanzenzüchtung e.V. (GFP), Bonn

Verbundpartner

Dr. Hermann-Josef Krauthausen
Dienstleistungszentrum Ländlicher Raum (DLR) -Rheinpfalz,
Neustadt an der Weinstraße

Über GFP beteiligte Züchter:

Hild Samen GmbH&Co.KG, Marbach
Enza Zaden Deutschland GmbH&Co.KG, Dannstadt-Schauernheim

Kurzfassung

Ziel

In den letzten Jahren kam es durch das vermehrte Auftreten bakterieller Blattflecken an Radies wiederholt zu wirtschaftlichen Verlusten bei der Vermarktung. Starke Schäden wurden besonders nach lang anhaltenden feuchten Witterungsperioden beobachtet. Dabei wurden verschiedene Bakterienarten, meist Pseudomonaden und *Xanthomonas campestris*, aus befallenem Pflanzenmaterial isoliert. Präventive Bekämpfungsstrategien wie Feldhygiene, Terminierung und Dosierung der Beregnung und angepasste Fruchtfolgen sind meist schwer umsetzbar und oft nicht ausreichend wirksam. Sinnvoll wäre die Nutzung toleranter/ resistenter Sorten, welche bislang jedoch noch nicht auf dem Markt verfügbar sind. Zudem fehlen für deren Entwicklung die notwendigen Kenntnisse über die Biologie der Erreger.

Ziele des BLE-Innovationsprojektes sind zunächst die Identifizierung aller beteiligten Erreger und die Ermittlung der Erregeransprüche. Darauf aufbauend soll ein Screeningverfahren auf resistente Pflanzen als Basis für die Züchtung resistenter Sorten entwickelt werden. Das Projekt wird zusammen mit Züchtern der Gemeinschaft zur Förderung der

privaten deutschen Pflanzenzüchtung e.V. (GFP) durchgeführt. Die Förderung des Vorhabens erfolgt aus Mitteln des Bundesministeriums für Ernährung, Landwirtschaft und Verbraucherschutz (BMELV) über die Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung (BLE) im Rahmen des Programms zur Innovationsförderung. Das Projekt wird in der Innovationsausschreibung „Richtlinie über die Förderung von Innovationen zur Züchtung klimaangepasster Kulturpflanzen“ gefördert.

Realisierung

Während der dreijährigen Projektdauer werden Proben von Befallsflächen entnommen, Bakterien isoliert, charakterisiert und auf ihre Pathogenität überprüft.

Physiologische Tests in Zusammenarbeit mit dem LTZ Augustenberg nach LOPAT-Kriterien und mit dem BIOLOG-Verfahren bilden die erste Grundlage der Identifikation. Darauf aufbauend soll ein molekularbiologisches Identifizierungsverfahren entwickelt werden.

Ergebnisse

Zur Klärung des Erregerkreises wurden seit Projektbeginn Bakterien aus symptomatischen Pflanzenteilen sowie aus Saatgutpartien mit Befallsverdacht isoliert und gemäß LOPAT und BIOLOG, zwei Verfahren, die auf den unterschiedlichen physiologischen Eigenschaften der Bakterien beruhen, charakterisiert. Es wurden bislang 70 Bakterienkulturen aus 19 Saatgutpartien und 23 Kulturen aus Pflanzenproben von sechs verschiedenen Standorten untersucht. 13 Isolate aus Blattmaterial und 20 Isolate aus Saatgutproben verursachten Blattfleckensymptome an Radies. Von diesen Isolaten konnten 24 als *Pseudomonas viridiflava* und 9 als *P. syringae* identifiziert werden. Dazu kommen noch vereinzelte Blattflecken bildende *X. campestris* Isolate, die entweder aus Befallsflächen in Rheinland Pfalz stammen, oder sich seit einigen Jahren in der Sammlung des Dienstleistungszentrums Ländlicher Raum (DLR) - Rheinpfalz befinden.

Zur Überprüfung der Nachweisgrenzen von LOPAT und BIOLOG, wurden die Ergebnisse mit rep-PCR (repetitive extragenic palindromic sequence polymerase chain reaction) abgeglichen. Dabei stellte sich heraus, dass die Zuordnung der Bakterien über physiologische Tests auf Pathovar-Ebene nur unzureichend möglich ist. Eine Charakterisierung der Kulturen über multilocus sequence typing (MLST), bei dem mehrere charakteristische Bereiche der DNA sequenziert werden, soll klären, ob dadurch genauere Ergebnisse erzielt werden können.

Ergänzend erfolgen Untersuchungen zu den Erregeransprüchen an Umweltfaktoren, zum Einfluss des Pflanzenalters und zu Virulenzvergleichen an verschiedenen Sorten, die damit den Ausgangspunkt für die Entwicklung eines Screeningverfahrens bilden.

(Geplante) Verwertung

Über die entwickelten Resistenztests soll den Züchtern ermöglicht werden, durch eine einfache Methodik ihr Zuchtmaterial auf Resistenzen zu überprüfen und Pflanzen mit den entsprechenden Eigenschaften zu selektieren. Langfristig sollen dadurch Sorten mit verbesserten Qualitätseigenschaften entstehen, die den Anbauern die Möglichkeit bieten, sich effektiv vor Ausfällen durch bakterielle Blattfleckenerreger zu schützen.

„Falscher und Echter Mehltau an Petersilie – Erarbeitung von Screeningmethoden für die Resistenzzüchtung“

“Downy and Powdery Mildew of Parsley – developing screening methods for resistance breeding”

Laufzeit

01.11.2010 bis 31.10.2013

Projektkoordinator, Institution

Gemeinschaft zur Förderung der privaten deutschen Pflanzenzüchtung e.V. (GFP), Bonn

Verbundpartner

Dr. H.-J. Krauthausen, Fr. Dr. G. Leinhos
Dienstleistungszentrum Ländlicher Raum (DLR), Neustadt an der Weinstraße

Fr. Dr. U. Gärber, Fr. Dr. P. Marx
Institut für Pflanzenschutz in Gartenbau und Forst, Julius Kühn-Institut (JKI), Kleinmachnow

Über GFP beteiligte Züchter:

Hild Samen GmbH&Co.KG, Marbach
Enza Zaden Deutschland GmbH&Co.KG, Dannstadt-Schauernheim

Kurzfassung

Ziel

Im Petersilienanbau tritt in heißen Sommermonaten verstärkt Echter Mehltau an Petersilie auf, der in Topfkulturen bereits das Hauptproblem ist. Ebenfalls konnte eine starke Ausbreitung des Falschen Mehltaus an Petersilie durch den Erreger *Plasmopara petroselinii* in den vergangenen Jahren im Freilandanbau (ca. 1.700 ha in 2010) in allen wichtigen Anbauregionen Deutschlands festgestellt werden.

Für gezielte Gegenmaßnahmen fehlen grundlegende Kenntnisse zur Biologie und Epidemiologie der Erreger. Selbst die taxonomische Zuordnung und das Wirtspflanzenspektrum sind nicht geklärt. Deshalb werden im Rahmen des Innovationsprogramms des BMELV in einem 3-jährigen Verbundprojekt erstmalig biologische Grunddaten zu beiden Erregern erarbeitet, die als Basis für die Entwicklung von effektiven Screeningmethoden für die Pflanzenzüchtung dienen sollen.

Realisierung

Für die Erarbeitung der biologischen Grunddaten wurden deutschlandweit Isolate gesammelt und fortlaufend erhalten. Alle Untersuchungen erfolgen an zwei Referenzsorten (je eine glatt- und krausblättrige Sorte) im Gewächshaus und in Klimakammern.

Anhand von Infektionsversuchen mit mehreren Temperaturstufen und variierender relativer Luftfeuchte wurden Optima für die Infektion, Latenzzeit, Sporenkeimung und Sporulation ermittelt. Es erfolgte eine Charakterisierung der Virulenz von Isolaten sowie erste Untersuchungen zu Wirtspflanzenspektren.

Die erarbeiteten biologischen Grunddaten dienen als Basis für die Entwicklung effizienter Methoden für ein Resistenzscreening. In einem ersten Schritt wurden verschiedene Saat- und Anzuchttechniken geprüft: Einzelkorn- vs. Mehrkornsaat, Erdpresstöpfle vs. Direktsaat. Anschließend erfolgte die Inokulation in unterschiedlichen Pflanzenentwicklungsstadien (Keimblatt bis 5-Blatt-Stadium). Als makroskopische Kriterien für eine mögliche Resistenz wurden Befallshäufigkeit, Befallsstärke (Blattetagen, Gesamtpflanze), Sporulationsdichte und nekrotische oder chlorotische Läsionen an den Blättern bonitiert.

Ergebnisse

Untersuchungen zum Einfluss verschiedener Klimafaktoren auf *P. petroselini* zeigten, dass der Erreger in einem Temperaturbereich von 4 bis 20°C Petersilie infizieren kann. Versuche zur Blattnässedauer bewiesen, dass diese und die Temperatur interaktiv auf die Infektion wirken, z. B. führten 4 h Blattnässe bei 15°C zur gleichen Befallsstärke wie ca. 24 h Blattnässe bei 4°C. Die Latenzzeit des Falschen Mehltaus wurde im Gewächshaus (13°C nachts, 14 bis 24°C tags, Mittelwert 15°C, rel. Luftfeuchte 77 %) ermittelt und betrug 8 Tage. Maximale befallene Blattfläche und maximale Sporulation wurden nach 12 Tagen Kultur bei den gegebenen Klimabedingungen erreicht. Bei hoher relativer Luftfeuchte sporulierte der Erreger in einem Temperaturbereich von 10 bis 20°C. Bei Temperaturen von 5°C und 23°C wurde die Sporangienbildung fast vollständig unterbunden.

Die Konidien des Echten Mehltaus waren bei allen untersuchten Temperaturen keimfähig. Die Keimraten betragen bei 15°C und 20°C ca. 80 %. Bei niedrigeren Temperaturen keimten nur 10 bis 20 % der Konidien.

Ferner wurde ein Einfluss der Temperatur auf die Inkubationszeit nachgewiesen. Die Inkubationszeit war bei 25°C am kürzesten (7 Tage). Mit Ab- und Zunahme der Temperatur verlängerte sich die Inkubationszeit auf bis zu 18 Tage. Im Gegensatz zur Temperatur zeigte die relative Luftfeuchte keinen Einfluss auf die Inkubationszeit in den geprüften Feuchtestufen 30, 50 und 70 %. Die Sporulationsrate des Echten Mehltaus ist dagegen sowohl von der Temperatur als auch von der relativen Luftfeuchte abhängig. Mit zunehmender Luftfeuchte nahm die Anzahl gebildeter Konidien zu. Die höchste Sporulationsrate kam bei 70 % relativer Luftfeuchte vor. Nach Temperaturen von 20°C und 25°C waren die Sporulationsraten deutlich höher als bei 15°C.

Eine Charakterisierung von Isolaten des Echten Mehltaus mittels visueller Schätzung der befallenen Blattfläche 15 Tage nach Inokulation zeigte deutliche Unterschiede in der Virulenz.

Erste Untersuchungen zum Wirtspflanzenspektrum erfolgten mit einem *P. petroselini*-Isolat auf ausgewählten Umbelliferen-Arten sowie zwei hoch anfälligen Sorten Blattpetersilie zum Vergleich. Bisher konnte bei Inokulation von jungen Pflanzen mit einer hohen Sporangiedichte das verwendete Falsche Mehltau Isolat auf Anis, Koriander, Pastinake, Wurzelpetersilie, Liebstöckel, Dill und Gemüsefenchel zusätzlich zu den Blattpetersiliesorten zur Sporulation gebracht werden.

Die Ergebnisse der Erfassung klimatischer Bedingungen für ein optimales Wachstum der Erreger werden für die Entwicklung der Screening-Testsysteme genutzt. Mit den Testsystemen soll es Pflanzenzüchtern zukünftig ermöglicht werden, Petersilienzuchtmaterial auf Resistenz zu prüfen, um neue mehltaresistente Petersiliensorten entwickeln zu können.

(Geplante) Verwertung

Die Ergebnisse werden in wissenschaftlichen Publikationen veröffentlicht. Die Züchtungsunternehmen können somit epidemiologische Parameter nutzen, um genetisches Material reproduzierbar auf ihr Resistenzverhalten gegenüber Echtem und Falschem Mehltau zu prüfen.

Durch die enge Kooperation mit Gemüsezüchtungsunternehmen wird die Methode an den Erfordernissen der Praxis hinsichtlich Praktikabilität, Reproduzierbarkeit und Kosten für die Anwendung an große Versuchsserien angepasst.

Die Ergebnisse des Projektes können in erster Linie zur Entwicklung neuer mehltaresistenter Petersiliensorten genutzt werden. Eine weitere Nutzung der Ergebnisse ist im Bereich der Pflanzenschutzämter und Officialberatung vorstellbar. Es könnten dann auf Infektionsstandorten gezielt Sorten mit verbesserter Mehltaresistenz den Gemüseproduzenten empfohlen werden.

„Verbesserung der Resistenz von Winterraps (*Brassica napus*) gegen den durch Klimawandel geförderten Schadpilz *Verticillium longisporum*“

“Improving resistance of winter oilseed rape (*Brassica napus*) to *Verticillium longisporum* a fungal pathogen dependent on climate change”

Laufzeit

01.07.2011 bis 30.06.2014

Projektkoordinator, Institution

Gemeinschaft zur Förderung der privaten deutschen Pflanzenzüchtung e.V. (GFP), Bonn

Verbundpartner

Prof. Dr. Dr. Wolfgang Friedt, Dr. Christian Obermeier
Justus-Liebig-Universität Gießen - FB 09 - Agrarwissenschaften, Ökotropologie und Umweltmanagement - Institut für Pflanzenbau und Pflanzenzüchtung I - Pflanzenzüchtung

Prof. Dr. Andreas von Tiedemann
Georg-August-Universität Göttingen - Fakultät für Agrarwissenschaften - Department für Nutzpflanzenwissenschaften - Abt. Pflanzenpathologie und Pflanzenschutz

Über GFP beteiligte Züchter:

Saatzucht Diekmann GmbH & Co.KG, Nienstädt
W. von Borries-Eckendorf GmbH & Co.KG, Leopoldshöhe
Deutsche Saatveredelung AG, Lippstadt
KWS-SAAT AG, Einbeck
Limagrain GmbH, Peine-Rosenthal
Norddeutsche Pflanzenzucht Hans-Georg Lembke KG, Hohenlieth
Raps GbR Saatzeit Lundgaard
Lantmännern SW Seed Hadmersleben GmbH, Hanstedt
Syngenta Seeds GmbH, Bad Salzuflen

Kurzfassung

Ziel

Im Mittelpunkt des Projektes steht die Verbesserung der Leistung und Leistungsstabilität der bedeutenden Kulturpflanze Raps durch Züchtung auf Resistenz und/oder Toleranz gegen einen vom Klimawandel begünstigten und besonders schwer bekämpf-

baren Schadorganismus. Spezifisches Ziel ist die Entwicklung von Winterrapsorten (*Brassica napus*) mit stabiler Resistenz gegenüber *Verticillium longisporum*, dem Erreger der krankhaften Abreife, auch unter veränderten Klimabedingungen. In den deutschen Rapsanbaugebieten wird seit den 1980er Jahren eine zunehmende Ausbreitung von *V. longisporum* beobachtet. Da die gegenwärtigen Klimaprojektionen für die gemäßigten Breiten Europas mildere und feuchtere Winter prognostizieren, stellt *V. longisporum* einen Schadorganismus dar, der durch den Klimawandel stark begünstigt werden wird. Da *Verticillium* zudem die Gefäße befällt, besteht auch ein direkter Bezug zur Effizienz der Nutzung von Wasser und damit zur Trockenstresstoleranz von Raps. Eine Bekämpfung von *V. longisporum* mit Fungiziden ist nicht möglich. Deshalb kommt der Züchtung neuer Rapsgenotypen und Sorten mit stabiler Resistenz gegenüber *V. longisporum* für den Einsatz unter veränderten Klimabedingungen zum Erhalt eines leistungsfähigen Rapsanbaus höchste Priorität zu.

Realisierung

Das Projekt besteht aus einem züchterischen und einem phytopathologischen Teil, sowie der Umsetzung durch die beteiligten Rapszüchtungsunternehmen. Die Zielsetzung im züchterischen Teil soll durch Innovationen umgesetzt werden, die die Selektion von resistenten Pflanzen als Ausgangsmaterial erleichtern. Dies soll durch die kombinierte Anwendung von verschiedenen besonders innovativen Genom-, Transkriptom- und Metabolom-basierten Analyse- und Markertechniken erreicht werden. Hierbei sollen Raps-Kartierungspopulationen genutzt werden, die parallel phytopathologisch bezüglich ihres Resistenzphänotyps analysiert werden. Hinzu kommt die Untersuchung der Stabilität der Resistenz unter veränderten Klimabedingungen und die Untersuchung der Trockenstresstoleranz resistenter Genotypen unter Befallsbedingungen. Angestrebtes Ergebnis des Projekts ist die Beschleunigung des Züchtungsfortschritts durch Entwicklung von abgeleiteten Markern für die Marker-gestützte Selektion von Raps auf Resistenz gegen *Verticillium* und ihre agronomische Bewertung unter Klimastressbedingungen.

Ergebnisse

Im züchterischen Teil wurden bisher phenolische Metaboliten mittels High Performance Liquid Chromatographie (HPLC) identifiziert, die an der Ausprägung der Resistenz gegenüber *V. longisporum* beteiligt sind. Diese phenolischen Metaboliten könnten Hinweise auf Kandidatengene für *V. longisporum*-Resistenz liefern und die effektive Entwicklung neuer Marker für die marker-gestützte Selektion auch unter veränderten Klimabedingungen ermöglichen. Die im Hypokotyl der Pflanzen identifizierten phenolischen Substanzen zeigten deutliche Konzentrationsunterschiede in der Kontroll- und *V. longisporum*-inokulierten Variante von 98 Linien einer Kartierungspopulation. Die phänotypische Varianz in der Gesamt-Konzentration aller zellwand-gebundenen Phenole erklärt einen relativ großen Anteil von 43 % der Resistenz. Dies steht in Übereinstimmung mit einer Reihe von Studien zu Resistenzmechanismen gegenüber pilzlichen Pathogenen bei verschiedenen Kulturpflanzen, in denen Vorgänge auf Zellwand-Ebene wie z.B. die Lignifizierung eine große Bedeutung als Teil der pflanzlichen Resistenzantwort zugesprochen wird. Es wurden zwei genomische Regionen (quantitative trait loci, QTL) detektiert, die sowohl an der Ausprägung der Resistenz als auch an der Produktion oder

Umsetzung einzelner phenolischer Substanzen beteiligt sind. Diese nach *V. longisporum*-Infektion induzierten phenolischen Substanzen im Hypokotyl weisen eine starke Korrelation mit Resistenz auf. Derzeitig werden massenspektroskopische Untersuchungen zur Identifizierung dieser Metaboliten und der entsprechenden beteiligten Kandidatengene durchgeführt.

Die phytopathologischen Untersuchungen haben bislang ergeben, dass *Verticillium*-Befall keinen signifikanten Einfluß auf die Trockenstressresistenz der beiden Rapsgenotypen gemessen anhand typischer physiologischer Trockenstressparameter (Transpirationsrate, stomatäre Leitfähigkeit, Photosyntheserate) hat. Dies steht im Einklang mit dem Befund, dass *V. longisporum* bei Raps keine Welkesymptome induziert und deutet darauf hin, dass die in resistenten Genotypen induzierten Gefäßokklusionen deren Trockenstresstoleranz nicht negativ beeinflussen. Umgekehrt wurde durch zusätzlichen Trockenstress die sortenspezifische Befallsbereitschaft bzw. Resistenz nicht beeinflusst. Das bedeutet, dass es sich bei der gefundenen polygenen quantitativen Resistenz um eine von der Wasserversorgung weitgehend unabhängige Eigenschaft handelt. Auch konnte keine additive Wirkung von abiotischem und biotischem Stress auf die Pflanzentrockenmassebildung festgestellt werden. Diese Ergebnisse sollen nun durch weiterführende Untersuchungen der Expression von Trockenstress-responsiven Genen sowie Analyse des Prolingehalts als Marker für Trockenstress erhärtet werden.

(Geplante) Verwertung

Am Ende des Projektes werden grundlegende wissenschaftlich-technische Erkenntnisse zu Genetik und Resistenzeigenschaften von Raps gegenüber *Verticillium longisporum* vorliegen. Das Wissen um die praktische Nutzbarkeit der Sortenresistenz bei variablen Klima-, insbesondere Trockenstressbedingungen wird ihren Praxiseinsatz maßgeblich bestimmen. Darüber hinaus werden Marker für *Verticillium*-Resistenz verfügbar sein, die in der Marker-gestützten Selektion von den Rapszüchtungsunternehmen in der Praxis einsetzbar sind. Im Rahmen des Projektes wird definiertes und gut charakterisiertes resistentes Ausgangsmaterial für die Verwendung durch die Züchterbetriebe vorliegen.

„Züchtung von Raps mit Resistenz gegen vom Klimawandel begünstigte Schadinsekten“

“Breeding oilseed rape tolerant against insects promoted by global climate change”

Laufzeit

01.11.2010 bis 31.10.2013

Projektkoordinator, Institution

Gemeinschaft zur Förderung der privaten deutschen Pflanzenzüchtung e.V. (GFP), Bonn

Verbundpartner

Prof. Dr. Heiko Becker
Georg-August-Universität Göttingen, Department für Nutzpflanzenwissenschaften

Dr. Bernd Ulber
Georg-August-Universität Göttingen, Department für Nutzpflanzenwissenschaften

Über GFP beteiligte Züchter:
KWS SAAT AG, Einbeck
Limagrain GmbH, Edemissen
Norddeutsche Pflanzenzucht Hans-Georg Lembke KG, Holtsee

Kurzfassung

Ziel

Gegenüber Hauptfrüchten wie Getreide, Zuckerrüben oder Mais ist im Winterrapsanbau sowohl die Anzahl spezialisierter Schädlinge, als auch deren Auftreten erhöht, sodass Mehrfachbehandlungen mit Insektiziden praxisüblich sind. Eine hohe Anzahl an Behandlungen bei einer beschränkten Palette an Wirkstoffen übt einen starken Selektionsdruck auf die Schaderregerpopulationen aus, sodass Resistenzen gegenüber Wirkstoffen entstehen können. Zusätzlich lassen durch den klimatischen Wandel verursachte, ansteigende Temperaturen im Frühjahr generell stärkere Schädlingsgradationen erwarten. Die Identifizierung möglicher natürlicher Resistenzquellen gegenüber Schaderregern ist daher eine wichtige Alternative zum chemischen Pflanzenschutz.

Im Verbundprojekt zwischen den Abteilungen Agrarentomologie und Pflanzenzüchtung der Universität Göttingen und deutschen Rapszüchtungsunternehmen werden die Resistenzeigenschaften eines breiten Spektrums von *Brassica*-Genotypen gegenüber den im Frühjahr als erstes auftretenden Rapsschädlingen, dem Großen Rapsstängelrüssler *Ceutorhynchus napi* und dem Gefleckten Kohltriebrüssler *C. pallidactylus* insbesondere in Hinsicht auf die potentiellen Resistenzfaktoren Blatt- und Stängelglucosinolatzusammensetzung untersucht.

Realisierung

Das sich im Glucosinolatgehalt und -muster stark unterscheidende Prüfsortiment umfasst 30 Genotypen, davon 15 resynthetisierte Linien und 15 alte und neue Sorten, welches

- a) in mehrjährigen und mehrortigen Feldversuchen,
- b) in Halbfreilandversuchen mit definierten Schaderregerdichten und
- c) in Klimakammerversuchen

auf die Anfälligkeit gegenüber dem Rapsstängelrüssler (RSR) und Kohltriebrüssler (KTR) untersucht wird. Dazu werden in der Abteilung Agrarentomologie alle befallsrelevanten Parameter (z.B. Anzahl Larven/Pflanzen) erfasst und parallel in der Abteilung Pflanzenzüchtung die Glucosinolatzusammensetzung der Genotypen in Stängeln, Blättern und Samen analysiert. Die Feldversuche mit natürlichem Befallsdruck der Schädlinge werden 3-jährig mit jeweils 4 Versuchsstandorten durchgeführt. In den sogenannten Halbfreilandversuchen werden in zwei Jahren je 12 der 30 Genotypen in insektendichten 4*2m großen Gaze-Ausschlusszelten angebaut und mit einer definierten Dichte von 60 RSR Weibchen und 30 RSR Männchen eingesetzt. In den Klimakammerversuchen wird die Wirtseignung der Genotypen anhand der Eiablagepräferenz adulter Weibchen und des Blattfraßes von adulten Käfern getestet. Weiterhin wird im letzten Projektjahr eine von den beteiligten Züchtern erstellte DH-Population mit 150 DH-Linien aus der Kreuzung ‚Express x L16‘ an 4 Standorten geprüft und mit AFLP und SSR Markern genotypisiert, um eine QTL-Kartierung für einzelne Glucosinolate durchzuführen.

Ergebnisse

Die Tabelle 1 zeigt eine Übersicht über die bisher durchgeführten Feldversuche. Es wird deutlich, dass eine Differenzierung zwischen den Genotypen nur bei einem ausreichenden Befallsdruck der Schädlingen möglich ist, welcher 2011 an den auswertbaren Orten sowohl für den RSR als auch den KTR nicht gegeben war (vgl. niedrige Heritabilitäten).

Tabelle 1: Übersicht der Ergebnisse bisheriger Feldversuche. RSR - Rapsstängelrüssler. KTR - Kohltriebbrüssler. h^2 - Heritabilität. ** signifikant bei $p=0,01$

Jahr	Standort	Schädling	Anzahl Genotypen	Mittlere Anzahl Larven / Pflanze im Haupttrieb	Genotypische Varianz (F-Wert ANOVA)	h^2 [%]
2011	Göttingen1	RSR		0.59	0.94	0.0
		KTR	28	1.26	1.26	20.7
	Göttingen2	RSR		Auswinterung		
		KTR	0	Auswinterung		
	Peine	RSR		Auswinterung		
		KTR	0	Auswinterung		
Einbeck	RSR		0.53	0.58	0.0	
	KTR	29	0.63	1.37	26.9	
2012	Göttingen1	RSR		3.22	4.54**	78.0
		KTR	14	1.64	1.01	1.1
	Göttingen2	RSR		10.33	2.88**	65.3
		KTR	15	1.43	1.04	3.8
	Peine	RSR		1.52	1.40	28.6
		KTR	15	0.99	2.81*	64.4
Einbeck	RSR	-	Auswertung noch nicht abgeschlossen			
	KTR					

Die Analysen der Glucosinolatgehalte und -zusammensetzungen 2011 ergaben nicht nur signifikante Unterschiede zwischen den Genotypen in Abhängigkeit vom Probenahmetermin, sondern auch unterschiedliche Gesamtgehalte zwischen Blatt und Stängel (Daten nicht gezeigt). So variierte der mittlere Gesamtglucosinolatgehalt zwischen Blatt und Stängel am ersten Probenahmetermin Mitte April zwischen 2 μmol pro g Trockenmasse bei der Sorte Liropa und 24 μmol bei der Sorte Sollux. Zum zweiten Probenahmetermin schwankten die Gesamtglucosinolatgehalte zwischen 0,38 (Visby) und 5,7 (S3) μmol pro g Trockenmasse, wobei die Gehalte im Blattmaterial immer geringer als im Stängelmaterial waren. Unsere bisherigen Ergebnisse legen nahe, dass der Gesamtglucosinolatgehalt und auch die Zusammensetzung an Einzelglucosinolaten sehr stark von den Faktoren Entwicklungsstadium, Genotyp, Pflanzenorgan, Standort und deren Interaktionen beeinflusst wird.

Im laufenden Versuchsjahr 2012 war das Befallsniveau für den KTR sehr niedrig (0.99 bis 1,64 Larven pro Pflanze). Signifikante Unterschiede zwischen den Genotypen wurden am Standort Peine festgestellt. Für den RSR konnten 2012 an beiden Göttinger Standorten signifikante Unterschiede im Befall festgestellt werden, wobei der Schädlingsbefall zwischen den Orten sehr unterschiedlich war (3.22 Larven/Pfl. bei Goe1 gegenüber 10.33 Larven/Pfl. bei Goe2). Die Heritabilitäten für diese beiden Orte lagen mit 65.3 (Goe2) und

78.0 (Goe1) im mittleren Bereich. In beiden Versuchsjahren haben Winterschäden in dem genetisch extrem diversen Material zu teilweise erheblichen Ausfällen geführt.

Im Halbfreilandversuch 2011/2012 konnten bei definierter Schädlingsdichte signifikante Unterschiede im Befall mit dem RSR zwischen den Genotypen festgestellt werden (Abb. 1). Als am wenigsten anfällig zeigte sich die Resynthese S30 (<2 Larven/Pflanze), während die Resynthesen L16 (8,1 Larven/Pfl.) und L122 (8,5 Larven/Pfl.) den höchsten Befall aufwiesen. Ein Zusammenhang zwischen Befall und Glucosinolatprofil der Genotypen konnte in diesem Versuch jedoch nicht nachgewiesen werden (Daten nicht gezeigt).

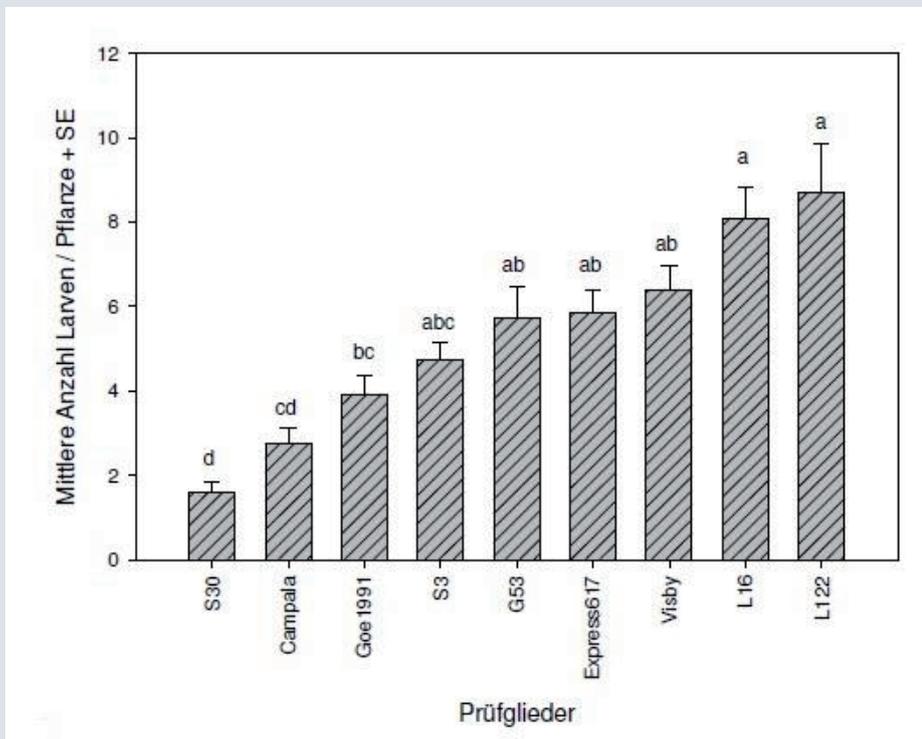


Abbildung 1: Mittlere Anzahl Larven je Prüfglied am 08.05.2012 im Halbfreilandversuch. SE \triangleq Standardfehler. Unterschiedliche Buchstaben kennzeichnen sign. Unterschiede zwischen den Genotypen bei $\alpha = 0,05$

(Geplante) Verwertung

Als Ergebnis des Projektes wird erwartet: (1) die Identifizierung von Genotypen mit einer verbesserten natürlichen Resistenz gegenüber wichtigen Rapsschädlingen, und (2) die Aufklärung der Zusammenhänge zwischen Insektenresistenz und Rapsglucosinolaten um eine züchterische Selektion auf Insektenresistenz wesentlich zu erleichtern. Diese Ergebnisse werden über den Verbundpartner GFP (Gesellschaft zur Förderung der privaten deutschen Pflanzenzüchtung) der deutschen Rapszüchtung zur Verfügung gestellt und können langfristig zur Entwicklung von neuen Sorten mit verbesserter Insektenresistenz genutzt werden.

„Nachhaltige Sicherung der Körnermaisproduktion durch Verbesserung der Resistenz gegen Maiszünsler“

“Sustainable Maintenance of Grain Maize Production by Improving Classical Resistance against the European Corn Borer”

Laufzeit

01.03.2011 bis 28.02.2014

Projektkoordinator, Institution

Prof. Dr. Chris-Carolin Schön, Dr. Peter Westermeier
Technische Universität München, Lehrstuhl für Pflanzenzüchtung, Freising

Verbundpartner

Dr. Joachim Eder
Bayerische Landesanstalt für Landwirtschaft, Institut für Pflanzenbau und Pflanzenzüchtung, Freising

Dr. Milena Ouzunova, Dr. Bettina Kessel, Dr. Ralph Kreps
KWS Saat AG, Einbeck

Kurzfassung

Ziel

Der Maiszünsler (*Ostrinia nubilalis* Hb.) ist einer der bedeutendsten Schädlinge im Maisanbau. Er verursacht Ertragsausfälle bis zu 30 %. In den vergangenen Jahrzehnten hat sich der Schädling immer weiter nach Norden ausgebreitet und kommt mittlerweile fast deutschlandweit vor. Aufgrund steigender Durchschnittstemperaturen ist zu erwarten, dass in Zukunft die Schäden durch den Maiszünsler in Deutschland weiter zunehmen werden. In der Kulturart Mais gibt es natürliche genetische Variation für die Zünslerresistenz, weshalb die Resistenzzüchtung einen wichtigen Beitrag zur Minimierung von Ertragseinbußen leisten kann. Andere Lösungsansätze sind entweder gesellschaftlich nicht akzeptiert (Gentechnik) oder mit hohem Aufwand verbunden (biologische und chemische Bekämpfung). Da die phänotypische Evaluierung des Pflanzenmaterials u.a. durch sehr aufwändige Feldversuche unter künstlicher Infestierung erfolgt, ist zu erwarten, dass die marker-gestützte Selektion im Fall der Zünslerresistenz weit effizienter als die phänotypische Selektion sein wird. Ziel des Projekts ist, „Quantitative Trait Loci“ (QTL) für Zünslerresistenz in deutschem Elite- Zuchtmaterial zu kartieren und diese für die Marker-gestützte Züchtung von Sorten mit verbesserter Zünslerresistenz zu verwenden.

Realisierung

Aus Kreuzungen mit vorgeprüften Resistenzquellen wurden drei Kartierungspopulationen mit insgesamt ca. 600 DH-Linien entwickelt. Die drei Populationen wurden mit Hilfe von ca. 5.000 SNP Markern genotypisiert und in 2011 an zwei Standorten unter künstlicher Infestierung sowie an vier Standorten unter natürlichem Befall phänotypisch evaluiert. Zur Erfassung der Resistenz wurden zwei Hauptmerkmale erhoben: Die visuelle Bonitur von Stängelbruch (SB), sowie die Messung der Länge der durch den Zünsler verursachten Fraßgänge (TL).

Ergebnisse

Nach vorläufigen Ergebnissen der QTL-Kartierung wurden für SB drei bis sechs QTL pro Population identifiziert, die im Durchschnitt 57 bis 67% der genetischen Variation erklären. Für TL wurden ein bis drei QTL pro Population detektiert, die jeweils 18 bis 38% der genetischen Variation erklären. Diese ersten Kartierungsergebnisse in lokal adaptiertem Elitematerial sind vielversprechend für die Anwendung der marker-gestützten Selektion in der praktischen Züchtung.

Basierend auf den Ergebnissen der Phänotypisierung im Jahr 2011 wurden jeweils 25% der resistentesten und 10% der anfälligsten Linien selektiert (extreme der Kartierungspopulationen). Aus den selektierten Fraktionen wurden im Winterzuchtgarten Testkreuzungen erzeugt, um die selektierten Linien sowohl per se als auch in Testkreuzungsform nochmals in 2012 an sieben Standorten zu prüfen. Dabei soll nachgewiesen werden, ob die an den Linien per se detektierten Resistenz-QTL auch in deren Testkreuzungskombinationen wirksam sind. Gleichzeitig wird die agronomische Leistung der Testkreuzungen in getrennten Ertragsprüfungen evaluiert, um deren Sorteneignung zu testen.

(Geplante) Verwertung

Da neben den Resistenzmerkmalen gleichzeitig die agronomischen Eigenschaften geprüft werden, sollte es möglich sein, zeitnah neue Maissorten zu entwickeln, welche sowohl ein gutes Resistenzniveau gegen Maiszünsler, als auch eine gute Leistung im praktischen Anbau aufweisen.

„Selektion von Lupinen-Genotypen mit Resistenz gegen Aphiden und deren Abhängigkeit vom Alkaloidgehalt und Entwicklungstemperatur“

“Selection of lupine genotypes with resistance against aphids and its dependency from plant alkaloid content and development temperature”

Laufzeit

01.12.2010 bis 31.11.2013

Projektkoordinator, Institution

Dr. E. Schliephake, PD Dr. F. Ordon
Julius Kühn Institut, Institut für Resistenzforschung u. Stresstoleranz,
Quedlinburg

Verbundpartner

Dr. B. Saal, K. Kaufmann
Saatzucht Steinach GmbH, Steinach

Kurzfassung

Ziel

Die Züchtung bitterstoffarmer Lupinen hat neue Nutzungsmöglichkeiten für diese Kulturart eröffnet. Die allgemeine Verringerung des Alkaloidgehaltes führt jedoch gleichzeitig zu einer erhöhten Anfälligkeit für verschiedene Schaderreger. Mit der Ausweitung des Lupinenanbaus ist abzusehen, dass sich, gefördert durch die zunehmende Klimaerwärmung, verschiedene Blattlausarten an Lupinen mit niedrigem Alkaloidgehalt anpassen und sich damit zu wirtschaftlich bedeutenden Schädlingen des Lupinenanbaus entwickeln werden. Projektziel ist, die Anpassungsfähigkeit potentiell schädlicher Blattläuse an verschiedene Lupinengenotypen in Abhängigkeit vom Alkaloidgehalt zu prüfen und, falls eine Abhängigkeit des Befalls von Alkaloidgehalt nachweisbar ist, Genotypen der Blauen Lupine mit niedrigem Bitterstoffgehalt in den Samen, aber ausreichend hohem Alkaloidgehalt in Blättern und Stängeln während der Wachstumsphase zu identifizieren.

Realisierung

Durch ein Screening verschiedener Genotypen der blauen Süßlupine (Sorten, Zuchtlinien, Genbankakzessionen) auf Resistenz gegen verschiedene Blattlausarten (*Macrosiphum albifrons*, *Myzus persicae*, *Aphis fabae*, *Aphis craccivora* und *Acyrtosiphon pisum*) in Klimakammerversuchen und der Analyse dieser Genotypen auf Alkaloidzusammensetzung und -gehalt in unterschiedlichen Pflanzenorganen (Blätter, Stängel) sowie der Analyse auf den Gehalt an löslichen Zuckern als weitere mögliche Komponente einer Blattlausre-

sistenz, soll der Einfluss dieser Inhaltsstoffe auf die Entwicklung verschiedener Leguminosen besiedelnder Aphidenarten untersucht werden. Zudem wird das Saugverhalten der Aphiden an ausgewählten Genotypen mit unterschiedlichen Alkaloidgehalten mittels EPG untersucht. Da bekannt ist, dass der Alkaloidgehalt der Pflanzen neben verschiedenen Faktoren auch von der Umgebungstemperatur abhängt, wird zudem die Wirkung der Temperatur auf die Vermehrung einzelner Aphidenarten und auf den Alkaloidgehalt ausgewählter Lupinengenotypen unter verschiedenen Temperaturbedingungen im Klimaschrank geprüft. Durch Untersuchungen im Freiland zum Blattlausbefall in Parzellenversuchen an verschiedenen Standorten werden die Gewächshausergebnisse verifiziert. In weiteren Versuchen wird zudem der Einfluss eines Blattlausbefalls auf die Ertragsleistung untersucht. Weiterhin wird geprüft, ob wässrige Extrakte alkaloidreicher Lupinen zur biologischen Blattlausbekämpfung geeignet sind.

Durch Erstellen von Kreuzungen aus alkaloidreichen und -armen Sorten und durch die Analyse von Resistenzverhalten, Inhaltsstoffgehalt und -zusammensetzung der F2-Nachkommen sollen Erkenntnisse zur Genetik des Alkaloidgehaltes und der Blattlausresistenz gewonnen werden.

Ergebnisse

Das Resistenzscreening in der Klimakammer, bei dem die Vermehrung von Blattläusen nach 7 und 14 Tagen erfasst wurde, zeigte für die Lupinenblattlaus (*M. albifrons*) nur einen geringen Einfluss des Alkaloidgehaltes auf ihre Vermehrung (Abb. 1). Die Versuche mit den Blattlausarten Grüne Pfirsichblattlaus (*M. persicae*, Abb. 2), Schwarze Bohnenblattlaus (*A. fabae*) und der Erdnusslaus (*A. craccivora*) ergaben, dass sich diese Arten gut auf dem alkaloidarmen Genotyp „Bo083521AR“ vermehren können. Auf weiteren alkaloidarmen Genotypen war ebenfalls eine, wenn auch deutlich geringere Vermehrung möglich, während sie sich auf den alkaloidreichen Genotypen kaum bis gar nicht entwickelten. Die Erbsenblattlaus (*A. pisum*) reagierte sehr empfindlich auf Alkaloide und akzeptierte Lupine nicht als Wirtspflanze. Erst durch längere Vermehrung auf sehr alkaloidarmen Sorten ließ sich eine Anpassung erreichen. Diese Unterschiede in der Akzeptanz zeigten sich auch in den Untersuchungen zum Saugverhalten von *M. albifrons*, *A. fabae*, *A. craccivora*, *M. persicae* und *A. pisum* an Blättern des alkaloidarmen Genotyps „Boregine“ (*Lupinus angustifolius*) mit der EPG-Technik. Im Unterschied zu den anderen Arten ist die Einstichdauer von *A. pisum* deutlich verkürzt und das Phloem wird nicht erreicht, bzw. das Saugen am Phloem ist von nur sehr kurzer Dauer.

Zwischen den anfälligen, alkaloidarmen Genotypen und den bitteren, alkaloidreichen Genotypen wurden Kreuzungen erstellt, die im Gewächshaus auf Befall durch *A. fabae* bzw. *M. persicae* untersucht werden.

Für *M. persicae* konnte eine negative Korrelation (Spearman-Rangkorrelation) zwischen der Alkaloidkonzentration in den Blättern und der Vermehrung der Tiere nach 7 ($r = -0,718$) bzw. 14 Tagen ($r = -0,837$) nachgewiesen werden. Entsprechende Korrelationen ließen sich ebenfalls für die einzelnen Alkaloidverbindungen feststellen, mit Ausnahme von Isolupanin, Lupanin und Multiflorin, deren Gehalt nicht signifikant mit der Blatt-

lausvermehrung korrelierte. Aufgrund der ähnlichen Vermehrung der anderen Blattlausarten bestehen vergleichbare Beziehungen. Für die Vermehrung von *M. albifrons* konnte keine Korrelation zwischen der Anzahl der Tiere nach 7 bzw. 14 Tagen und den Alkaloiden der Blätter bzw. Stängel beobachtet werden. Der Vergleich der Alkaloidgehalte der Pflanzen nach Befall durch *M. albifrons* ergab weiterhin, dass es, mit Ausnahme einer Verringerung des Lupaningehaltes, zu keinen signifikanten Änderungen im Gehalt kommt. Die Alkaloidgehalte im Blattmaterial korrelieren deutlich mit denen des Stängelmaterials ($r=0,87$ bis $r=0,98$).

Die 2011 durchgeführten Feldversuche erbrachten auf Grund zu geringen Blattlausbefalls auf allen Standorten keine Aussagen zum natürlichen Befall. Der regional sehr stark unterschiedliche natürliche Befall im laufenden Jahr 2012 ergab am Standort Groß Lüsewitz eine deutliche Differenzierung in der Präferenz der Aphiden (überwiegend *A. fabae*) mit einer auffälligen Bevorzugung der alkaloidarmen Genotypen. Diese auch im Screening als anfällig selektierten Genotypen zeigten teilweise einen massiven Blattlausbefall.

Die bisherigen Prüfungen zur aphiziden Wirkung der Lupinenextrakte deuten auf eine sehr artspezifische Reaktion der getesteten Aphiden.

(Geplante) Verwertung

Die Kenntnis der Beziehung zwischen dem Alkaloidgehalt in den einzelnen Pflanzenorganen und der Anfälligkeit bzw. Resistenz gegen Aphiden soll der Züchtung die gezielte Entwicklung von Sorten mit möglichst geringem Alkaloidgehalt im Samen aber ausreichender Alkaloidsynthese in den Blättern ermöglichen.

„Induktion einer frühzeitigen Blüte bei Pappel und bei Apfel zur Beschleunigung der Züchtung auf Resistenz gegenüber Krankheiten (SpeedBreed)“**“Induction of early flowering in poplar and in apple for faster breeding on disease resistance (SpeedBreed)”****Laufzeit**

01.02.2011 bis 31.01.2014

Projektkoordinator, Institution

PD Dr. Matthias Fladung

Johann-Heinrich von Thünen Institut (vTI), Institut für Forstgenetik,
Grosshansdorf**Verbundpartner**

Prof. Dr. Magda-Viola Hanke

Julius Kühn-Institut (JKI), Institut für Züchtungsforschung an gartenbaulichen Kulturen und Obst, Dresden

Kurzfassung**Ziel**

Die Erzielung eines nennenswerten züchterischen Fortschritts bei Gehölzen ist wegen der mehrjährigen vegetativen Wachstumsphase und damit des allgemein späten Eintritts in die Geschlechtsreife nur eingeschränkt möglich. Aus diesem Grund kann die klassische Gehölzzüchtung nur sehr langfristig auf bestehende Probleme reagieren. Das Ziel dieses Projektvorhabens ist es, den Züchtungsprozess bei Pappel und Apfel durch die Verwendung von natürlichen und transgenen, frühblühenden Genotypen entscheidend zu beschleunigen. Der gentechnische Ansatz basiert darauf, dass die „Frühblühgene“ nur während des Zuchtprozesses genutzt und letztendlich auf natürliche Weise wieder ausgekreuzt werden. Die resultierenden Linien sind daher nicht gentechnisch verändert. Damit sollen im Rahmen dieses Projekts Pilz-anfällige Pappel- bzw. Pilz- und Bakterien-anfällige Apfellinien genetisch verbessert werden.

Realisierung

Teil Pappel:

Verschiedene Arten von Blattrostpilzen (*Melampsora spp.*) gehören zu den wichtigsten Pappelpathogenen. Ein erster Ansatz für eine schnellere und effizientere Züchtung ist die Einbindung von natürlichen, frühblühenden und *Melampsora*-resistenten Pappeln. Im

ersten Projektteil wird ein Pappelhybridklon (*P. tremula* x *P. tremuloides*, Klon T89) als Kreuzungspartner verwendet, der beide Eigenschaften verbindet. Dieser Hybridpappelklon blüht bereits nach vier statt der üblichen sieben bis zwölf Jahre, und hat ein höheres Resistenzpotential gegenüber Blattrost.

Eine zusätzliche Optimierung des Züchtungsprozesses soll durch die Verwendung transgener frühblühender Linien erreicht werden. Damit könnte die Geschlechtsreife innerhalb eines Jahres möglich werden. Verschiedene Blütengene aus *Arabidopsis* (FT, AP1, LFY) unter Kontrolle des hitzeinduzierbaren Promotors HSP sollen in männliche und weibliche Blattrost-resistente Pappelhybridklone überführt werden. Frühblühende transgene Linien beider Klone sollen für Kreuzungen mit Blattrost-anfälligen Elitelinien verwendet werden.

Teil Apfel:

Bei Obstgehölzen ist es bei vielen Arten mit kulturtechnischen Methoden möglich, die teilweise sehr langen, vegetativen Phasen zu verkürzen. Mit den bislang beschriebenen Methoden wurde jedoch vor allem die Transitionsphase (Übergangsphase vom vegetativen zum generativen Wachstum) verkürzt. Die juvenile Phase, die den größten Anteil der vegetativen Phasen ausmacht, konnte mit solchen Verfahren jedoch nicht gebrochen werden.

Wesentlich effektiver scheint die Verkürzung der vegetativen Phase mithilfe gentechnischer Verfahren zu sein. Bei Apfel war eine erfolgreiche Brechung der juvenilen Phase sowohl mit dem BpMADS4-Gen der Birke als auch mit den apfeleigenen Genen MdFT und MdAP1 möglich. Von diesen Pflanzen scheinen vor allem die BpMADS4-transgenen Linien für ein Zuchtprogramm geeignet zu sein. Die Entwicklung eines Züchtungsverfahrens, mit dem man eine Kreuzungsgeneration pro Jahr realisieren kann, hat vor allem den Vorteil, dass man innerhalb kurzer Zeit mehrere Resistenzgene aus verschiedenen Apfelwildarten und auf dem natürlichen Weg der sexuellen Rekombination in das Kulturapfelgenom übertragen kann.

Ergebnisse

Teil Pappel:

Zur Pyramidisierung von Resistenzgenen gegen Blattrost wurde der natürlich frühblühende Hybridpappelklon T89 mit dem ebenfalls Blattrost-resistenten Pappelklon Ih13 (*P. tremuloides* Mich.) sowie dem Hybridpappelklon 14IIA (*P. tremula* x *P. tremuloides*), gekreuzt. Die Blattrost-anfälligen Klone Großdubrau und W7 (*P. tremula* L.) wurden ebenfalls mit dem Pappelklon T89 gekreuzt. Die daraus entstandene Nachkommenschaft soll auf ihre Blattrost-Anfälligkeit hin überprüft werden.

Das Genkonstrukt HSP::AP1 wurde für die genetische Transformation der Pappelklone Esch5 (weiblich) und T89 (männlich) verwendet. Eine Reihe von *Hygromycin*-resistenten

Linien wurde erhalten. PCR-Tests konnten die Anwesenheit des Genkonstrukts in mehreren Linien bestätigen. Männliche transgene Linien, die das Genkonstrukt HSP::FT tragen, sind bereits verfügbar. Der weibliche Hybridpappelklon Esch5 wurde ebenfalls mit HSP::FT transformiert. Das Genkonstrukt konnte mittels PCR in den erhaltenen Hygromycin-resistenten Linien bestätigt werden.

Leider haben die HSP::LFY transgenen Linien im Gegensatz zu 35S::LFY transgenen Pflanzen nicht geblüht. Verfügbare männliche HSP::FT transgene Pappellinien entwickeln zwar nach der Hitzebehandlung zuverlässig Blüten (Abb. 1), jedoch zeigen diese eine gestörte Pollenentwicklung. In weiteren Versuchen soll getestet werden, ob die Fertilität dieser Pflanzen gesteigert werden kann, um sie für Kreuzungsversuche zu verwenden.

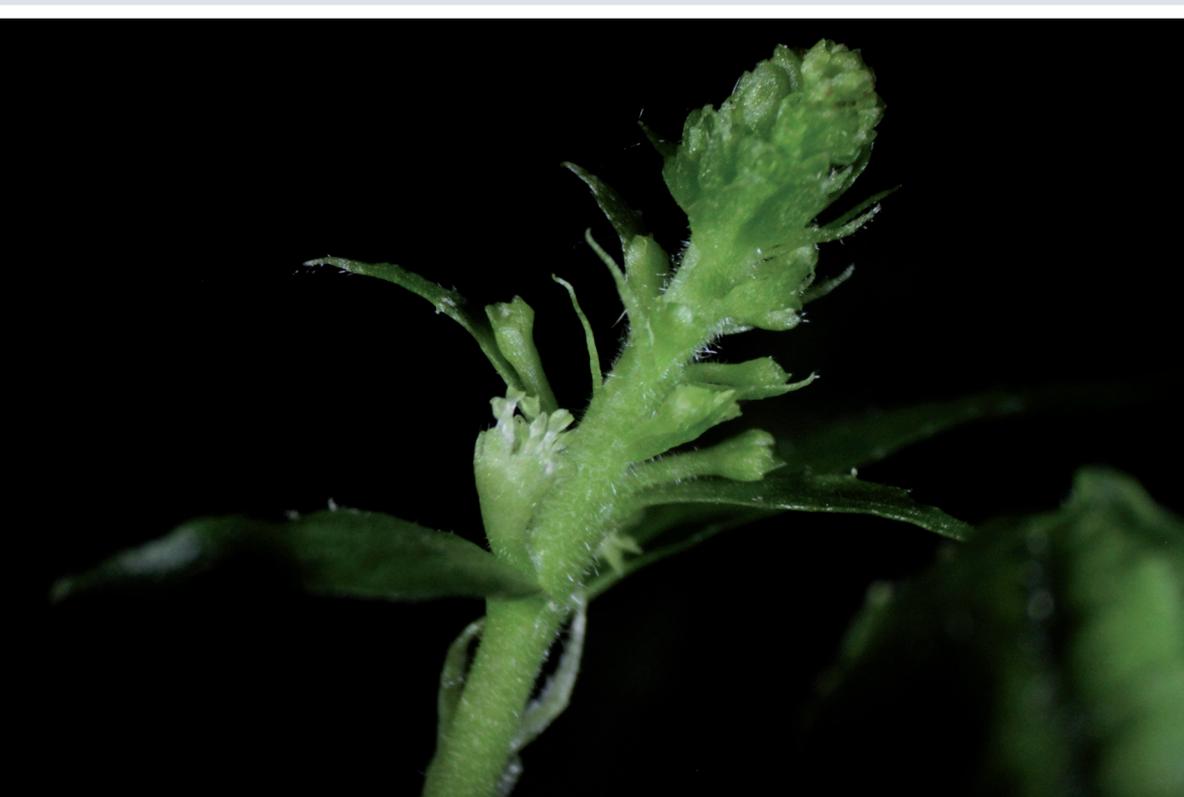


Abbildung 1: Transgene frühblühende Pappeln (Alter < 1 Jahr) haben ein großes Potential für die Forstpflanzenzüchtung.

Teil Apfel:

Das Frühblühen BpMADS4 unter Kontrolle des konstitutiven Promotors 35S bzw. des HSP-Promotors wurde für die *Agrobacterium*-vermittelte Transformation von Apfelpflanzen der Sorten 'Pinova', 'Gala' und 'Mariri Red' verwendet. Aus den Transformationen mit den Sorten 'Pinova' und 'Gala' sind insgesamt 29 transgene Linien hervorgegangen. Die Sorte 'Mariri Red' stellte sich als ungeeignet für Transformationen heraus, da sich nur Kalli und keine Regenerate entwickelten. Die transgenen Linien werden molekularbiologisch mittels PCR und Southern Blot untersucht und für Versuche zur Hitzestressinduzierbarkeit der Blüte verwendet.

Parallel wurden die blühfördernden Gene PtFT1 bzw. PtFT2 aus *P. trichocarpa* unter Kontrolle des HSP-Promotors in die Apfelsorte 'Pinova' transformiert. In Versuchen mit der transgenen Linie M795, welche das PtFT2-Gen unter Kontrolle des HSP-Promotors beinhaltet, wurde die Expression des Transgens nach 30 Minuten bei 42 °C angeschaltet, hielt bei einmaliger Induktion nur einen Tag an und führte nach Langzeitinduktion (28 Tage, 1 h 42 °C täglich) zu einer frühen Blütenbildung bei 18 von 35 Pflanzen (Abb. 2). Die Bonitur der Blüten und Untersuchungen des Pollens sollen Aufschluss über die Verwendbarkeit der transgenen Linien für ein Züchtungsprogramm geben. Des Weiteren soll die Übertragung der PtFT-mRNA durch eine Veredlungsstelle überprüft werden.



Abbildung 2: Apfelpflanzen mit Frühblühen aus der Birke unter der Kontrolle eines hitzeinduzierbaren Promotors zeigen nach Langzeithitzinkubation eine Blütenbildung.

**(Geplante) Verwertung**

Die Überwindung der späten Geschlechtsreife in Forst- und Obstgehölzen würde der Gehölzzüchtung unvorstellbare Möglichkeiten eröffnen. Eine schnelle und effiziente Züchtung, vergleichbar mit der Züchtung, die seit Jahrhunderten mit landwirtschaftlichen Pflanzen betrieben wird, könnte sich daraus entwickeln.

Aufgrund der sich ändernden klimatischen Bedingungen und der zunehmenden Verbreitung von Schädlingen ist in den nächsten Jahren vermehrt mit dem Auftreten von bisher unbekanntem Krankheiten zu rechnen. Pilze zählen zu den bedeutendsten Pathogenen bei Pappel und Apfel, gegen die in Wildarten vorhandene Resistenzgene in Hochleistungsklone eingekreuzt werden müssen. Die aus diesem Projekt erhaltenen Ergebnisse werden nicht nur für die Pappel- und Apfelzüchtung von Bedeutung sein, sondern auch für die Züchtung von Gehölzen allgemein.

Sektion 2: Lebensmittel

„Anwendung von Plasmaverfahren zur schonenden Haltbarmachung am Beispiel verderblicher Lebensmittelprodukte in der Nachernte (FriPlas)“

“Application of plasma technology for gentle preservation of perishables in the post-harvest chain”

Laufzeit

15.10.2009 bis 15.10.2012

Projektkoordinator, Institution

Dr.-Ing. Oliver Schlüter

Leibniz-Institut für Agrartechnik Potsdam-Bornim e.V. (ATB), Potsdam

Verbundpartner

Holger Adamzig

ELBAU Elektronik Bauelemente GmbH, Berlin

Ingo Cziollek

CZIOTEC Industrie-, Umform- und Werkzeugbautechnik GmbH, Greifswald

Dr. Markus Herrmann & Dominique Chatard

Rudolf Wild GmbH & Co. KG, Berlin/Eppelheim/Heidelberg

Dr. Jörg Ehlbeck

Leibniz-Institut für Plasmaforschung und Technologie e. V. (INP), Greifswald

Prof. Dr. Dipl.-Ing. Dietrich Knorr

Technische Universität Berlin (TUB), Berlin

Kurzfassung

Ziel

Generell besteht eine große Nachfrage hinsichtlich schonender Hygienisierungsmaßnahmen bei der Produktion und Verarbeitung von frischem Obst und Gemüse, denn die wirtschaftliche Bedeutung derzeitiger Verluste ist erheblich. Prinzipiell können die

auftretenden Verluste verschiedenartige Ursachen haben, doch besonders mikrobielle Kontaminationen können auf allen Stufen der Wertschöpfung, d.h. bei der Erzeugung, der Verarbeitung, dem Transport, dem Bereitstellen, aber auch vor der Zubereitung beim Verbraucher schwerwiegende Produkt- bzw. Gesundheitsschäden hervorrufen.

Im Rahmen des Forschungsprojektes FriPlas soll durch Nutzung neuartiger Plasmatechnologien in Verbindung mit onlinefähigen Detektionsmethoden ein innovatives Verfahrenskonzept zur erforderlichen Steigerung der hygienischen Qualität und Sicherheit frischer pflanzlicher Lebensmittel erarbeitet werden. Durch frühzeitige Einbindung relevanter Wirtschaftsunternehmen wird dabei die Integration der technischen Lösungen in den Praxisbetrieb vorbereitet.

Realisierung

Die Realisierung einer neuen gesamtheitlichen Lösungsstrategie zur Steigerung der hygienischen Qualität und Sicherheit frischer pflanzlicher Lebensmittel wird durch innovative Ansätze zum verfahrensbegleitenden Monitoring von Schadkeimen auf der Produktmatrix sowie eine zielgerichtete Prozessführung unter Berücksichtigung der wertgebenden Inhaltsstoffe erarbeitet. Die Umsetzung des Gesamtprojektes erfolgt durch Vernetzung von drei Teilvorhaben mit den inhaltlichen Schwerpunkten:

- a) Verfahrenskonzeption und technische Umsetzung (INP, CZIOTEC GmbH);
- b) Charakterisierung von Hygienestatus und Wirkparametern (ATB, ELBAU GmbH);
- c) Produktqualität und Systemintegration (TUB, Rudolf Wild GmbH).

Das Verfahrenspotenzial der Plasmabehandlung zur Haltbarkeitsverlängerung soll einerseits am Beispiel von leichtverderblichen Frischeprodukten wie Salat sowie andererseits an lagerfähigen Produkten (z.B. Apfel) exemplarisch dargestellt werden. Durch enge Verzahnung von spezialisierten Industriepartnern und Forschungsinstituten wird eine hohe Praxisrelevanz der Lösungskonzepte sichergestellt.

Ergebnisse

Als Experimentalanlage im Labormaßstab wurde am ATB zunächst ein Atmosphärendruck-Plasmajet (kINPen09) installiert (Abb. 1). Die Anlage umfasst eine Gasflussregelungseinheit, mit welcher die Prozessgase (Argon oder Stickstoff) und deren Gasflussraten von 3 – 8 slm (Standardliter pro Minute) sowie Zudosierungen von Molekülgasen (z.B. Sauerstoff) des Jets eingestellt werden können, einen xyz-beweglichen Tisch inklusive Steuerungssoftware, der neben statischen auch dynamische Behandlungsweisen von Proben ermöglicht.



Abbildung 1: Behandlung von Feldsalat mit dem Plasmajet (kINPen08, INP)

Zur Ermittlung geeigneter Betriebsparameter wurden klassische mikrobiologische Untersuchungen und analytische Tests auf einem Modellsystem durchgeführt, um die Bedeutung einzelner Betriebsparameter auf das Prozessergebnis zu ermitteln. Neben dem Einfluss der Gasflussrate und der Generator-Spannung spielten besonders die Gaszusammensetzung und der gewählte Abstand zur Probe bzw. zum untersuchten Produkt (Feldsalat) eine entscheidende Rolle.

Die antibakterielle Wirkung des Plasmas wurde an Gram-negativen (*Escherichia coli* DSM 1116, *Pectobacterium carotovorum* DSM 30168) und einem Gram-positiven Bakterium (*Listeria innocua* DSM 20649) untersucht. Zur Quantifizierung der Inaktivierung wurde das Gelmodell genutzt und vor den physiologischen Untersuchungen nach dem Ablösen jeweils 3% der Proben abgenommen und über Verdünnungsreihen im klassischen Plattenzählverfahren analysiert. Alle untersuchten Bakterien konnten innerhalb von 90 s um mindestens 3 logarithmische Einheiten bzw. Zehnerpotenzen der Anfangskeimkonzentration reduziert werden (Abb. 2). In den bisherigen Untersuchungen erwies sich das Gram-positive Bakterium *L. innocua* als vergleichsweise robuster, während das phytopathogene *P. carotovorum* in 60 s nahezu vollständig inaktiviert werden konnte.

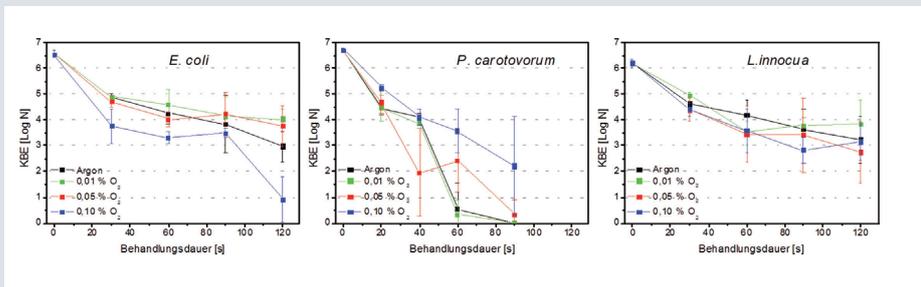


Abbildung 2: Inaktivierung der Bakterienarten *E. coli*, *P. carotovorum*, *L. innocua* auf der Gel-Modellmatrix bei 18 mm Abstand zur Plasmajet-Spitze.

Mit Hilfe von durchflusscytometrischen Analysen ist es möglich die Wirkung der Plasmapehandlung zu charakterisieren. Die mittels der Färbeprotokolle gewonnenen Daten werden verwendet, um in weiteren Untersuchungen detaillierte Erkenntnisse über die spezifischen Effekte von Plasma zu erhalten. Außerdem sollen die ermittelten Behandlungsparameter auf Flüssigproben übertragen werden, um ein Monitoring von z.B. Gemüsewaschwasser zu ermöglichen.

Um Einflüsse der Plasmapehandlung auf das pflanzliche Zellgewebe zu beurteilen, wurde als Prüfmethode die Chlorophyllfluoreszenz-Bildanalyse (CFIA) genutzt. Mittels des beweglichen Probenisches und eines spezifischen Software-Protokolls wurden u.a. frisch geerntete Feldsalatblätter gezielt mit Plasma behandelt. Zur Beurteilung der physiologischen Produkteigenschaften wurde innerhalb der CFIA-Software eine entsprechende Auswahlmaske erstellt und Veränderungen der lokalen maximalen photochemischen Effizienz (F_v/F_m) gemessen. Die Entwicklung von F_v/F_m wurde nach Anwendung der maximalen Generatorleistung in Abhängigkeit vom Abstand zur Plasma-Generationszone ermittelt und über eine Lagerungsdauer von 72 Stunden aufgezeichnet. Je geringer der Abstand, desto stärker war die Beeinträchtigung des Pflanzengewebes. Führten 20 bis 60 s Plasma bei 11 mm Abstand des Produktes zur Jetspitze unmittelbar zu einer deutlichen Abnahme von F_v/F_m , so halbierte sich der Verlust der maximalen photochemischen Effizienz nach einer Abstandserhöhung auf 13 mm. Ab 18 mm wurde nach 60 s keine Beeinträchtigung der Chlorophyllfluoreszenzsignale mehr gemessen und damit eine Prozessführung gefunden, die die Behandlung äußerst empfindlicher Produkte erlaubt. Eine kostengünstige Maßstabsübertragung kann durch die Anwendung indirekter Plasmaverfahren vorgenommen werden.

(Geplante) Verwertung

Die im Rahmen des Projektes erarbeiteten Verfahren- und Steuerungskonzepte für eine Plasma-basierte Hygienebehandlung von frischen Lebensmitteln bilden eine Basis für zukünftige Anwendungen, an denen ein hohes wirtschaftliches Interesse besteht. Darüber hinaus sind die gewonnenen Erkenntnisse einer breiten Öffentlichkeit anhand von zahlreichen Publikationsleistungen (Fachzeitschriften, Konferenzbeiträge sowie Medienberichte) zugänglich gemacht worden, wie z. B.:

SCHNABEL, U.; OEHMINGEN, K.; NAUJOX, K.; KROHMANN, U.; KINDL, E.; SCHMITT, O.; SCHLÜTER, O.; STEINMETZ, I.; WELTMANN, K.-D.; v. WOEDKE, TH.; EHLBECK, J. (2012) Inactivation

of *Escherichia coli* K-12 and enterohemorrhagic *Escherichia coli* (EHEC) by atmospheric pressure plasma. *Journal of Food Protection*. (eingereicht)

SUROWSKY, B.; FISCHER, A.; SCHLÜTER, O.; KNORR, D. (2012) Cold plasma enzyme inactivation in a model food system. *Innovative Food Science and Emerging Technologies*. (eingereicht)

FRÖHLING, A.; BAIER, M.; EHLBECK, J.; KNORR, D.; SCHLÜTER, O. (2012) Atmospheric pressure plasma treatment of *Listeria innocua* and *Escherichia coli* at polysaccharide gel surfaces: Inactivation kinetics and flow cytometric characterization. *Innovative Food Science and Emerging Technologies*. 13:142-150.

SCHNABEL, U.; NIQUET, R.; KROHMANN, U.; WINTER, J.; SCHLÜTER, O.; WELTMANN, K.-D.; EHLBECK, J. (2012) Decontamination of microbiologically contaminated specimen by direct and indirect plasma treatment. *Plasma Processes and Polymers*. 9: 569-575.

BAIER, M.; EHLBECK, J.; SCHLÜTER, O. (2010) Von der Sonne lernen – Nutzung der Plasmatechnologie zur schonenden Behandlung von Lebensmitteln. *ForschungsReport2/2010*, 30-33.

SCHLÜTER, O. Wissen: Plasmabehandlung von Obst und Gemüse. Live-Gespräch mit Dr. Oliver Schlüter, rbb Kulturradio Rundfunk Berlin-Brandenburg (rbb) Sendetermin: 31.05.2011

„Einsatz der Hochdrucktechnologie in Kombination mit einer neuen Verpackung zur Herstellung sicherer, qualitätsoptimierter Frischeprodukte mit verlängerter Haltbarkeit“

“Application of high pressure processing (HPP) in combination with novel packaging for the production of safer, quality-optimized fresh food products with extended shelf life”

Laufzeit

15.11.2009 bis 15.11.2012

Projektkoordinator, Institution

Dr. Volker Heinz

Deutsches Institut für Lebensmitteltechnik e.V., Quakenbrück

Verbundpartner

Prof. Dr. Peter Köhler

Deutsche Forschungsanstalt für Lebensmittelchemie Freising

Prof. Dr. Günter Klein

Stiftung Tierärztliche Hochschule Hannover – Institut für Lebensmittelqualität und –sicherheit, Hannover

Prof. Dr. Dietrich Knorr

Technische Universität Berlin – Fachgebiet Lebensmittelbiotechnologie und Prozesstechnik, Berlin

Prof. Dr. Rudi Vogel

Technische Universität München – Lehrstuhl für Technische Mikrobiologie, Freising

Prof. Dr. Horst-Christian Langowski

Technische Universität München – Lehrstuhl für Verpackungstechnik, Freising

Dr. Peter Butz

Max Rubner Institut – Bundesforschungsinstitut für Ernährung und Lebensmittel, Karlsruhe

Dr. Peter Nünnerich

Uhde High Pressure Technologies GmbH, Hagen

Dr. Herbert Bader
Nordenia Technologies GmbH, Gronau

Mario Dechent
Eckes-Granini Deutschland GmbH, Nieder-Olm

Sebastian Krämer
Müller Service GmbH, Aretsried

Wolfgang Wehming
Ternäben Service GmbH, Lembruch

Hermann Otto-Lübker
Ahrenhorster Edelfisch GmbH & Co. KG, Badbergen-Vehs

Kurzfassung

Ziel

Im Rahmen des Forschungsvorhabens sollen neue prozesstechnische Konzepte zur Herstellung sicherer, qualitativ hochwertiger Lebensmittel erarbeitet werden. Die Hochdrucktechnologie stellt hier einen hervorragenden verfahrenstechnischen Lösungsansatz dar, um neben der erhöhten Produktsicherheit auch längere Haltbarkeiten zu erzielen, ohne den Gehalt der wertgebenden Inhaltsstoffe zu reduzieren. Die vorgestellten Projektarbeiten konzentrieren sich auf die Produktgruppen Frucht/Fruchtsäfte und Fisch.

Einen wesentlichen Projektbestandteil stellen die Untersuchungen zur Hochdruckbehandlung (HPP) von verpackten Lebensmitteln dar. Diese Ergebnisse sollen dazu verwendet werden, um neue Verpackungen, die HPP-geeignet sind, zu entwickeln.

Realisierung

Die zur Realisierung des Projektziels erforderlichen Aufgaben sind sehr komplex und erfordern die Bearbeitung im Forschungsverbund, insbesondere auch, um die stoffspezifischen Vorgänge in der Lebensmittelmatrix zu erarbeiten und das Verhalten der Mikroorganismen zu charakterisieren, wobei die produktspezifischen Mikroorganismen und die Interaktion mit der Verpackung im Mittelpunkt stehen.

Um das Gesamtziel des Vorhabens zu erreichen, wurden einzelne Arbeitsziele, die sich produktübergreifend auf Fisch und Fruchtsäfte beziehen, fixiert:

- Charakterisierung des Verhaltens der Verpackungsmaterialien
- Ermittlung der Hochdruck-induzierten Abtötung von Mikroorganismen

- Ermittlung der Randbedingungen zur Schonung der wertgebenden Inhaltsstoffe
- Charakterisierung der Möglichkeiten zur Schonung der Lebensmittelstruktur
- Erarbeitung der Hochdruck-induzierten Reaktionskinetik / Enzymaktivierung

Zusammenfassend werden im Rahmen des Verbundprojektes somit u.a. übergreifende wissenschaftliche Ziele verfolgt. Hierzu zählen insbesondere die Erfassung der Hochdruck-induzierten Abtötungs- und Reaktionskinetiken und die für die Schonung der wertgebenden Inhaltsstoffe relevanten Randbedingungen. Zu den weiterhin verfolgten technischen Arbeitszielen zählen insbesondere die technische Optimierung der Hochdruckanlage (Abb. 1) entsprechend den erforderlichen Behandlungszyklen sowie die Entwicklung neuer Verpackungssysteme. Ergänzend werden auch Themen wie die Prävention einer möglichen Migration aus den Verpackungsmaterialien in die Produktmatrix verfolgt.



Abbildung 1: Hochdruckanlage Wave 6000/55 (Fa. Hiperbaric)

Ergebnisse

Die bisher durchgeführten Arbeiten zeigen deutlich die positiven Effekte, die aus der Anwendung der Hochdrucktechnologie in der Lebensmittelverarbeitung erreichbar sind. Im Rahmen der Arbeiten wurden für verschiedene Produkte unterschiedliche Prozessparameter erarbeitet, die jeweils eine optimierte HPP ermöglichen.

Mittels HPP kann die mikrobiologische Stabilität von Fruchtzubereitung verbessert werden. Insbesondere bei der Verarbeitung von scherempfindlichen Früchten (z.B. Erdbeeren) hat die Haltbarkeitsverlängerung durch die Anwendung von Hochdrucktechnologie im Vergleich zur Anwendung von thermischen Verfahren eine geringere Schädigung der Früchte sowie eine ansprechendere Färbung und eine intensivere Ausprägung des Aromas der Fruchtzubereitung zur Folge. Diese positiven sensorischen Effekte sind jedoch nicht stabil, so dass im Verlaufe einer Lagerung unerwünschte Farb- und Aromaveränderungen auftreten. Die durch eine HPP erzielten Effekte wurden im Rahmen des Projektes genutzt, um Eigenschaften der Fruchtzubereitung definiert einzustellen und für die Weiterverarbeitung zu optimieren.

Für direkt gepressten Orangensaft konnte ebenfalls gezeigt werden, dass die mikrobiologische Stabilität durch HPP verbessert wird. Hier hat die Anwendung der Hochdrucktechnologie keinen Einfluss auf Farbe und Aroma des Saftes. Vergleichbar zur Fruchtzubereitung treten im Laufe der Lagerung farbliche Veränderungen des hochdruckbehandelten Orangensaftes auf.

Sowohl für Orangensaft, als auch für Grapefruitsaft und Tropic-Smoothie wurde gezeigt, dass wertgebende Inhaltsstoffe wie Carotinoide durch eine HPP nicht geschädigt werden. Auch auf die Polyphenole in Fruchtsäften hat HPP keinen Einfluss. Lediglich im Tropic-Smoothie ist der Polyphenolgehalt nach einer HPP geringfügig reduziert. Der Einfluss von HPP auf matrixspezifische Enzyme ist abhängig von der Art des Enzyms. So sind für verschiedene Enzyme unterschiedliche druckabhängige Enzyminaktivierungskinetiken zu erkennen.

Auch für die im Rahmen des Projektes untersuchten Fischprodukte (frisches Welsfilet, geräuchertes Forellenfilet) wurde nachgewiesen, dass durch HPP eine Reduzierung der mikrobiologischen Belastung (Gesamtkeimzahl, fischtypische Verderbniserreger) erreicht wird und somit die mikrobiologische Stabilität verbessert ist.

Für frische Welsfilets ist nach einer HPP eine optische Veränderung zu erkennen. Diese Veränderung ist untypisch für frischen Fisch, so dass dieses Produkt nicht als frischer Fisch zu vermarkten ist. Hier bietet das Auftragen einer Marinade die Möglichkeit die optische Veränderung, bei gleichzeitiger Erhaltung der mikrobiologischen Stabilität, zu maskieren.

Bei geräucherten Forellenfilets ist die Schwankungsbreite der Produktqualität sehr hoch, so dass HPP keine signifikante Veränderung der Produkteigenschaften zur Folge hat.

Im Rahmen des Projekts wurde eine neue, HPP-geeignete Tray-in-Tray-Verpackung entwickelt. Mit dieser Verpackung, die in den Abb. 2 bis 5 dargestellt ist, ist HPP von Lebensmitteln möglich, ohne dass Lebensmittel oder Verpackung beschädigt werden.



Abbildung 2: Tray-in-Tray Verpackung ungelocht, unbehandelt



Abbildung 3: Tray-in-Tray Verpackung ungelocht, 5 min 6000 bar



Abbildung 4: Tray-in-Tray Verpackung gelocht, 5 min 6000 bar



Abbildung 5: Tray-in-Tray Verpackung gelocht, 5 min 6000 bar

(Geplante) Verwertung

Bei den Forschungspartnern liegt die Verwertung der Ergebnisse im wissenschaftlichen Bereich. Es sind Publikationen in den Fachjournals sowie Vorträge auf nationalen und internationalen Tagungen vorgesehen. Das Projekt wurde im Rahmen der BLE-Innovationstage (06.10. – 07.10.2010, Berlin) vorgestellt und mit Mitarbeitern aus anderen deutschen Forschungseinrichtungen diskutiert.

Über die sich ergänzenden Kompetenzen der Projektpartner ist ein wissenschaftliches Potential gegeben, das bei einzelnen Projektpartnern aber auch bei anderen internationalen Forschergruppen so nicht gegeben ist. Letztlich wird dieser wissenschaftliche Vorsprung die „deutsche Hochdruckforschung“ vorantreiben. Über die Forschungspartner können dann die Ergebnisse unmittelbar zur Unterstützung der deutschen Lebensmittelindustrie, sowie der angrenzenden Bereiche, genutzt werden. Der Nutzen wird deutlich über die Projektlaufzeit hinausgehen.

Es ist zudem zu erwarten, dass die Projektarbeiten weitere Forschungsvorhaben initiieren werden.

Es ist absehbar, dass nach Abschluss des Projekts Verpackungskonzepte, die für den Einsatz bei der HPP von Lebensmitteln optimiert wurden, bereitstehen. Basierend auf diesen Verpackungskonzepten können kundenspezifische Lösungen entwickelt werden, welche die HPP der entsprechenden Lebensmittel ermöglichen.

„Entwicklung eines Schnellnachweissystems auf Basis der real-time PCR zur quantitativen Allergenüberwachung in der gesamten Lebensmittelproduktionskette“

“Development of a PCR based rapid test for the quantitative allergen monitoring in the entire food production chain”

Laufzeit

01.09.2009 bis 31.12.2012

Projektkoordinator, Institution

Dr. Matthias Kuhn
CONGEN Biotechnologie GmbH, Berlin

Verbundpartner

Dr. Ulrich Busch
Bayerisches Landesamt für Gesundheit und Lebensmittelsicherheit,
Oberschleißheim

Hans-Ulrich Waiblinger
Chemisches und Veterinäruntersuchungsamt (CVUA), Freiburg

Kurzfassung

Ziel

Die am 27.11.2007 in Kraft getretene Richtlinie 2007/68/EG [1] stellt mit den in Anhang IIIa aufgeführten allergenen Zutaten den aktuellen Stand der EU-weiten Kennzeichnungspflicht dar. Demnach müssen die aufgeführten Lebensmittel im Zutatenverzeichnis genannt werden, auch wenn sie in kleinsten Mengen oder in veränderter Form vorkommen. Aufgrund fehlender Schwellenwerte geben Lebensmittelhersteller häufig aus Gründen der Produkthaftung an, dass in Produkten Spuren kennzeichnungspflichtiger Allergene enthalten sein können, wodurch die Wahlmöglichkeit von Allergikern stark eingeschränkt wird und deren Verunsicherung über die im Produkt enthaltenen allergenen Zutaten steigt.

Um die Einhaltung der Kennzeichnungspflicht überprüfen und die Situation von Allergikern verbessern zu können, werden entsprechende Methoden zum Nachweis und zum Quantifizieren aller kennzeichnungspflichtiger Allergene (mit Ausnahme von Milch, Ei, Sulfit und Laktose) benötigt.

Ziel des Verbundprojekts „Qualität“ ist die Entwicklung und Validierung eines PCR-basierten modularen Schnellnachweissystems zum Screening und zur quantitativen Bestimmung deklarationspflichtiger Allergene.

Realisierung

Grundlegende Methode für die Entwicklung des Screeningmoduls ist das am LGL für den Nachweis von allergenen Nüssen, Erdnuss und Sesam etablierte Verfahren, das auf der Ligationsabhängigen Amplifizierung von Hybridisierungs sonden (Ligation-dependent Probe Amplification, LPA) beruht [2]. Zu den Vorteilen der LPA-Technik zählen die hohe Flexibilität und der simultane Nachweis mehrerer Allergene in einer Reaktion. Für die Erweiterung der Methode um weitere kennzeichnungspflichtige Lebensmittelzutaten wurden zwei Lebensmittelgruppen gebildet, für die je ein Screeningsystem entwickelt wurde. Die Lebensmittelgruppe „Fleisch“ umfasst dabei die Allergene Soja, Pistazie, Sellerie, Senf, Lupine und glutenhaltige Getreide. Die Lebensmittelgruppe „Feinkost“ die Allergene Krebstiere, Fische und Weichtiere. Die Spezifität der neu entwickelten LPA-Multiplex PCR Screening Module wurde eingehend geprüft.

Um die neu entwickelte Screeningmethode für den Einsatz in der Routinediagnostik und der Lebensmittelindustrie attraktiv zu gestalten, wurden Versuche zur zeitlichen Verkürzung der Methode durchgeführt. Angestrebt wurde eine Analysedauer von „time to result“ in acht Stunden. Hierfür wurde die Sondenhybridisierungsdauer verkürzt und der Einfluss der Verkürzung auf die Spezifität und Sensitivität des Nachweissystems untersucht. Daneben wurde die Anwendung von alternativen, weniger zeitaufwändigen, Detektionsverfahren erprobt. Hochauflösende Gelelektrophoreseverfahren ermöglichen im Vergleich zur derzeit verwendeten Kapillarelektrophorese eine schnellere und kostengünstigere Detektion der Ligationsprodukte.

Das am LGL entwickelte Screeningsystem verringert den Aufwand einer sich anschließenden quantitativen Bestimmung, durch die vom Projektpartner CONGEN etablierten quantitativen Verfahren. Diese ermöglichen erstmals mit Hilfe eines Kalibrators bzw. einer Matrixreferenz eine genaue absolute Quantifizierung von Allergenen mit Hilfe der real-time PCR.

Für die Etablierung und Validierung der LPA- und der real-time PCR-Methode im Hinblick auf höchstmögliche Sensitivität und Eignung für unterschiedliche Lebensmittelmatrices werden die von dem dritten Projektpartner CVUA Freiburg hergestellten Vergleichsmaterialien verwendet. Diese enthalten in unterschiedlichen Lebensmittelmatrices (Brühwurst, Reiskeks und Sauce Hollandaise) alle Lebensmittelallergene in den relevanten, sehr niedrigen Konzentrationen. Sie wurden jeweils im Technikumsmaßstab hergestellt und i.d.R. mittels real-time PCR auf ihre Homogenität getestet.

Ergebnisse

Jede für das Screeningsystem entwickelte LPA-Sonde wurde einzeln und im Sondenmix auf Spezifität getestet. Durch den Nachweis der entsprechenden Allergene in den vom CVUA hergestellten Lebensmittelmatrices konnte gezeigt werden, dass sich beide ent-

wickelten Screeningmodule für die Anwendung in unterschiedlichsten Lebensmitteln eignen. Die Ergebnisse der Sensitivitätstests in den Lebensmittelmatrices stehen noch aus. Erste Zeitverkürzungsexperimente haben gezeigt, dass eine Senkung der Hybridisierungsdauer auf 1 Stunde ohne großen Einfluss auf Sensitivität und Spezifität möglich ist. Ebenfalls konnte ein Nachweis der Amplicons mittels hochauflösender Gelelektrophorese gezeigt werden.

Die im Technikumsmaßstab hergestellten Materialien wurden wie bereits beschrieben mittels real-time PCR auf ihre Homogenität getestet. Aufgrund ihrer hohen Sensitivität und guten Präzision waren die im Rahmen des Projektes durch die Fa CONGEN entwickelten Methoden am besten geeignet. Ein Ringversuche zur Quantifizierung von Soja und Senf in Brühwürsten wurden unter Verwendung dieser Materialien im Rahmen der Arbeitsgruppe „Allergene“ nach § 64 LFGB organisiert und erfolgreich abgeschlossen [3,4]. Um die Abhängigkeit der Quantifizierungsergebnisse von der Untersuchungsmatrix zu beleuchten wurde ein weiterer Ringversuch zur Quantifizierung von Sesam in Reiskeks, Weizenkeks und Sauce Hollandaise Pulver durchgeführt. Hierfür wurde die von der Firma CONGEN entwickelten real-time PCR Methode angewendet.

(Geplante) Verwertung

Bereitstellung des LPA-basierten Nachweissystems für die Routinediagnostik am LGL. Publikation der entwickelten Systeme in einer Fachzeitschrift. Das Nachweissystem steht den Projektpartnern und der Lebensmittelindustrie als Screeningmethode zur Verfügung.

Die hergestellten Vergleichsmaterialien werden oder wurden bereits für Ringversuche zur Standardisierung von Nachweis- und Quantifizierungsmethoden auf Grundlage der real-time PCR zur Verfügung gestellt [3, 4]. Weiterhin sollen die Materialien für Laborvergleichsuntersuchungen genutzt werden.

Die quantitativen real time PCR Verfahren werden von CONGEN innerhalb der bereits etablierten SureFood Produktpalette sowohl als Dienstleistung als auch als komplettes Analytik Kit (inkl. Probenaufbereitung) verkauft.

Literatur

[1] Richtlinie 2000/13/EG des Europäischen Parlaments und des Rates vom 20. März 2000 zur Angleichung der Rechtsvorschriften der Mitgliedstaaten über die Etikettierung und Aufmachung von Lebensmitteln sowie die Werbung hierfür

[2] EHLERT, A., DEMMEL, A., HUPFER, C., BUSCH, U., ENGEL, K.-H. (2009). Simultaneous detection of DNA from 10 food allergens by ligation-dependent probe amplification. Food Additives and Contaminants: Part A, 26, 409 - 418

[3] SIEGEL M., SCHNUR K., BOERNSSEN B., PIETSCH K., WAIBLINGER H.-U. (2012) First ring trial validation of real-time PCR methods for the quantification of allergenic food ingredients. European Food Research and Technology (in Druck)

„Entwicklung von innovativen Schnelltest- und Screeningverfahren zum Nachweis von Lebensmittelallergenen vor Ort in der Produktentwicklung und -kontrolle“

“Development of innovative Rapid- and Screeningtests for the detection of food allergens on-site in product development and control”

Laufzeit

01.09.2009 bis 31.08.2012

Projektkoordinator, Institution

Prof. Dr. Dr. Alfonso Lampen
Bundesinstitut für Risikobewertung, Berlin

Verbundpartner

Dr. Wolfgang Weber
ifp Privates Institut für Produktqualität GmbH, Berlin

Andreas-Michael Peter
Zentis GmbH & Co. KG, Aachen

Kurzfassung

Ziel

Ziel des Verbundprojektes ist die Entwicklung von Lateral Flow Assays („Dipstick“-Tests) sowie ein auf der Real-Time PCR (Polymerasekettenreaktion) basierendes Übersichtsverfahren zur schnelleren Detektion von potentiell allergenen pflanzlichen und tierischen Spezies in Lebensmitteln. Die Tests sollen sowohl in der Produktkontrolle vor Ort als auch für Kontrolllaboratorien von Nutzen sein. Die Praxistauglichkeit der Tests wird zum einen über die Zusammenarbeit mit dem Verbundpartner Zentis GmbH (Aachen) an Werksproben und Waschwässern unter Beweis gestellt. Zum Anderen soll das am BfR entwickelte „Ready-to-Use“ PCR-Mikrotiterplattenverfahren in einem Ringversuch mit externen Laboren unter Verwendung anonymisierter Proben validiert werden.

Realisierung

Das dreijährige gemeinsame Entwicklungsprogramm der Verbundpartner umfasste die folgenden Schritte:

- Beschaffung und Herstellung von Referenzmaterialien.

- Auswahl und Entwicklung geeigneter Primer- und SONDENSYSTEME bzw. Antikörper für unterschiedliche Produktkategorien und allergene Spezies (Süß- und Backwaren; Fleischwaren; Krebstiere; Fische und Mollusken).
- In-house Validierung der Methoden.
- Überprüfung der Praxistauglichkeit anhand von Handelsproben sowie Prozessproben und Modellkochungen des Verbundpartners Zentis GmbH.
- Prozessoptimierung in der Produktherstellung (Zentis GmbH).
- Validierung des „Ready-to-Use“ Mikrotiterplattensystems im Ringversuch (Herbst/Winter 2012) in Kooperation mit dem Verbundpartner ifp.
- Dokumentation der Ergebnisse und Methodenbereitstellung (Assay-Vermarktung (ifp), Publikationen und Verbraucherbroschüre, im Ringversuch validierte Methode).

Ergebnisse

Das Grundprinzip des am Bundesinstitut für Risikobewertung (BfR) entwickelten Real-Time PCR Testes basiert auf vorkonfektionierten und über viele Monate hinweg haltbaren PCR-Mikrotiterplatten, auf welchen die einzelnen, zum spezifischen Nachweis einer Tier- oder Pflanzenart notwendigen Primer und Sonden eines PCR-Systems pipettiert werden. Voraussetzung für den erfolgreichen Einsatz der „Ready-to-Use“ Mikrotiterplatte ist die Stabilität auch bei längerer Lagerung, um größere Stückzahlen herstellen zu können. Die Haltbarkeit der PCR-Platten wurde durch den Einsatz verschiedener biologischer Schutzsubstanzen erreicht, welche zugleich mit den Oligonukleotiden (Primer und Sonden, ggf. Referenz-DNA oder Plasmide) in die Kavitäten der Mikrotiterplatte pipettiert werden. Unter Verwendung von beispielsweise Trehalose in einer Konzentration von 0.07 % (w/v), konnte eine Stabilität der PCR-Systeme - inklusive der empfindlichen fluoreszierenden Sonden - über drei Monate hinweg bei 50 °C erreicht werden (ZAGON ET AL., 2012). Dies käme extrapoliert einer Lagerung von einem Jahr bei Raumtemperatur gleich.

Hinsichtlich der verwendeten PCR-Systeme wurde im Rahmen des Projektes nicht nur auf publizierte Systeme zurückgegriffen, sondern im Falle der Gruppe der Fische, Weichtiere (Mollusken) und Krebstiere auch eigene PCR-Methoden entwickelt und validiert, da für diese Speziesgruppen oder für bestimmte wichtige Species die Verfügbarkeit geeigneter PCR-Nachweissysteme noch unbefriedigend ist.

Die Praxistauglichkeit des „Ready-to-Use“ PCR-Plattensystems wurde exemplarisch am Beispiel eines Süß- und Backwarenassays gezeigt. Ein qualitativer Ringversuch mit externen Laboren nach internationalen Vorgaben wird im Herbst 2012 gestartet.

Für die Entwicklung und Testung immunologischer Dipstick-Tests bzw. LFA (Lateral Flow Assays) konnten - mit Ausnahme von Sellerie - hochsensitive Antikörper gegen

alle relevanten pflanzlichen Allergene generiert werden. Die Nachweisempfindlichkeiten wurden dabei im Spurenbereich von 2-5 mg/kg ermittelt. Die Immunisierung zur Herstellung von Antiseren in Schaf oder Kaninchen gegen Krustentiere, Weichtiere und Fisch sind noch in der Entwicklung, hingegen für Milchproteine abgeschlossen und erfolgreich.

Zum Schnelldachweis von PCR-Produkten vor Ort wurde ein neuartiges Testformat entwickelt. Dieses kombiniert die hohe Empfindlichkeit und einfache Handhabung eines LFA mit dem Nachweis des PCR-Produktes. Die Entwicklung eines derartigen Systems wurde exemplarisch an dem schwierigen Immunogen Soja durchgeführt.

Mit den neu entwickelten Dipstick-Tests wurden > 2000 Praxisproben analysiert. U.a. wurden Waschwässer, Modellkochungen (mit Gluten und Erdnuss) sowie Produkte des Partners Zentis GmbH untersucht und somit die Praxistauglichkeit bestätigt.

(Geplante) Verwertung

Die am ifp entwickelten Dipstick Tests werden kommerziell unter der Bezeichnung AgraStrip® weltweit vermarktet.

Hinsichtlich des „Ready-to-Use“ Plattensystems wird der Ringversuch im Herbst/Winter 2012 zeigen, ob das Verfahren auch im Interlaborvergleich reproduzierbare und vergleichbare Ergebnisse liefert. In diesem Fall ist die Möglichkeit gegeben, das Verfahren in eine offizielle Standardmethode zu konvertieren. Schlussendlich soll auch überprüft werden, ob bestimmte Anwendungen der Methodik als patentfähig eingestuft werden können.

Die Projektergebnisse werden in Form von Fachpublikationen und einer Verbraucherschüre weiten Kreisen zugänglich gemacht.

Literatur

ZAGON, J.; KURTH, S.; EHLERS, A.; LINKE, B.; LAMPEN, A. AND BROLL, H. (2012): Preservation of primer and probes on “ready-to-use” 96-well microtiter plates: A step forward towards enhancing throughput and harmonization of real-timePCR applications in food and feed control, Food Control, 25: 709-716

„Entwicklung neuartiger Backmittel auf der Basis von *Gluconobacter*-Fermentationen“**“Development of novel baking aids based on *Gluconobacter* fermentations”****Laufzeit**

01.05.2010 bis 30.04.2013

Projektkoordinator, Institution

Prof. Dr. Rudi F. Vogel

Lehrstuhl für Technische Mikrobiologie, Technische Universität München

Verbundpartner

Dr. Markus Brandt

Ernst Böcker GmbH & Co. KG, Minden

Kurzfassung**Ziel**

Im Rahmen des Forschungsvorhabens soll die Voraussetzung für eine neue Generation von Backmitteln zur Herstellung sicherer, qualitativ hochwertiger Lebensmittel erarbeitet werden. Diese basieren auf Fermentationen mit Exopolysaccharid (EPS)-produzierenden Stämmen der Gattung *Gluconobacter*, die in Lebensmitteln eine sichere Tradition haben aber bisher im Backgewerbe keine Anwendung finden.

Realisierung

Zur Realisierung des Projektes sollen nacheinander folgende Teilziele erreicht werden: die Charakterisierung EPS-produzierender Stämme von *Gluconobacter*, die Charakterisierung der gebildeten EPS hinsichtlich der Struktur sowie der biochemischen und präbiotischen Eigenschaften, der Einsatz der selektierten *Gluconobacter* Stämme in Fermentationen zur EPS-Produktion, die Optimierung der Fermentationsbedingungen hinsichtlich der EPS-Ausbeute sowie die anschließende Prozessierung zum Backmittel durch Konditionierungs-, Fraktionierungs- und Trocknungsverfahren.

Ergebnisse

Es wurden insgesamt 20 Essigsäurebakterienstämme auf EPS-Bildung untersucht und die effektivsten EPS-Produzenten ausgewählt: *Gluconobacter frateurii* TMW 2.767 und *Gluconobacter albidus* TMW 2.1191 (Isolate aus Wasserkefir), *Gluconobacter cerinus* DSM 9533T, *Neosassa chiangmaiensis* NBRC 101099 und *Kozakia baliensis* DSM 14000.

Die EPS der selektierten Stämme wurden aus einem Saccharose-haltigen Flüssigmedium isoliert und chemisch analysiert. Mittels diverser NMR-Techniken (in Kooperation mit Chemikern des Lehrstuhls für Makromolekulare Chemie II der Universität Bayreuth) konnte eindeutig gezeigt werden, dass alle selektierten Stämme β -2,6-verknüpfte, unverzweigte Fructosepolymere (Levane) aus Saccharose produzieren.

Die gebildeten Polymerfraktionen wurden zudem mittels asymmetrischer Fluss-Feld-Fluss-Fraktionierung (AF4) in Kooperation mit dem Lehrstuhl für Brauerei- und Getränketechnologie der Technischen Universität München hinsichtlich ihrer Molekulargewichts- und Partikelgrößenverteilungen untersucht. Dabei zeigte sich, dass die durch *Gluconobacter*-Arten gebildeten Polymere hauptsächlich Fraktionen mit einem Molekulargewicht (M_w) von ca. 107 Da aufwiesen. Die Levane aus *N. chiangmaiensis* und *K. baliensis* wiesen größere gewichtsgemittelte Molekulargewichte von jeweils ca. 108 und 109 Da auf.

In Backversuchen mit isolierten EPS aus den Stämmen *G. frateurii*, *G. cerinus*, *N. chiangmaiensis* und *K. baliensis* zeigte sich, dass diese das Volumen von Weizenbrot in zwei zugesetzten Dosen (1 und 2% w/w Mehl) signifikant erhöhen. Zudem konnte durch Lagerungsversuche mit begleitenden Texturanalysen (Krumenhärte) nachgewiesen werden, dass die isolierten EPS das Altbackenwerden von Weizenbrot effektiv verzögern. Die positiven Einflüsse der isolierten EPS aus *N. chiangmaiensis* und *K. baliensis* waren hierbei am größten.

Mit *G. frateurii* und *G. albidus* wurden anschließend Sauerteigfermentationen durchgeführt. Hierfür wurden aus verschiedenen Mehlen und Wasser Sauerteige mit einer Teigausbeute von 500 hergestellt, teilweise mit verschiedenen Saccharosekonzentrationen angereichert und anschließend mit *Gluconobacter* beimpft.

Beide Stämme konnten sich in Weizen-, Roggen-, Hirse- und Dinkelteigen durchsetzen, wobei in Saccharose-freien Teigen keine EPS-Produktion nachgewiesen wurde. In Saccharose-haltigen Teigen mit *G. frateurii* und *G. albidus* konnte die EPS-Bildung optimiert werden.

(Geplante) Verwertung

Die Ergebnisse des Forschungsvorhabens werden in internationalen, referierten Fachzeitschriften und anwendungsorientierten Journalen veröffentlicht sowie auf einschlägigen Veranstaltungen (z.B. Gesellschaft Deutscher Lebensmitteltechnologien und der Lebensmittelchemischen Gesellschaft) dargestellt und erreichen in diesem direkten Technologietransfer unmittelbar die Anwender solcher neuer Entwicklungen.

Auf der Basis der Ergebnisse können unmittelbar nach Projektende Backmittelentwicklungen erfolgen, die eine Umsetzung im Markt ermöglichen. Die notwendigen technologischen Möglichkeiten sind bei Unternehmen der Backmittelindustrie vorhanden und bedürfen voraussichtlich lediglich einer Anpassung an neue Verfahrensparameter und Nutzung neuer Stämme. Da deswegen keine besonderen oder aufwändigen appar-

tiven Investitionen für eine Umsetzung im Backgewerbe erforderlich sind, ist mit einer raschen Amortisierung des Aufwandes für die industrielle Umsetzung zu rechnen.

Die wirtschaftlichen Erfolgsaussichten bei Markteinführung eines entsprechenden Backmittels sind sehr hoch, weil es dem Bedürfnis des Bäckereigewerbes und den Verbraucherwünschen nach qualitativ hochwertigen Backwaren gleichermaßen entgegenkommt.

„Frischeterminal-System für Obst und Gemüse – ein Werkzeug für Konsumentenscheidungen“

“Freshness terminal for fruit and vegetables – a tool for consumer decisions“

Laufzeit

01.12.2011 bis 31.05.2014

Projektkoordinator, Institution

Dipl.-Ing. Manfred Linke
Leibniz-Institut für Agrartechnik Bornim e.V., Potsdam

Verbundpartner

Prof. Holger Quaas
Esys GmbH, Berlin

Kurzfassung

Ziel

Das Projekt beinhaltet die Entwicklung eines innovativen Informationssystems, das den Verbraucher über die Herkunft und den aktuellen Zustand von Obst und Gemüse zum Zeitpunkt der Kaufentscheidung informiert. Am Verkaufsort werden die produktrelevanten Informationen zur Herkunft und zum aktuellen Frischezustand bereitgestellt. Das Informationssystem basiert auf einem vorhandenem, im Rahmen eines vorhergehenden Forschungsprojektes (BMBF) entwickelten modularen intelligenten Systems zur Qualitätskontrolle in der Nachernte von gartenbaulichen Frischprodukten. Das Projektziel ist es, auf der Grundlage dieser und weiterer zu erarbeitender Informationen ein Frischeterminal zu entwickeln, welches dem Kunden sowohl Informationen zum aktuellen Zustand des Produktes bereitstellt, aber auch Angaben zum optimalen Produkthandling nach dem Kauf anbietet.

Realisierung

Die vorgesehenen Forschungsarbeiten umfassen alle mit der Einführung der neuen Technologie erforderlichen Aspekte. Es werden sowohl die Hardwareentwicklung und die hardwarenahe Programmierung (Terminal) als auch die Softwareerstellung (Kommunikation und Datenbanklösung) realisiert. Die Auswahl der technischen Komponenten, Kommunikationswege und Softwareinhalte erfolgen nach eigenen Untersuchungen zur Verbraucherakzeptanz. Zudem werden die grundlegenden Zusammenhänge im Hinblick auf das Nachernteverhalten von Obst- und Gemüsearten (Verderbkinetiken, Haltbarkeitsvorhersagemodelle) erarbeitet. Für auszuwählende Produktarten sind Qualitätsveränderungen in Abhängigkeit von thermischen Belastungen (in Form von Temperatursummen) im Rahmen von Nacherntesimulationen unter Laborbedingungen zu erfassen sowie Grenzen für die Vermarktungsfähigkeit und Verderbgrenzen zu definieren. Die entsprechenden Ergebnisse bilden die Grundlage für Vorhersagemodelle, die basierend auf den gemessenen Temperatursummen zu jeder Zeit Aussagen zum Grad des Abbaus von Inhaltsstoffen und zur Resthaltbarkeit ermöglichen. Dazu sind Nacherntesimulationen für jede ausgewählte Produktart unter definierten Umgebungsbedingungen über den Zeitraum von einigen Tagen/Wochen erforderlich. Während dieser Zeit werden Produktveränderungen in Abhängigkeit vom Zustand zum Erntezeitpunkt und von der Nacherntebelastung im Abstand von einigen Tagen gemessen. Die zeitliche Veränderung von einzelnen wichtigen Produkteigenschaften wird zu der thermischen Belastung in Beziehung gesetzt.

Ergebnisse

Die Arbeiten sind erfolgreich angelaufen. Die konzeptionellen Arbeiten und die Untersuchungen zur Verbraucherakzeptanz sind weitgehend abgeschlossen. Veröffentlichungsrelevante Ergebnisse liegen zum jetzigen Zeitpunkt der Projektbearbeitung noch nicht vor.

(Geplante) Verwertung

Mit Abschluss des Projekts soll ein funktionstüchtiges, in einer realen Nacherntekette erprobtes System vorliegen, das vom Projektpartner vermarktet werden kann. Die wissenschaftlichen Ergebnisse der Arbeit werden, dem Auftrag der Leibniz-Gemeinschaft entsprechend, in wissenschaftlichen Publikationen veröffentlicht und auf Fachtagungen vorgestellt.

Sektion 3: Tierzucht

„Entwicklung eines schnellen und sensitiven Diagnostikums zur frühzeitigen und sicheren Feststellung der Trächtigkeit beim Rind anhand des Nachweises von „pregnancy-associated glycoprotein“ (PAG).“

“Development of a sensitive quicktest for an early and reliable detection of pregnancy by measuring pregnancy-associated glycoprotein (PAG) in the bovine.”

Laufzeit

01.07.2009 bis 31.12.2012

Projektkoordinator, Institution

Dr. Morten Friedrich und Prof. Dr. Dr. Matthias Gauly
Department für Nutztierwissenschaften, Georg-August Universität
Göttingen

Verbundpartner

Dr. Jens Baltissen
Hessischer Verband für Leistungs- und Qualitätsprüfungen in der Tierzucht
(HVL e.V., Alsfeld)

Kristine Knipper, Stephan Sander, Dr. Jörn Voss
Fassisi GmbH, Göttingen

Kurzfassung**Ziel**

Die Entwicklung eines Schnelltest auf der Basis von hochspezifischen Peptid-Antikörpern gegen bovines „pregnancy-associated glycoprotein“ (PAG) ist Ziel des gemeinsamen Verbundprojekts der Georg-August Universität Göttingen, dem Hessischen Verband für Leistungs- und Qualitätsprüfungen in der Tierzucht (HVL e.V.) und der Fassisi GmbH. Der Schnelltest soll den Nachweis der Trächtigkeit anhand einer Blut- oder Milchproben innerhalb weniger Minuten ermöglichen.

Realisierung

PAG wird während der Trächtigkeit von den äußeren Schichten der Fruchthülle, dem Trophoblast gebildet und nach der Verschmelzung von fetalen und maternalen Zellen der Plazenta in den Blutkreislauf der Mutter abgegeben. PAG kann ab dem 25. Tag der Trächtigkeit im Blut nachgewiesen werden (siehe Abb. 1). Die Nachteile des bislang ausschließlich verfügbaren Labortests sind zum einen die Dauer von 2 Tagen und die geringe Spezifität für den Nachweis in der Milch, der nicht vor dem 150. Tag möglich ist.

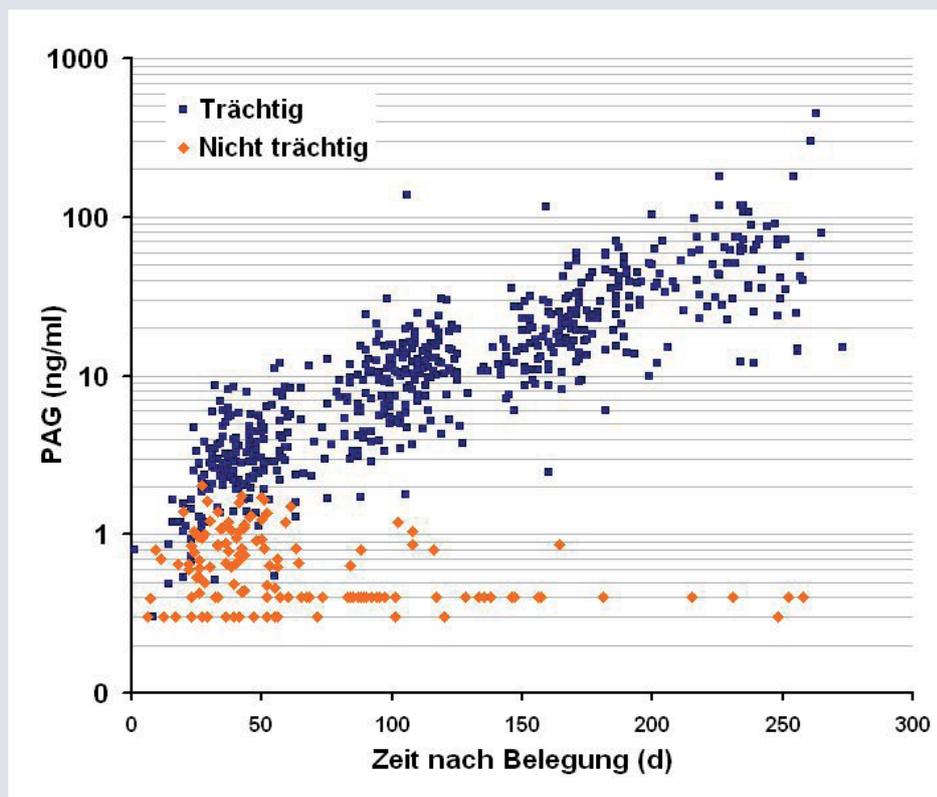


Abbildung 1: Schematischer Verlauf der PAG-Konzentration im Blutserum trächtiger (■) und nicht trächtiger (◆) Kühe in Abhängigkeit vom Besamungszeitpunkt

Der Nachweis der PAG erfolgt durch einen „Lateral Flow Stick“, ähnlich einem humanen Schwangerschaftstest. Der Stick (Abb. 2) basiert auf einer flüssigkeitsabsorbierenden Membran, auf welche zwei Linien mit Antikörpern, eine Test- und eine Kontrolllinie, gesprüht werden.

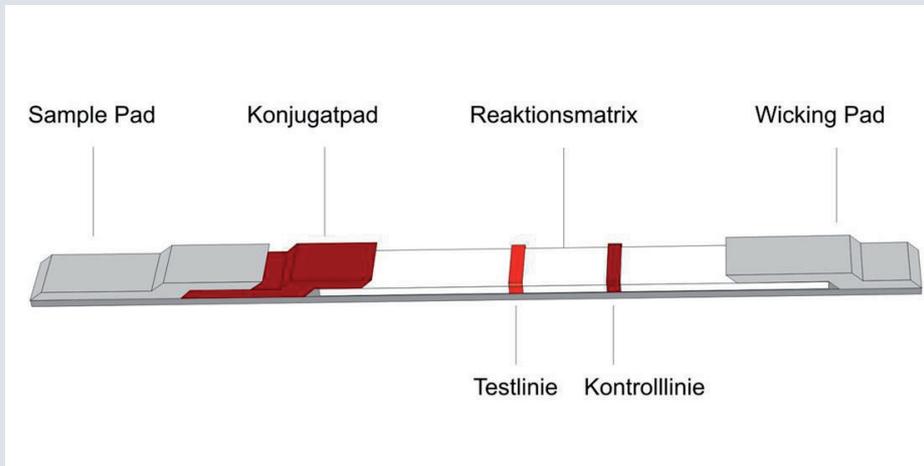


Abbildung 2: Schematische Darstellung eines „Lateral Flow Stick“ Schnelltests

Nach Zugabe der Probe laufen die im Konjugatpad enthaltenen markierten PAG-Antikörper gemeinsam mit den PAG der Probe über die Antikörperlinien. In der Probe enthaltene PAG koppeln an die markierten Antikörper und diese an die Test-Linie. Bei PAG-positiven Proben sind innerhalb kürzester Zeit sowohl die Testlinie als auch die Kontrolllinie sichtbar.

Ergebnisse

Das Verbundprojekt lässt sich in vier Phasen einteilen, Laborentwicklung, Schnelltestentwicklung, Validierung und statistische Auswertung.

In der ersten Phase wurden zunächst Peptid-Antikörper gegen ausgewählte PAG generiert und zudem ein polyklonales Antiserum gegen bovines PAG aus immunisierten Kaninchen gewonnen. Die hierfür erforderlichen Mengen an Antigenen wurden aus plazentalem Gewebe extrahiert und mittels Anionen-/Kationen-Austauschchromatographie gereinigt. Massenspektrometrische Untersuchungen bestätigten die Aufreinigung eines bovines PAG-1. Für die Entwicklung und Validierung der neuen Tests sind neben geeigneten Antikörpern und positiven und negativen Kontrollproben zudem Blut- und Milchproben aus dem gesamten Verlauf der Trächtigkeit erforderlich. Diese wurden auf ausgewählten Betrieben im Rahmen der Milchkontrolluntersuchungen durch den HVL gesammelt. Jeder verfügbare Antikörper wurde hinsichtlich Sensitivität und Spezifität geprüft. Die Nachweisgenauigkeit wird anhand der verfügbaren Blut- und Milchproben ermittelt, um sicher zu stellen, dass der Nachweis im gesamten Verlauf der Trächtigkeit möglich ist. Der Antikörper mit den besten Nachweiseigenschaften wurde anschließend auf seine Verwendungseignung im Schnelltest geprüft. Derzeit werden Testreihen der verschiedenen Antikörper im Schnelltest geprüft.

Im Anschluss daran soll eine erste Testversion des Schnelltest auf Praxisbetrieben eingesetzt werden. Dies ist erforderlich, um sicher zu stellen, dass die Nachweisgenauigkeit nicht nur unter Labor-, sondern auch unter Praxisbedingungen gegeben ist. Die Ergebnisse des Schnelltests werden mit den Ergebnissen einer weiteren Untersuchung der

Trächtigkeit verglichen und die Genauigkeit und Sicherheit des Schnelltests ermittelt. Abhängig von den Ergebnissen werden Empfehlungen erstellt, ab welchem Tag nach der Besamung der Schnelltest mit welcher Sicherheit durch den Landwirt eingesetzt werden kann.

(Geplante) Verwertung

Eine einfache, frühzeitige und verlässliche Feststellung der Trächtigkeit ist für eine wirtschaftliche Produktion der Milchviehbetriebe von zentraler Bedeutung, doch in solcher Form bislang nicht verfügbar. Der Nachweis eines trächtigkeitsspezifischen Glykoproteins (PAG) gestattet eine sichere Feststellung der Trächtigkeit ab dem 30. Tag anhand einer Blut- oder zu einem späteren Zeitpunkt anhand einer Milchprobe. Dieser Nachweis ist bislang nur im Labor unter Verwendung eines enzymimmunologischen Nachweisverfahrens (ELISA) möglich und erfordert die Entnahme und Einsendung einer Blutprobe. Der Schnelltest soll eine verlässliche Trächtigkeitsuntersuchung durch den Tierhalter gestatten, um nicht trächtige Tiere frühzeitig zu identifizieren. Der Test muss daher schnell und sicher durchführbar sein und ein eindeutig ablesbares Ergebnis liefern. Frühzeitige Diagnosen führen zu einer Verkürzung des Zwischenkalbeintervalls und stellen damit ein nicht unerhebliches wirtschaftliches Potential dar, welches von den bislang eingesetzten Trächtigkeitsuntersuchungen nicht ausgeschöpft wird. Herstellung und Vertrieb des Schnelltests werden durch die Fassisi GmbH, die umfassende Erfahrungen in diesem Bereich haben, geleistet.

**„Neue Wege der züchterischen Verbesserung der Gesundheit der Milchkuh
rund um die Abkalbung“**

**“BREED for HEALTH NEO-PARTUS – New approaches for genetic improve-
ment of health traits of dairy cow with a focus on the neo-partus period”**

Laufzeit

01.11.2009 bis 31.10.2012

Projektkoordinator, Institution

Dr. Renate Schafberg
Institut für Agrar- und Ernährungswissenschaft; Martin-Luther-Universität
Halle-Wittenberg (MLU); Halle (Saale)

Verbundpartner

Dr. Friedrich Reinhardt
Vereinigte Informationssysteme Tierhaltung w. V. (vit), GB Biometrie & ZWS,
Verden

Dr. Lothar Döring
Landeskontrollverband Sachsen-Anhalt e. V (LKV), Halle (Saale)

Astrid Ziem
Rinderzuchtverband Sachsen-Anhalt (RSA), Stendal

Dr. Sonja Kleinhans
Thüringer Verband für Leistungs- und Qualitätsprüfung in der Tierzucht e.
V. (TVL), Erfurt

Ronald Bialek
Landesverband Thüringer Rinderzüchter (LTR), Zucht- und Absatzgenossen-
schaft e G, Erfurt

Kurzfassung

Ziel

In der Zucht von Milchrindern ist mittlerweile eine beachtliche Leistungshöhe erreicht worden. Dabei rückt die Verbesserung der Gesundheit immer weiter in den Vordergrund, da neben dem Tierschutz auch die Produktqualität (Milch, Fleisch) verbessert werden kann und der betriebswirtschaftliche Erfolg des landwirtschaftlichen Betriebes direkt

vom Gesundheitsstatus der Herde abhängt. Moderne Zuchtprogramme und deren Leistungsprüfungen sollten diese Umstände reflektieren.

Das vorliegende Projekt beinhaltet die innovative Auf- und Verarbeitung existierender Daten und sucht aussichtsreiche Verfahren für eine erweiterte Leistungsprüfung. Inhaltlich findet eine Fokussierung auf die Periode der größten gesundheitlichen Problematik im Leben bzw. während der Laktation der Milchkuh statt: Der Zeit rund um die Kalbung (Neo-Partus).

Realisierung

Für die Erforschung neuer, innovativer Merkmale auf ihre Anwendbarkeit in einer veränderten Leistungsprüfung konnten sieben Milchviehbetriebe (vier in Sachsen-Anhalt und drei in Thüringen) gewonnen werden, die fachlich von den entsprechenden Zuchtverbänden (RSA/LTR) betreut und in der Merkmalerfassung angeleitet wurden.

Als umfangreichster Themenkomplex werden die Möglichkeiten zur Nutzung der betrieblichen Gesundheitsdatenerfassung für eine neuartige Zuchtwertschätzung erforscht. Die ausgewählten Test-Herden nutzen ihre Management-Software auch für die tierspezifische Dokumentation aller tierärztlichen oder medikamentösen Behandlung, so dass diese als Gesundheitsdaten digital vorliegen. Nachdem ein Datentransfer aus der Software der Betriebe heraus und hin zur Verarbeitung und Speicherung ins Vit technisch eingerichtet war, mussten konkrete Kriterien zur Erfassung erarbeitet und durch betriebliche Betreuung umgesetzt werden, um eine möglichst standardisierte Datenbasis zu realisieren. Mittlerweile findet ein kontinuierlicher Datenfluss aus der Praxis ins Rechenzentrum des Vit statt, so dass neben umfangreichen Plausibilisierungsprüfungen und weiteren Datenverarbeitungsschritten nun auch die wissenschaftliche Auswertung in den Vordergrund rückt.

Daneben werden weitere Themenkomplexe als neue, die Leistungsprüfung ebenfalls ergänzende, Merkmale auf ihre Anwendbarkeit erforscht:

1. der Gehalt somatischer Zellen in der Milch von Frischabkalbern (bis Tag 20) (8.285 geburtsnahe Zellzahlproben von HF-Kühen),
2. die verbesserte Dokumentation der Kalbung (14.893 HF-Kalbungen)
3. sowie die Körperkonditionsbeurteilung von Jungkühen vor der ersten Kalbung oder der Kühe zum Trockenstellen (8.199 BCS-Einstufungen maximal 100 Tage ante partum)

Vom Beginn des Projektes bis zum Ende der Merkmalerfassung on-Farm im März 2012 wurden knapp 15.000 Kalbungen von rund 10.000 Tieren der Rasse Deutsche Holsteins gemeldet, an denen in unterschiedlicher Frequenz die zusätzlichen Merkmale erfasst und dokumentiert wurden.

Ergebnisse

Sämtliche Merkmalskomplexe wurden parallel zur Merkmalerfassung biometrisch ausgewertet und mit den Projektpartnern diskutiert. So konnte die Datenqualität kontinuierlich verbessert werden.

Im Rahmen der Gesundheitsdatenerfassung wurden spezifische Betriebsreports entwickelt (Vit), die als Rückkopplung die zusammengefassten Daten im betrieblichen Vergleich darstellen. Diese Reporte gehen vierteljährlich und als Jahresabschluss den einzelnen Betrieben zu. Sie beinhalten vertikale und horizontale Analyse, die als inner- und überbetriebliche Statistiken beispielsweise einen zeitlichen Verlauf von Diagnosen darstellen oder Aktionslisten für gezielte Prophylaxe-Maßnahmen enthalten können.

Die Krankheitsdiagnosen aller Tiere, die in den angeleiteten Praxisbetrieben standardisiert erfasst, routinemäßig übermittelt und plausibilisiert werden, bilden zugleich die Grundlage für den Prototyp einer Zuchtwertschätzung für Gesundheitsmerkmale im Vit. Dabei stehen die Erkrankungen des Euters, der Klauen und Gliedmaßen sowie Reproduktionsstörungen im Vordergrund. Obwohl sich aufgrund des begrenzten Datenvolumens erst für wenige Bullen sicherere Gesundheitszuchtwerte schätzen lassen, belegen die erzielten Ergebnisse (Heritabilitäten überwiegend 0,04-012), dass diese Praxis-Daten generell geeignet sind, um züchterische Maßnahmen abzuleiten. Die Zuchtwertschätzung für Gesundheitsmerkmale scheint mit guter Differenzierung möglich, wenn die Datenbasis entsprechend standardisiert erweitert wird.

Bezüglich der zusätzlich erhobenen, innovativen Merkmale (BCS-Einstufung vor der Kalbung, dem Kalbeverlauf und der Zellzahl in der Früh-laktation) laufen derzeit umfangreiche genetisch-statistische Analysen (MLU). Sämtliche Merkmale zeigen die erwarteten Heritabilitäten und erscheinen sowohl als Managementtool als auch für eine erweiterte Zuchtwertschätzung Erfolgversprechend. Im Rahmen der Auswertung werden auch genetische Korrelationen der Merkmale zu den Leistungsparametern oder den Gesundheitsdaten erforscht. Dabei stellt sich die Zellzahl in der Früh-laktation (Heritabilität um 0,10) als geeignetes neues Merkmal und als relativ unabhängiges Merkmal zur Routine-Zellzahlmessung der ersten Testtage innerhalb der Milchleistungsprüfung dar (genetische Korrelationen < 0,75). Sie kann darüber hinaus dem Management als Indikator für eine drohende Mastitis bzw. ein hohes Abgangsrisiko dienen.

(Geplante) Verwertung

Die wirtschaftlichen Erfolgsaussichten für eine ergänzende Zuchtwertschätzung sind bei geringem Risiko gut, da die Zuchtpraxis eine kontinuierliche Verbesserung der Zuchtwertschätzverfahren fordert.

Neben dem direkten ökonomischen Nutzen für die Zuchtorganisationen und Milchviehhalter ist auch die erhöhte gesellschaftliche Akzeptanz für die dadurch mögliche Anpassung des Zuchtziels hervorzuheben. Das Hauptaugenmerk auf der züchterischen Verbesserung von funktionalen Merkmalen unter Berücksichtigung von Gesundheitsdaten verbindet in idealer Weise die wirtschaftliche Notwendigkeit einer effizienten Produktion mit dem zunehmenden Anspruch kritischer Verbraucher an die ethischen Aspekte heutiger Tierhaltung.

„Erfassung und züchterische Bewertung von Krankheitsdiagnosen in Milchviehbetrieben zur Selektion auf Gesundheit und Langlebigkeit“

“Recording of health data on dairy farms as a basis for genetic evaluation and selection for health and longevity”

Laufzeit

01.10.2009 bis 31.10.2012

Projektkoordinator, Institution

Friedrich Reinhardt

Vereinigte Informationssysteme Tierhaltung w.V. (vit), GB Biometrie & ZWS, Verden

Verbundpartner

Vereinigte Informationssysteme Tierhaltung w.V. (vit), Verden

Tierärztliche Hochschule Hannover (TiHo), Arbeitsbereich Bestandstiermedizin / Klinik für Rinder, Hannover;

Landeskontrollverband Weser-Ems e.V. (LKV-WE), Leer

Osnabrücker Herdbuch e.G. (OHG), Melle

Kurzfassung

Ziel

Funktionale Merkmale haben in der modernen Milchviehhaltung einen hohen Stellenwert. Niedrige Produktionskosten durch eine gute Futtermittelverwertung, niedrige Tierarztkosten durch krankheitsresistente Tiere und geringe Remontierungskosten durch langlebige Kühe sind wichtige Faktoren für eine wirtschaftliche Milchproduktion. Und auch dem Verbraucher ist die Gesundheit der landwirtschaftlichen Nutztiere wichtig. Über eine systematische Erfassung von Gesundheitsdaten können Bereiche identifiziert werden, in denen sich mit gezielten Managementmaßnahmen kurz- bis mittelfristig auf Betriebsebene Verbesserungen erzielen lassen. Genetische Faktoren, die das Auftreten von Krankheiten beeinflussen, machen es möglich, den Tiergesundheitsstatus langfristig und nachhaltig auf Tierebene durch züchterische Maßnahmen zu verbessern.

Ziel des Projektes GKuh (Gesunde Kuh) war es, ein Gesundheitsmonitoring in niedersächsischen Milchviehbetrieben aufzubauen und so die Grundlagen für eine züchterische Verbesserung der Tiergesundheit zu schaffen.

Realisierung

Gesundheitsdaten wurden im Rahmen des Projektes GKuh auf Milchviehbetrieben der OHG für alle weiblichen Tiere, d.h. Kuhkälber, Färsen und aktive Kühe, erfasst. Die Dokumentation der Krankheitsdiagnosen erfolgt in standardisierter Form, wobei die fachliche Unterstützung und Betreuung der Betriebe durch den Projektpartner TiHo gewährleistet ist. Aus den zum Einsatz kommenden Herdenmanagement-Programmen (überwiegend NETRIND) werden die Diagnosedaten regelmäßig an den Projektpartner vit übermittelt, der für die Speicherung, Prüfung und Auswertung der Daten verantwortlich ist. In die Analysen der Gesundheitsdaten gehen die Basis- und Leistungsdaten der Tiere mit Diagnosen sowie ihrer im gleichen Zeitraum auf den Betrieben stehenden, gesunden Herdengenossen ein.

Ergebnisse der zentralen Analysen im vit werden den teilnehmenden Betrieben regelmäßig in Form von Quartalsberichten und ergänzenden Jahresabschlussberichten übermittelt. Aufbauend auf genetischen Analysen (Varianzkomponentenschätzung) wurde der Praeprototyp einer Zuchtwertschätzung für Gesundheitsmerkmale entwickelt, welche die bedeutendsten Erkrankungen der Milchkuh umfasst.

Ergebnisse

Seit dem 1. Januar 2010 werden Gesundheitsdaten durchgängig aus 49 Milchviehbetrieben an da vit übermittelt, deren mittlere Betriebsgröße in den Jahren 2010 und 2011 bei knapp 100 Kühen lag. Bis zum Ende des zweiten Quartals 2012 waren damit insgesamt über 16.000 weibliche Tiere in das Gesundheitsmonitoring einbezogen, darunter rund 9.300 Kühe mit 12.100 Kalbungen im Auswertungszeitraum (01.01.2010-30.06.2012). Diagnosemeldungen gingen zu insgesamt rund 20.000 Erkrankungsgeschehen ein, wobei sich als Schwerpunkte Euterentzündungen, Klauenprobleme und Fruchtbarkeitsstörungen bestätigten, während Stoffwechselprobleme quantitativ eine geringere Bedeutung hatten. Hinsichtlich des Zeitpunktes der Diagnosestellung ergab sich für die meisten Erkrankungen eine Häufung in der frühen Phase der Laktation, was die vermehrte Belastung des Organismus in diesem Zeitraum widerspiegelt. Die in GKuh ermittelte Verteilung der Diagnosen deckt sich mit Angaben aus der Literatur zu anderen Milchviehpopulationen.

Bereits in einer frühen Projektphase wurde damit begonnen, den Betrieben regelmäßig die Ergebnisse deskriptiver Analysen der Diagnosedaten zu übermitteln. Die Gesundheitsberichte enthalten neben Angaben zum zeitlichen Verlauf der Diagnosemeldungen innerhalb des eigenen Betriebes (vertikale Statistiken) auch überbetriebliche Vergleichszahlen (horizontale Statistiken), die eine Hilfestellung für die Optimierung des Managements bieten. Bei der Interpretation der Berichte erfahren die Landwirte fachliche Unterstützung durch den Projektpartner TiHo. Gesundheitliche Problembereiche können so identifiziert und in Abstimmung mit dem jeweiligen Hoftierarzt geeignete Gegenmaßnahmen ergriffen werden. Als Grundlage für gezielte Prophylaxemaßnahmen auf Einzeltierebene dienen Aktionslisten in den Quartalsberichten, die gemeinsam mit den am Gesundheitsmonitoring beteiligten Landwirten entwickelt wurden und damit gezielt auf die Bedürfnisse der Praxis eingehen.

Auf der Grundlage der übermittelten Gesundheitsdaten wurden Gesundheitsmerkmale definiert, die die bedeutendsten Erkrankungen bei der Milchkuh erfassen und für die sich ein relevanter Einfluss genetischer Faktoren nachweisen ließ. Heritabilitätsschätzwerte von überwiegend 0,03-0,10 lassen den Schluss zu, dass sich die Tiergesundheit durch züchterische Maßnahmen verbessern lässt. Zuchtwerte für Gesundheitsmerkmale könnten künftig in Selektionsentscheidungen einbezogen werden, um die Funktionalität der Milchkuh gezielt zu steigern.

Die Ergebnisse erster Testläufe zur Zuchtwertschätzung werden den teilnehmenden Betrieben seit Anfang 2012 zur Verfügung gestellt. Die Anzahl von Bullen, für die ausreichend sichere Zuchtwerte für Gesundheitsmerkmale geschätzt werden können, ist aufgrund des begrenzten Datenmaterials noch gering. Doch bietet sich mit den quartalsweise übermittelten Listen von Bullenzuchtwerten für den Landwirt erstmals die Möglichkeit, Informationen zur Vererbungsleistung hinsichtlich bestimmter Erkrankungsdispositionen bei der Anpaarung seiner Kühe zu berücksichtigen.

Verwertung

Im Projekt GKuh wurde ein Konzept zum Gesundheitsmonitoring entwickelt und erprobt, das sich an den Erfordernissen der Praxis orientiert und damit nicht nur in den Projektbetrieben zum Einsatz kommen kann. Schon während der Projektlaufzeit kam es in weiteren Milchviehbetrieben in anderen Regionen Deutschlands zum Einsatz und bewährte sich hinsichtlich der standardisierten Datenerfassung im Herdenmanagementsystem, die sich mit vertretbarem Aufwand in den Betriebsalltag integrieren lässt, der routinemäßigen elektronischen Datenübermittlung an vit für die zentralen Auswertungen und der regelmäßigen Übermittlung der Analyseergebnisse an die Betriebe. Um die Zahl der am Gesundheitsmonitoring teilnehmenden Betriebe weiter zu erhöhen, wurde 2012 von den Projektpartnern die Öffentlichkeitsarbeit intensiviert (Internetauftritt <http://www.gkuh.de/>, Informationsbroschüre, Workshop). Unterstützt wird diese Initiative bereits von mehreren Zuchtorganisationen, Dach- und Landeskontrollverbänden.

Eine Zuchtwertschätzung für Gesundheitsmerkmale auf der Grundlage eines erweiterten Datenmaterials (Ausweitung der Datenerfassung, Zusammenführung des verfügbaren Gesundheitsdatenmaterials) bietet die Perspektive, die Tiergesundheit direkt in Zuchtprogrammen zu berücksichtigen. Die Selektion auf eine geringe Erkrankungsneigung verspricht weitere Fortschritte in der nachhaltigen Verbesserung der Gesundheit und Langlebigkeit der Milchkuh und Erhöhung der Akzeptanz der Nutztierhaltung in der Gesellschaft.

„Entwicklung von Instrumenten zur genetischen Qualitätssicherung von Zuchtprogrammen „QS@Breeding““**“Development of tools for quality assurance of breeding programs “QS@Breeding””****Laufzeit**

15.10.2009 bis 31.03.2013

Projektkoordinator, Institution

Prof. Dr. Eildert Groeneveld

Friedrich-Loeffler-Institut - Institut für Nutztiergenetik, Mariensee

Verbundpartner

Dr. Ulf Müller

Sächsisches Landesamt für Umwelt, Landwirtschaft und Geologie – Abt. 9:
Tierische Erzeugung, Köllitsch

Sigrun Schröder

Mitteldeutscher Schweinezuchtverband e.V., Niederwiesa, OT Lichtenwalde

Kurzfassung**Ziel**

Praktische Züchtung erfordert neben klar definierten Zuchtzielen, ein optimiertes Zuchtprogramm und eine straffe Umsetzung im Rahmen der Zuchtorganisation. Die besondere Schwierigkeit im Zuchtgeschehen besteht dabei darin, dass sich die Ergebnisse von Zuchtentscheidungen erst in Folgegenerationen realisieren, was eine laufende Erfolgskontrolle außerordentlich erschwert. Auch wenn in den Zuchtorganisationen wissenschaftlich fundierte und optimierte Zuchtpläne angewendet werden, bestehen doch Defizite hinsichtlich systematischer Instrumentarien zur Kontrolle des züchterischen Erfolgs und Steuerung des Zuchtgeschehens. Ziel des Vorhabens war daher die Entwicklung und Umsetzung von Instrumenten zur Erfolgskontrolle, zur Analyse sowie zur Prognose züchterischer Entscheidungen. Die Instrumente sollen den Zuchtorganisationen und Züchtern zur operativen und strategischen Steuerung von Zuchtprogrammen dienlich sein.

Realisierung

Die Beurteilung des genetischen Wertes eines Tieres und die Optimierung der Zuchtstrategie sind bedeutende Elemente eines Zuchtprogramms. Bereits vorhandene Softwaretools rund um die Zuchtwertschätzung zur Beurteilung der Qualität von züchterischen

Parametern sind häufig eigenständige Programme, die hinsichtlich ihrer Nutzung keinen Bezug zueinander haben. Jedes Programm benötigt seine eigenen Eingabeparameter und sein eigenes Format. Die Eingabeparameter sind dabei oft Ergebnisse aus vorauslaufenden Programmen. Eine Verlinkung vieler einzelner Informationen und Parameter findet häufig nicht statt oder unterliegen keinem Mechanismus, so dass bei sehr großen Datensets Ineffizienz und Fehlerbehaftung vorliegt. Um dies zukünftig zu vermeiden, wurde die Softwarepipeline GEPipe geschaffen, welche die Verknüpfung zu einem kompletten Prozess realisiert. Zusätzlich wurden weitere Softwaretools entwickelt und innerhalb der Pipeline integriert. Mit Hilfe von GEPipe laufen die Softwaretools automatisch hintereinander ab. Gesteuert wird die Pipeline über eine XML-Strukturdatei, die alle Eingabeparameter der Subprogramme enthält. Verschiedene Parser (kleine Tools, die Informationen aus Ergebnisdateien extrahieren) sammeln diese Informationen und erstellen auch die Parameterdateien für die einzelnen Softwaretools. Um die Nutzung möglichst einfach zu gestalten, wurde das gesamte Prozedere in einer plattformunabhängigen Appliance untergebracht. Diese ist sowohl als Webservice als auch als PC-Programm nutzbar. Das hat den Vorteil, dass aufwendige Installationen und Konfigurationen entfallen.

Ergebnisse

GEPipe ist eine webbasierte Anwendung. Es basiert auf dem Maximalprinzip „Mit gegebenen Input möglichst großen Nutzen (Output) erzielen“. Für die Anwendung von GEPipe ist zunächst eine abgeschlossene Zuchtwertschätzung notwendig. Derzeit können Parameterdateien von PEST (Groneveld et al, 1990) und dem noch nicht freigegebenen PEST2 verarbeitet werden. Dementsprechend bedarf es einer Pedigree- und einer Leistungsdatei, der PEST-Parameterdatei sowie der Ergebnisdatei aus der Zuchtwertschätzung. GEPipe umfasst die folgenden sechs Softwaretools:

- AroundBLUP - Statistik zur Zuchtwertschätzung
- AGen - Gesamtzuchtwertschätzung
- EvolveBLUP - Monitoring der Zuchtwertschätzung
- PopREP - Populationsreport
- ZwISSS - Anpaarungsplanung, Publikation Zuchtwerte
- OptBS - Zuchtplanung

Als Ergebnis von GEPipe erhält man eine lückenlose Dokumentation der Zuchtwertschätzung.

AroundBLUP zeigt die Strukturen einer Zuchtwertschätzung auf. Anhand von Grafiken und Tabellen innerhalb einer PDF-Datei ist ersichtlich, was an der entsprechenden Zuchtwertschätzung verbessert werden kann. Es umfasst die folgenden Schwerpunkte:

- Pedigreeanalyse
- Modellinformationen und Genetische Parameter
- Charakterisierung der BLUEs für die Klasseneffekte und für die Kovariablen

BLUE steht für Best Linear Unbiased Estimation und beinhaltet die Schätzung nicht zufälliger Effekte.

Das Tool *AGen* erlaubt die Berechnung von Teilzuchtwerten. Dazu können Subpopulationen und Merkmalswichtungen definiert werden.

Mit *EvolveBLUP* werden Veränderungen der Zuchtwerte in der Zeitperiode im PDF-Format dargestellt. Durch die Zusammenstellung von Leistungen verschiedener Verwandtengruppen im Zusammenhang mit den Zuchtwerten der letzten und der aktuellen Zuchtwertschätzung können Ausreißer sehr schnell erkannt werden. Das Tool umfasst die folgenden Schwerpunkte:

- Modellinformationen im Vergleich zwischen der aktuellen und der vorherigen Zuchtwertschätzung (Statistische Übersicht)
- Ausgabe extremer Zuchtwerte

Der bekannte Populationsreport *PopREP* wurde in Form einer PDF-Datei innerhalb der *GEPipe* integriert und beinhaltet einen Bericht zum Management der Population.

Das Tool *ZwISSS* ist ein Web Frontend, das die Ergebnisse via Web anzeigt. Durch die Verlinkung von Informationen können die Ursachen von Verzerrungen in den Zuchtwertschätzungen zuverlässig ermittelt werden.

Das Programmpaket *OptBS* dient der Optimierung der Zuchtstrukturen und beinhaltet die Verwendung von *ZPLAN* (Nebel, 1974; Karras, 1984; Nitter & Graser, 1994; Willam et al, 2008). Es wird ein einfaches Reinzuchtprogramm entsprechend dem 4-Pfade-Modell nach Rendel&Robertson (1950) automatisch erstellt. Die Ergebnisse aus der Zuchtplanung werden in einem PDF-Dokument wiedergegeben.

Verwertung

Innerhalb des Projektes *QS@Breeding* wurde die Softwarepipeline *GEPipe* entwickelt, in welcher mehrere Komponenten zur Qualitätssicherung von Zuchtprogrammen integriert wurden. Die einzelnen Tools stehen als Webservice oder als PC-Anwendung (Appliance) zur Verfügung. Damit ist gewährleistet, dass auch kleinere, wirtschaftlich weniger starke Zuchtorganisationen diese Tools nutzen können. Die Software unterliegt der GPL-Lizenz und ist frei verfügbar. Bereits heute werden durch den Wirtschaftspartner fertige Teile für die Optimierung des Zuchtprogramms genutzt.

Sektion 4: Pflanzenzüchtung – abiotischer Stress

„TeraPlant: Terahertzwellen-Sensoren - innovative Werkzeuge für die moderne Pflanzenzüchtung: Die optoelektronische Blattdickenbestimmung als unerlässliches Instrument zur Bestimmung der Blattwasserkonzentration zur Selektion trockenstresstoleranter Pflanzen in der Land- und Forstwirtschaft“

“Teraplant: THz wave sensors – innovative tools in modern plant breeding: opto-electronical assay of leaf thickness as essential instrument for determination of leaf water concentrations for selecting drought stress tolerant plants in agriculture and forestry”

Laufzeit

01.02.2011 bis 31.01.2014

Projektkoordinator, Institution

Dr. Thomas Kinder
TEM Messtechnik GmbH, Hannover

Verbundpartner

Prof. Dr. Dirk Selmar
Technische Universität Braunschweig, Institut für Pflanzenbiologie,
Braunschweig

Prof. Dr. Martin Koch
Philipps-Universität Marburg, Fachbereich für Physik, Marburg

Kurzfassung

Ziel

Dieses Forschungsprojekt soll zur verstärkten Nutzung der Terahertz (THz)-Technologie in der biologisch-agronomischen Anwendung beitragen. Starke Wechselwirkung zwischen Blattwasser und Terahertzwellen macht die THz-Spektroskopie zu einem idealen Messwerkzeug für die Quantifizierung von Blattwassergehalten. Die Neuentwicklung eines Sensors, mit dem nicht nur die Wassermenge im Blatt sondern gleichzeitig auch die Blattdicke bestimmt werden kann, ermöglicht es nun erstmals, die tatsächliche Wasserkonzentration eines Blattes zerstörungsfrei zu bestimmen. Durch die Bestimmung dieses physiologisch relevanten Parameters wird die Selektionen von trockenstressresistenten Nutzpflanzen deutlich vereinfacht. Damit trägt dieses Projekt auch dazu bei, den Auswirkungen des Klimawandels auf die Land- und Forstwirtschaft erfolgreich zu begegnen.

Auch für die wissenschaftliche Grundlagenforschung eröffnet die zuverlässige, zerstörungsfreie Bestimmung der Wasserkonzentration viele neue Möglichkeiten. Besonders hervorzuheben ist die einfache Erfassung der Veränderung der Blattwasserkonzentration als neuer verlässlicher Summenparameter für einsetzenden Trockenstress.

Realisierung

Zurzeit wird ein neuer Prototyp des THz-Systems fertig gestellt. Dazu gehören neben der Entwicklung von Subkomponenten (THz-Antennen, Lasersystem) auch die Implementierung der neuartigen Phasenschieber-Technik und deren Evaluierung. Ferner wurden eine bedienerfreundliche Software und Auswertelgorithmen erstellt, um eine direkte Interpretation der Messrohdaten zu ermöglichen.

Nach der Übergabe dieses Demonstrators sollen umfangreiche Arbeiten zur Systemevaluierung im Labor und im Feld stattfinden. Aus den Messungen werden für die unterschiedlichen Pflanzenarten charakteristische THz-Parameter extrahiert. Diese fließen in ein Modell ein, das die frequenzabhängige Phasenverschiebung und Transmission mit der Blattdicke und dem Wassergehalt verbinden soll. Grundlage dabei ist ein Algorithmus, der unter Berücksichtigung der Dispersion des Wassers bei mehreren Frequenzen und der individuellen Blattmorphologie die gesuchte Blattdicke und den Wassergehalt aus Messdaten errechnet.

Ergebnisse

Während bei den früheren Untersuchungen primär das THz-Transmissionsverhalten der Blätter charakterisiert wurde, wurden erste Messungen zur Phasenverschiebung durch die Blattproben durchgeführt. Da der THz-Brechungsindex von Wasser einen stark dispersiven Verlauf aufweist, wurden die Blätter bei unterschiedlichen Frequenzen (200GHz bis 650GHz) vermessen. Um den störenden Effekt der Mehrfachreflexion an den Oberflächen der THz-Linsen zu unterdrücken, wurden Linsendesigns erstellt, bei denen die Linsenoberflächen im Vergleich zur Vorversion invertiert sind. Hierdurch werden Mehrfachreflexionen minimiert. Darüber hinaus wurde eine Softwareoberfläche erstellt, um bildgebende Untersuchungen des Blattmaterials vornehmen zu können.

Die Praxistauglichkeit wurde bereits bei Messungen in Großgewächshäusern in Groß Lüsewitz, im Rollhaus (rain-out shelter) und in Feldversuchen (Weihestephan) an verschiedenen Kartoffel- und Gerste-Varietäten gezeigt. Die Blätter der Pflanzen, die sich insbesondere in der Trockenstresstoleranz unterscheiden, wurden sowohl mit Hilfe des THz-Systems untersucht, zusätzlich wurde die Blattdicke am THz-Messpunkt bestimmt. Dabei zeigte sich, dass der Wassergehalt der Blätter über die THz-basierten Transmissionsmessungen tatsächlich nicht-destruktiv ermittelt werden kann. Die geplante Einbeziehung des Stresstatus (GABA, PAM) soll maßgeblich dazu beitragen, die Frage zu klären, inwieweit die tatsächliche Blattwasserkonzentration als charakterisierender Marker für die Selektion aussagekräftig ist.

(Geplante) Verwertung

Zurzeit werden die THz-Erzeugung, THz-Detektion und die THz-Spektroskopie weiter optimiert, um die Komponenten verkleinern zu können. Ein feldtaugliches Instrument für eine spätere Markteinführung setzt voraus, dass das Mess-System nicht nur zuverlässig und schnell arbeitet, sondern auch kompakt ist und sich in der Preisklasse von 20.000€ bis 40.000€ anbieten lässt. Ein derartiges System könnte dann auch in zahlreichen verwandten Themengebieten Einsatz finden.

Aufgrund der bisher veröffentlichten Ergebnisse gibt es zahlreiche Anfragen zur Nutzung der THz-Technologie. Nach Projektende wird THz-Anwendern weltweit eine zuverlässige Methode zur Erzeugung kontinuierlicher THz-Strahlung mit konkurrenzloser Genauigkeit der Frequenzeinstellung zur Verfügung stehen. Davon profitieren auch Forschungseinrichtungen, die sich mit der Erkennung von Gefahr- und Schadstoffen mittels THz-Strahlung befassen.

Darüber hinaus wird das realisierte Zweifarben-Lasersystem ein großes Anwendungsfeld in Industrie und Wissenschaft öffnen. Es gibt bereits eine konkrete Anfrage für das Zweifarben-Lasersystem für eine Anwendung außerhalb der Terahertz-Technik, denn - neben der Erzeugung von THz-Strahlung - werden weit durchstimmbare Laser auch in der Präzisionsinterferometrie, der Atomspektroskopie sowie im Zusammenhang mit optischen Atomuhren gebraucht. Bislang jedoch schlossen weite Durchstimbarkeit und präzise Frequenzeinstellung einander aus. Das realisierte System wird daher die vorhandenen Technologien in mehreren Merkmalen bei weitem übertreffen und die Innovationskraft der deutschen Wirtschaft demonstrieren.

Darüber hinaus ist abzusehen, dass durch das Sensorsystem die Zucht speziell auf den Klimawandel angepasster Kulturpflanzen vereinfacht werden wird. Hierdurch wird ein Beitrag geleistet, den Pflanzenbau in Deutschland unter sich ändernden klimatischen Bedingungen leistungsfähig zu erhalten. Damit wird das Projekt einen wesentlichen Beitrag zur Evaluierung und Nutzung der genetischen Ressourcen, der Erweiterung des Kulturarten-spektrums sowie der Verbesserung der Eigenschaften der Kulturpflanzen leistet, Erträge zu steigern und zu sichern.

„Entwicklung innovativer Selektionstechniken für die Züchtung von Trockenstresstoleranz beim Winterraps“

“Development of innovative selection techniques for breeding of drought stress tolerance in winter oilseed rape”

Laufzeit

01.10.2010 bis 30.09.2013

Projektkoordinator, Institution

Gemeinschaft zur Förderung der privaten deutschen Pflanzenzüchtung e.V. (GFP), Bonn

Verbundpartner

Prof. Dr. Martin Koch
Philipps-Universität Marburg

Über GFP beteiligte Züchter:

Deutsche Saatveredelung AG, Lippstadt
Norddeutsche Pflanzenzüchtung H.-G. Lembke KG, Holtsee;
Lantmännern SW Seed GmbH, Hanstedt;
Syngenta Seeds GmbH, Bad Salzuflen;
Limagrain GmbH, Peine-Rosenthal;
Saatzucht Dieckmann GmbH & Co.KG, Nienstädt;
KWS Saat AG, Einbeck;
Bayer CropScience Raps GbR, Mohnheim

Kurzfassung

Ziel

Die landwirtschaftliche Produktion in Deutschland war in den letzten Jahren mit dramatischen Trockenperioden konfrontiert. Laut dem Deutschen Wetterdienst war der Sommer 2003 der trockenste Sommer der letzten 100 Jahre. Im vergangenen Jahr 2011 ergab sich mit 88 L Niederschlag pro Quadratmeter daraufhin das zweittrockenste Frühjahr seit Beginn der Wetteraufzeichnungen vor 130 Jahren. Auch die Vegetationsperiode der Jahre 2011/2012 begann für die Winterkulturen mit verhältnismäßig wenig Niederschlag. Der November letzten Jahres gilt als der trockenste seit 130 Jahren. Die Trockenereignisse häufen sich, daraus ergibt sich die Herausforderung unsere Kulturpflanzen an diese sich verändernden Klimabedingungen anzupassen.

Um eine reproduzierbare Auswahl geeigneter Genotypen zu treffen, mit deren Hilfe erfolgreich auf Trockenstressresistenz gezüchtet werden kann, bedarf es geeigneter Selektionswerkzeuge. Das übergeordnete Ziel dieses Projektes ist es daher innovative Selektionstechniken zur Verbesserung der Trockenstresstoleranz bei Winterraps zu entwickeln.

Neben molekularen Markern gehören auch neue physikalische Meßverfahren wie die Terahertz-Technologie, die Wurzelkapazitäts- und Spektralmessungen zu den viel versprechenden neuen Selektionstechniken, die in diesem Projekt auf ihre Anwendbarkeit bei Raps geprüft werden sollen. Auf diese Weise soll es zukünftig möglich sein, Genotypen mit besonders guter Trockenstressresistenz schnell zu identifizieren, um so die Züchtung im Hinblick auf erwartete Folgen des Klimawandels weiter voran zu bringen.

Realisierung

Anhand eines breiten Sortiments wurden zunächst Untersuchungen unternommen, in welchem Ausmaß eine phänotypische Variation bezüglich Trockenstresses bei Winterraps vorliegt. Daraufhin wurden Genotypen ermittelt, welche eine besonders geringe bzw. eine besonders große relative Ertragsreduktion in Folge von Trockenstress aufweisen. Diese Extremgenotypen dienten dazu, in einem kleineren Umfang mittels Gefäß- und Containerversuchen die Trockenstressreaktion von Winterraps genauer zu untersuchen. Auf diese Weise konnten Erkenntnisse über die physiologischen und morphologischen Veränderungen in Folge von Trockenstress gewonnen und so die Suche nach weiteren möglichen Indikatormerkmalen unterstützt werden.

Parallel wurden zuvor ausgewählte, schon vorhandene Selektionstechniken ebenfalls im Feld getestet. Die Methoden, die sich im Rahmen dieser Vorversuche am geeignetsten erwiesen haben, wurden genutzt, um eine umfassende Phänotypisierung in einem genetisch diversen Winterrapsortiment durchzuführen. Hierfür wurden 90 Winterrapsinzuchtlinien, die mit genomweiten Mikrosatelliten- und SNP-Markern vollständig genotypisiert sind, auf mehreren Trockenstressstandorten angebaut. Die erhobenen Daten werden für eine anschließende genomweite Assoziationsstudie verwendet. Somit sollen erste Kenntnisse über Genomregionen, die an der Ausprägung von Trockenstresstoleranz beim Winterraps eine Rolle spielen, gewonnen werden. Darüber wird es möglich sein, neue genetische Variation für Trockenstresstoleranz für die Züchtung widerstandsfähigere Sorten zu identifizieren und zu charakterisieren.

Ergebnisse

Die Ertragsdaten der Feldversuche aus dem ersten Versuchsjahr (2010/11) ergaben, dass eine Variation der Trockenstressresistenz in den untersuchten Winterrapsorten vorhanden ist. Die relative Ertragsreduktion reichte von 55% bis zu 80%. Die anschließend selektierten Extremgenotypen wurden im Folgejahr mit Hilfe eines Containersystems kultiviert und untersucht. Die verwendeten Container haben ein Volumen von 120 L und eine Höhe von 90 cm. Sie ermöglichen es zum einen die Vorteile der kontrollierten Bedingungen eines Gefäßversuches zu nutzen und zum anderen die Nachteile der künstlichen und feldfernen Bedingungen in nur sehr kleinen Gefäßen zu umgehen. Ein feldähnlicher Effekt wirkt hierbei besonders auf die mittlere von fünf Pflanzen in einem

Container. Durch die umringenden äußeren Pflanzen ergibt sich ein Nachbarschaftseffekt, der das Wachstum der in der Mitte stehenden Pflanze beeinflussen. Der Vergleich zwischen den Ertragsdaten der Feldversuche und der Kornerträge des Haupttriebes der mittleren Pflanze eines Containers zeigt, dass die Erträge von beiden Anbausystemen vergleichbar sind. Anhand des Containersystems ist es daher möglich, nicht nur morphologische und physiologische Parameter der Pflanzen zu untersuchen, sondern zudem auch auf die spätere Ertragsleistung im Feld zu schließen.

Zu den Selektionstechniken, die ebenfalls mit Hilfe des Containerversuchs auf ihre Durchführbarkeit bei Winterraps getestet wurden, zählen zu einen spektralen Methoden im IR- und VIS-Bereich, welche einen Hinweis auf den Chlorophyllgehalt der Biomasse geben. Des Weiteren wurde die elektrische Kapazität gemessen, anhand derer eine indirekte Quantifizierung des Wurzelsystems möglich ist. Eine weitere viel versprechende Selektionsmethode ist die Transmission von THz-Strahlung durch Blätter, die im Zusammenhang mit deren Wassergehalt steht. Erste Ergebnisse zeigen, dass es möglich ist resistente Genotypen aufgrund ihrer Fähigkeit den Wassergehalt im Gewebe aufrecht zu erhalten zu identifizieren.

(Geplante) Verwertung

Im Vorhaben werden zum ersten Mal die physiologische Basis sowie die Variationsbreite der Trockenstressreaktionen beim Winterraps eingehend untersucht und eine erste genomweite Assoziationsstudie von Trockenstressreaktionen beim Raps durchgeführt. Im Anschluss werden weitere Forschungsmöglichkeiten zur Identifizierung und Funktionsanalyse beteiligter Gene sowie zur Entwicklung genetischer Marker für die markergestützte Selektion eröffnet. Aus technischer Sicht lässt besonders die Weiterentwicklung der THz-Technologie zur Erfassung von Trockenstressreaktionen unter Feldbedingungen ein großes Innovationspotenzial für die praktische Pflanzenzüchtung erwarten.

„Untersuchungen der Reaktion verschiedener Gerstegenotypen auf zukünftige CO₂-Konzentrationen als Grundlage zur züchterischen Optimierung des CO₂-Düngeeffektes“

“Analyses of the responses of different barley genotypes to future CO₂ concentrations in order to optimise the CO₂ fertilisation effect through plant breeding”

Laufzeit

01.01.2011 bis 30.07.2014

Projektkoordinator, Institution

Gemeinschaft zur Förderung der privaten deutschen Pflanzenzüchtung e.V. (GFP), Bonn

Verbundpartner

Dr. Jürgen Bender, Dr. Esther Mitterbauer, Prof. Dr. Hans-Joachim Weigel
Thünen-Institut für Biodiversität (vTI), Braunschweig

Dr. Frank Ordon, Dr. Antje Habekuß, Matthias Enders
Institut für Resistenzforschung und Stresstoleranz, Julius Kühn-Institut (JKI), Quedlinburg

Kurzfassung

Ziel

Die atmosphärische CO₂-Konzentration ist seit dem vorindustriellen Zeitalter von 280 ppm auf ein Niveau von derzeit rund 390 ppm gestiegen und Modelle sagen einen weiteren Anstieg der Konzentration auf über 700 ppm zum Ende dieses Jahrhunderts voraus. Grundsätzlich stimulieren höhere CO₂-Konzentrationen die Photosynthese und führen so zu einem Anstieg der Biomasse und des Ertrages von C3 Pflanzen, eine Reaktion, die daher auch als „CO₂-Düngeeffekt“ bezeichnet wird. In verschiedenen Untersuchungen ist jedoch festgestellt worden, dass der potentielle CO₂-Effekt auf die Photosynthese sich nicht in entsprechend großen Biomasse- bzw. Ertragszuwächsen wiederfindet. Darüber hinaus sind bei Getreide genotypische Unterschiede in der Reaktion auf erhöhte CO₂-Konzentrationen bekannt. Feldversuche zur systematischen Überprüfung der Reaktionsbreite von Genotypen auf erhöhte CO₂-Konzentrationen insbesondere bei Wintergerste stehen allerdings ebenso noch aus wie die Beantwortung der Frage, wie die phänotypischen Reaktionen genetisch unterlegt sind.

Ziel dieser Untersuchung soll daher sein, Informationen über die genetische Variabilität bezüglich der Ausnutzung erhöhter CO_2 -Gehalte von Wintergerste zu erhalten und ihre Fähigkeit, die erhöhten CO_2 -Konzentration in höhere Erträge umzusetzen, zu evaluieren. Im Anschluss an die Phänotypisierung werden sich genetische Assoziationsstudien und Expressionsanalysen anschließen.

Realisierung

Anhand einer Clusteranalyse, basierend auf 6807 SNP-Markern, wurden 100 Wintergerste-Genotypen mit höchstmöglicher genetischer Distanz selektiert. Die Genotypen wurden erstmals im September 2011 unter Feldbedingungen angebaut und über die gesamte Wachstumsperiode 2012 in Feld-Expositionskammern (open-top Kammern [OTCs], Abb. 1) unterschiedlichen CO_2 -Konzentrationen ausgesetzt (Außenluft: ~ 390 ppm CO_2 [NF], angereicherte Außenluft: ~ 700 ppm CO_2 [CO_2]). Die Versuche erstrecken sich über insgesamt drei Versuchsjahre. Während der Wachstumsperioden werden die Pflanzenentwicklungsstadien und photosyntheserelevante sowie agronomisch bedeutende Parameter erfasst. Das zum Zeitpunkt der Kornreife geerntete Material wird im Hinblick auf Biomasseproduktion, Ertrag und Ertragsqualität hin analysiert. Zusätzlich wurden Blattproben zu definierten Pflanzenentwicklungsstadien für Expressionsanalysen genommen.



Abbildung 1: Zwölf OTCs umgeben von der Mantelsaat (*Hordeum vulgare* cv. Kathleen) auf dem Versuchsfeld des Thünen-Instituts (vTI), Braunschweig. Die in den OTCs angebauten 100 Genotypen wurden in jeweils sechs der Kammern mit 390 ppm bzw. 700 ppm CO_2 versorgt.

Ergebnisse

Erste Auswertungen aus dem Versuchsjahr 2012 belegen, dass die Genotypen sich phänotypisch voneinander unterscheiden und lassen vermuten, dass sie während ihrer Entwicklung unterschiedlich auf [CO_2] reagierten. So veränderte sich z.B. die Entwicklungsdauer, d.h. das Erreichen unterschiedlicher Entwicklungsstadien, bei den untersuchten Genotypen unter [CO_2] deutlich (Abb. 2).

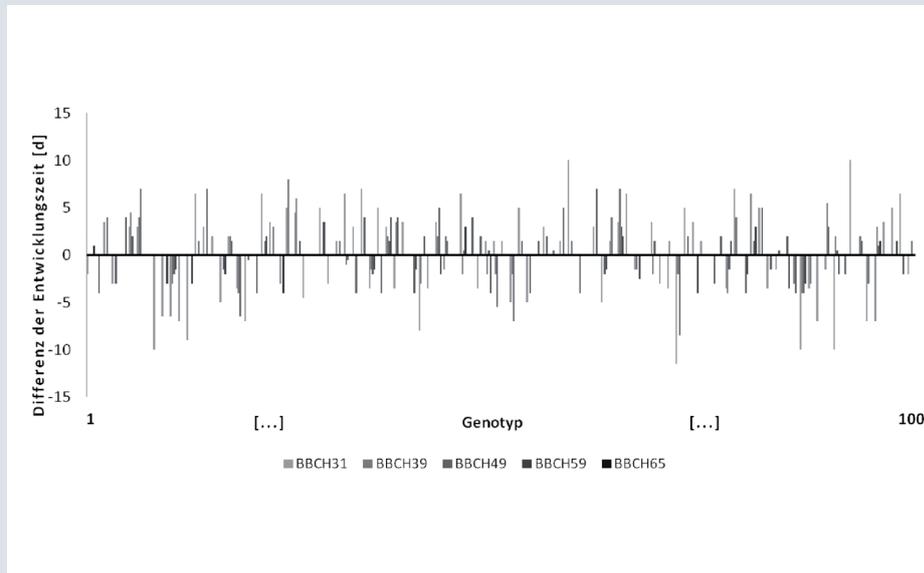


Abbildung 2: Die Entwicklungsdauer von 100 Wintergerstegenotypen angebaut unter $[CO_2]$ im Vergleich zur Entwicklungsdauer angebaut unter $[NF]$ bis zum Erreichen verschiedener BBCH-Stadien (31, 39, 49, 59, 65). Positive bzw. negative Ergebnisse bedeuten eine Verlängerung bzw. Reduktion der Entwicklungsdauer (in Tagen, [d]) durch $[CO_2]$.

Ein Vergleich der Mittelwerte phänotypischer Merkmale der unter CO_2 und NF angebauten Standardsorte „Kathleen“ lässt tendenziell ein verstärktes Längenwachstum annehmen, aber keine Veränderung hinsichtlich der Anzahl gebildeter Seitentriebe, Ähren oder der Ähren- bzw. Grannenlängen erkennen.

Untersuchungen ausgewählter Genotypen mittels Massenspektrometrie weisen auf genotypische Unterschiede in der Isotopendiskriminierung hin. Die Mittelwerte der $\delta^{13}C/^{12}C$ Isotopensignatur von 10 untersuchten Genotypen unterscheiden sich signifikant ($p < 0,05$) und variieren zwischen $-25,99\text{‰}$ und $-30,35\text{‰}$.

Weiterhin unterscheiden sich ausgewählte Genotypen signifikant ($p < 0,05$) hinsichtlich ihrer Blattstruktur. Die Mittelwerte der Stomatazahlen variieren bei 10 Genotypen von 51 bis 73 Stomata mm^{-2} , während sich die Zahlen auf den Blattober- und -unterseiten nicht voneinander unterscheiden.

In den nächsten beiden Jahren werden die Untersuchungen wiederholt, um die Beobachtungen abzusichern und Möglichkeiten und Folgen für den Einsatz von Genotypen mit positiver Reaktion auf $[CO_2]$ in Zuchtprogrammen abschätzen zu können.

(Geplante) Verwertung

Die Arbeiten liefern grundlegende Erkenntnisse zu der Frage, ob genetische Variation in Wintergerste bezüglich photosyntheserelevanter Merkmale und der CO_2 -Ausnutzung besteht bzw. ob diese züchterisch optimiert werden kann. Ist diese Variation vorhanden, kann sie über die mittels assoziationsgenetischer Verfahren identifizierten Marker direkt im Züchtungsprozess genutzt werden. Die Arbeiten liefern damit einen essentiellen Beitrag zur Anpassung an den Klimawandel.

„Phenomics, Transcriptomics und Genomics – ein integrierter Ansatz zur Effizienzsteigerung in der Selektion trockenstresstoleranter Gerste“

“Phenomics, Transcriptomics and Genomics – an integrated approach improving the efficiency of selecting drought stress tolerant Barley (methods and results)”

Laufzeit

01.10.2010 bis 30.09.2013

Projektkoordinator, Institution

Gemeinschaft zur Förderung der privaten deutschen Pflanzenzüchtung e.V. (GFP), Bonn

Verbundpartner

Prof. Dr. J. Léon

Professur Pflanzenzüchtung, Institut für Nutzpflanzenwissenschaften und Ressourcenschutz INRES, Universität Bonn (Teilprojekt TP1)

Prof. Dr. D. Bartels

Professur Molekulare Physiologie, Institut für Molekulare Physiologie und Biotechnologie der Pflanzen IMBIO, Universität Bonn (TP2)

Dr. G. Schweizer

AG Genomanalyse, Institut für Pflanzenbau und Pflanzenzüchtung, Landesanstalt für Landwirtschaft Bayern (TP3)

PD Dr. Frank Ordon,

Institut für Resistenzforschung und Stresstoleranz, Bundesforschungsinstitut für Kulturpflanzen, Julius Kühn-Institut (TP4)

Über GFP beteiligte Züchter:

Syngenta Seeds GmbH

Nordsaat Saatzucht GmbH

Saatzucht Streng GmbH&Co.KG

Saatzucht Breun GmbH & Co. KG

Pflanzenzucht W.v.Borries-Eckendorf GmbH&Co.KG

Limagrain GmbH

Kurzfassung

TP1

Evaluierung von Pflanzenparametern für die merkmals- und markergestützte Selektion auf Trockenstresstoleranz

Im Rahmen dreijähriger Gefäßexperimente mit Sommergerste werden in Folientunneln durch differenzierte Tropfbewässerung eine Trocken- und eine Kontrollvariante für je zwei unterschiedlich terminierte Trockenstressszenarien („Frühjahrstrockenheit“ 3 Wochen ab BBCH 24 und „Sommerstrockenheit“ 3 Wochen ab BBCH 49) erzeugt. An 24 diversen Sommergerstensorten werden in der Vegetation physiologische und morphologische Pflanzenparameter sowie zur Ernte der Korntrag und die Ertragsstrukturkomponenten erfasst.

Signifikante Unterschiede zwischen Kontroll- und Trockenbedingungen wurden in 2011 bei Chlorophyllgehalt (SPAD-Wert), Pflanzenlänge, Triebzahl, Blatt- und Stängelwassergehalten, Stängeltrockenmasse, $\Delta^{13}\text{C}$ -Wert, Blattstickstoffgehalt und Wurzelrockenmasse festgestellt. Im Szenario „Frühjahrstrockenheit“ wurden in Reaktion auf die Trockenheit, Ertragsverluste von bis zu 20 % festgestellt.

Um die Anwendbarkeit der evaluierten Merkmale und deren Bedeutung für die Ertragsbildung unter Praxisbedingungen zu prüfen, finden mit den gleichen 24 Sommergerstensorten bei den beteiligten Züchtungsunternehmen in zwei Jahren Feldversuche an fünf Standorten statt. Automatisch arbeitende Wetterstationen erfassen während der Vegetation fortlaufend die meteorologischen Messdaten in der Sproß- und Wurzelumwelt (incl. Bodenfeuchte) und gestatten damit die Charakterisierung von Trockenperioden unter natürlichen Bedingungen. Im ersten Jahr 2012 gab es sowohl Standorte mit feuchten wie auch trockenen Bedingungen, so dass aussagekräftige differenzierte Ergebnisse aus den Erhebungen der Pflanzenparameter zu den Entwicklungsstadien BBCH 24, 51, 77 und der detaillierten Parzellenertragsanalyse erwartet werden.

TP2

Die Rolle der Wurzelarchitektur bei der Züchtung auf Trockenstresstoleranz

Ziel ist die Etablierung eines nicht-invasiven Bildanalyse-Systems zur Quantifizierung des Gerstenwurzelwachstums unter Stressbedingungen im Labor und dessen Nutzung zur Phänotypisierung der Gerstensortimente.

Zu entwickeln waren im ersten Jahr das Pflanzenanzucht- bzw. -wachstumssystem, der Aufbau der technischen Bildaufnahmeapparatur und die Bildauswertung. In Vorversuchen wurden die optimalen Wachstumsbedingungen und die erforderlichen Voraussetzungen zur Erfassung von qualitativ hochwertigen Bildern an ausgewählten Gerstengenotypen bestimmt. Das Saatgut wird oberflächensterilisiert, Keimung und Anzucht erfolgen in einem mit Vitaminlösung angereicherten MS-Nährmedium und beste Bildqualitäten werden mit ungraduierten hochwertigen Glaszylindern (295x80

mm, 1000 ml) und dem Agarsubstitut GelzanTM erzielt. Die Apparatur zur fotografischen Aufnahme der Wurzelsysteme der jungen Gerstenpflanzen, die während der Stressapplikation in den runden Glaszylindern in Agar wachsen und je nach Variante unterschiedlichem osmotischem Stress ausgesetzt werden, besteht aus Digitalkamera, Wassertank, Drehtisch, LED-Panel und PC. Von den sich drehenden Gerstenpflanzen werden 36 Bilder von jeweils 20 Individuen eines Genotyps aufgenommen, dies automatisiert und gesteuert mithilfe des Softwarepaketes PackshotSpin_SLR V3_472. Seit Herbst 2011 ist die Apparatur voll einsatzfähig. Mit Hilfe der von Prof. Benfey zur Verfügung gestellten Bildanalysesoftware „GIARoots“ werden momentan 20 Wurzelparameter pro 2D-Aufnahme ermittelt (z. B. Wurzelnetzfläche, -breite, -tiefe, -volumen, -oberfläche, Einzelwurzelzahl und -breite).

Im weiteren Projektverlauf sind die Stressprotokolle zu entwickeln und die Gerstensortimente zu phänotypisieren.

TP3

Markerentwicklung und Haplotypenanalyse für Kandidatengene mit Beteiligung an der Trockenstresstoleranz

In einem Phytotron-Versuch wurden drei Sommergerstensorten mit unterschiedlichen Stresstoleranzen während der Kornfüllungsphase einem 12-tägigen Trockenstress ausgesetzt. Zu 4 Zeitpunkten wurden dabei RNA-Proben für Transkriptomanalysen (454- und Solexa-Sequenzierung) genommen. In Zusammenarbeit mit dem MPI-Golm wurden die Sequenzdaten bioinformatisch aufgearbeitet und aus ihnen und publizierten ESTs ein Referenztranskriptom der drei Gersten zusammengesetzt, welches die automatisierte Zuordnung der exprimierten Gene zu funktionellen Gruppen mit Hilfe der Software „Mapman“ ermöglichte und gleichzeitig Basis für die Erstellung genotyp-spezifischer cDNA-Sequenzen ist. Die Transkripthäufigkeit der jeweiligen Gene pro Sorte und Zeitpunkt wurde mit Hilfe der Alignment-Software „BLAT“ ermittelt, die statistische Auswertung zur Ermittlung differentieller Genexpression mit Hilfe des Statistikprogrammpaketes „edgeR“.

Aus den 12,5 bis 22,3 Mio. Sequenzreaktionen jeder einzelnen Versuchsprobe konnten 36.000 Genfragmente zusammengesetzt werden. Von diesen waren ca. 5.800 in mindestens einem Genotyp zu mindestens einem Zeitpunkt unter Trockenstressbedingungen, ca. 2.700 Genfragmente in mindestens 2 Genotypen oder zu mindestens 2 Zeitpunkten differentiell exprimiert. 250 dieser 2700 Genfragmente wurden als Kandidatengene für die weitere Markerentwicklung ausgewählt und hierzu in 12 Winter- und Sommergerstensorten für die Haplotypenanalyse resequenziert. Bislang sind Haplotypen von 70 der 100 geplanten Kandidatengene bestimmt und ausgewertet. Im Rahmen der Transkriptomanalysenvalidierung konnten die Solexa-Expressionsmuster mit 12 Kandidatengenen für die entsprechenden Zeitpunkte und Genotypen über eine qRT-PCR bestätigt werden.

TP4**Assoziationsgenetische Identifikation von Genomregionen mit Beteiligung an der Trockenstresstoleranz**

128 deutsche Wintergerstengenotypen (zwei- und mehrzeilig) werden in zweijährigen Rainout-Shelter-Versuchen in einer Kontroll- und einer Trockenstressvariante (Zeitraum Blüte) hinsichtlich phänologischer, physiologischer sowie Ertrags- und Qualitätsmerkmale phänotypisiert, mit dem 9k-iSelect-Chip genotypisiert und anschließend unter Berücksichtigung der Populationsstruktur assoziationsgenetisch verrechnet.

In 2011 konnten signifikante, genotypische Unterschiede in der Reaktion auf Trockenstress z.B. für die Gehalte an Chlorophyll, löslichen Zuckern, Prolin sowie dem Tausendkorngewicht ermittelt werden. Mittels des 9k-iSelect-Chip konnten insgesamt 7842 auswertbare SNPs generiert werden, von denen 6808 polymorph, 3984 genetisch kartiert und 3088 mit einer Allelfrequenz größer 5 % ausgestattet und damit für die Assoziationskartierung nutzbar waren. Um die Identifikation falsch positiver Assoziationen zu minimieren wurde ein Mixed-Linear-Modell gewählt, in welches die Zeiligkeit als Cofaktor sowie Populationsstruktur und Verwandtschaftsmatrix eingingen. Basierend auf diesen genotypischen und den ersten einjährigen phänotypischen Daten konnten signifikante Assoziationen für alle untersuchten Merkmale ermittelt werden.

Unter kontrollierten Bedingungen der Klimakammer werden an den genannten Genotypen in einer Stress- und einer Kontrollvariante Blattproben genommen, um für 24 Kandidatengene Expressionsanalysen durchzuführen und assoziationsgenetisch eQTLs zu identifizieren. In einem letzten Schritt sollen unter Verwendung eines effizienten Pyrosequencing-Verfahrens bzw. unter Zuhilfenahme von Restriktionsenzymen in der Gerstenzüchtung einfach zu handhabende Marker zur Nutzung dieser QTLs entwickelt werden.

„Entwicklung von stresstoleranten Gerstenlinien mit verbessertem Samenansatz und -ertrag bei Sommertrockenheit (SEEDSET)“

“Development of stress tolerant barley lines with improved seed set and yield under terminal drought”

Laufzeit

01.02.2011 bis 31.01.2014

Projektkoordinator, Institution

Dr. Nese Sreenivasulu
Leibniz-Institut für Pflanzengenetik und Kulturpflanzenforschung (IPK),
Gartensleben

Verbundpartner

Dr. Korzun
KWS Lochow GMBH, Bergen-Wohlde

Kurzfassung

Innerhalb des SEEDSET Forschungsprojektes sollen die molekularen Aspekte und genetischen Grundlagen der Trockentoleranz für die Entwicklung von verbessertem Saatgut untersucht werden. Dazu wurden 100 Linien einer DH-Population unter Gewächshausbedingungen auf Trockentoleranz untersucht sowie physiologisch und biochemisch analysiert. Die Pflanzen wurden in einem Zeitraum von einigen Tagen vor der Blüte bis etwa 15 Tagen nach der Blüte Trockenstress ausgesetzt. Photosyntheseparameter wie z.B. Assimilation, Transpiration und stomatäre Leitfähigkeit wurden bei Stress- und Kontrollpflanzen bestimmt. Innerhalb der DH-Population gab es eine große Variation bei der Assimilation und stomatären Leitfähigkeit unter Stressbedingungen, wobei einige Linien in der Lage waren im Vergleich zu den Eltern höhere Assimilationsraten bei Stress zu halten. Nach dem Abreifen der Pflanzen wurden verschiedene Ertragsparameter ermittelt (u.a. Ertrag, Tausendkorngewicht, Gesamtsamenanzahl). Auch hier gab es eine hohe genetische Variation innerhalb der Population bei Stress, wobei einige Linien einen verbesserten Samenansatz mit einer höheren Ährenanzahl pro Pflanze zeigten. Tausendkorngewicht und Ertrag reduzierten sich bei Trockenstress, aber auch hier können sich einige DH-Linien mit höherem Ertrag bei Stressbedingungen hervorheben.

Ein weiteres Ziel des Projektes ist es die Düngungsstrategien mit Kalium und Stickstoff zu verbessern. Die DH-Population wurde ebenfalls auf ihren Nährstoffstatus überprüft. Dazu wurde Material von Fahnenblatt, Stängel und Samen auf die Gehalte an Kohlenstoff (C), Stickstoff (N), Kalium (K), Magnesium (Mg) und Calcium (CA) analysiert. Stress

führte generell zu einem Absinken der N-Gehalte innerhalb der DH Population im Fahnenblatt und zu einem N-Anstieg im Samen (Remobilisierung). Eine hohe genetische Variabilität innerhalb der DH-Population zeigte sich auch in den K-, Ca- und Mg-Restmengen, die unter Stress im Fahnenblatt verblieben. Es gibt erste Hinweise, dass Mg früher aus dem Fahnenblatt remobilisiert wird als N und K und damit von der Remobilisierung dieser Elemente entkoppelt ist. In Kürze werden mit Hilfe der noch ausstehenden QTL-Analyse trockenolerante und -sensitive DH-Linien aus der Population selektiert und näher charakterisiert. Somit kann die gefundene genetische Variabilität in der Nährstoffremobilisierung und Assimilationsleistung genutzt werden, um die physiologischen und molekularen Mechanismen zu beschreiben, die zu einem verbesserten Samenansatz unter Trockenstress führen.

„Züchtung von Triticalesorten für extreme Umwelten – eine Frage des Sortentyps?“

“Breeding triticale varieties for marginal environments – a matter of the variety type”

Laufzeit

01.09.2010 bis 31.08.2014

Projektkoordinator, Institution

Prof. Dr. J.C. Reif

Landessaatzuchtanstalt (720), Universität Hohenheim, Stuttgart

Verbundpartner

Nordsaat Saatzucht GmbH, Saatzucht Langenstein

Pflanzenzucht Oberlimpurg, Schwäbisch Hall

Pflanzenzucht SaKa GmbH Co KG, Ranzin

Saatzucht Dr. Hege GbR, Waldenburg

Kurzfassung

Ziel

Der prognostizierte Temperaturanstieg und die zu erwartenden zunehmenden Trockenperioden werden die Ertragsstabilität von Triticalesorten wesentlich beeinträchtigen. Triticalesorten sind bisher überwiegend Liniensorten. Eine populäre Hypothese besagt allerdings, dass Hybriden eine deutliche höhere Ertragsstabilität und Leistungsüberlegenheit gegenüber Linien vor allem in Umwelten mit ausgeprägtem abiotischem Stress

besitzen. Wenn diese Hypothese zutrifft, ist der Wechsel des Sortentyps ein überzeugender, genereller und effizienter Lösungsansatz, um die Stresstoleranz von Triticale im Hinblick auf die Folgen des prognostizierten Klimawandels zu erhöhen. Allerdings ist die experimentelle Datenbasis für den Vergleich der Ertragsstabilität und des Leistungspotentials von Hybriden versus Linien für marginale Standorte äußerst begrenzt. Daher verfolgt das Projektvorhaben das Ziel, in einer umfangreichen mehrortigen und mehrjährigen Versuchsserie erstmalig die abiotische Stresstoleranz verschiedener Sortentypen (Hybriden sowie intensive und extensive Liniensorten) mittels innovativer statistischer Methoden zu vergleichen.

Realisierung

Für das Projektvorhaben werden 80 Hybriden und 50 Linien (25 intensive und 25 extensive Liniensorten) in Feldversuchen an 24 Umwelten (insgesamt neun Standorte über drei Jahre) für agronomische und qualitative Merkmale evaluiert. Die verschiedenen Materialgruppen werden bzgl. Ertragsstabilität verglichen. In Modellvergleichen soll das optimale Design für Feldversuche in marginalen Umwelten erforscht werden.

Ergebnisse

Bislang stehen Felddaten von 6 Orten für 80 Hybriden und 50 Linien zur Verfügung. Die Parzellen des Anbaujahres 2011/12 werden derzeit geerntet. Aufgrund von Auswinterung werden voraussichtlich nur fünf der neun Standorte im Anbaujahr 2011/12 auswertbar sein. Ein erster Vergleich der Ertragsstabilität von Linien und Hybriden wurde für die Erntedaten 2011 berechnet. Jedoch sind die Ergebnisse aufgrund der geringen Anzahl Umwelten noch nicht aussagekräftig. Die Versuche im Anbaujahr 2010/11 an den Orten Issoudun und Eckartsweier litten unter starkem Trockenstress wodurch die Heterogenität der Versuche aufgrund von Bodenunterschiede deutlich erhöht wurde. Derzeit wird die Auswertbarkeit dieser Versuche mit innovativen statistischen Methoden untersucht.

(Geplante) Verwertung

Im Rahmen des Projektvorhabens wird in einer umfangreichen mehrortigen und mehrjährigen Versuchsserie erstmalig die abiotische Stresstoleranz verschiedener Sortentypen (Hybriden sowie intensive und extensive Liniensorten) mittels innovativer statistischer Methoden verglichen. Die Vorhabensergebnisse bilden die Grundlage, mittelfristig auch für Trockenstressstandorte geeignete Sorten bereitstellen zu können. Auf Basis der Daten sollen in den Züchtungsunternehmen Triticalesorten mit verbesserter Trockenstresstoleranz für den deutschen und europäischen Raum entwickelt werden. Aus diesem Grund werden die Züchter in der Sortenentwicklung versuchen, die Merkmale Stresstoleranz, Ertrag sowie Ertragssicherheit in neuen Sorten zu verknüpfen.

„Ein Ansatz zur Präzisionszüchtung ertragreicher Hybridroggensorten mit veränderter Pflanzenarchitektur als Antwort auf den Klimawandel“

“A precision breeding approach for hybrid rye with altered plant architecture as a response to the climate change”

Laufzeit

01.10.2010 bis 30.09.2013

Projektkoordinator, Institution

Dr. habil. G. Melz

DIECKMANN Seeds GmbH & Co. KG, Nienstädt

Verbundpartner

Dr. B. Hackauf, Dipl.-Biol. M. Th. Goldfisch

Julius Kühn-Institut, Bundesforschungsinstitut für Kulturpflanzen, Institut für Züchtungsforschung an landwirtschaftlichen Kulturen, Groß Lüsewitz

Kurzfassung

Ziel

Winterroggen wird in Deutschland auf ca. 0,7 Mio. Hektar angebaut, wobei zwei Drittel dieser Fläche mit Hybridsorten bestellt werden. Etwa 80% der Roggenanbaufläche liegen auf reinen Sandböden oder lehmigen Sanden in Gebieten mit geringem Niederschlag (< 600 mm). Modellrechnungen zum Klimawandel zeigen, dass insbesondere die Hauptanbaugebiete des Roggens in Mitteldeutschland sowie in der Nordostdeutsche Tiefebene durch deutlich sinkende Sommerniederschläge und erheblich steigende Temperaturen betroffen sein werden, so dass der Anbau von Roggen in besonderem Maße trockenheitsgefährdet ist. Um die Ertragshöhe und -stabilität von Hybridroggen unter solchen Stressbedingungen zu verbessern hat dieses Projekt zum Ziel, durch innovative Selektionsstrategien und Veränderung der Pflanzenarchitektur die Wassernutzungs- und Nährstoffeffizienz bei Roggen zu steigern.

Realisierung

Bislang werden beim Anbau von Roggen Wachstumsregulatoren zur Erhöhung der Standfestigkeit und damit einer Sicherung des Kornertrages eingesetzt. Die Methode der Hybridzüchtung ist in einzigartiger Weise geeignet, das dominant vererbte Kurzstrohigkeitsgen *Dominant Dwarf1 (Ddw1)* für den allogamen Roggen nutzbar zu machen und homogen kurzstrohige Hybridsorten zu züchten. Über diesen genetischen Ansatz könnte bei Roggen das Potenzial kurzstrohiger Mutanten zur Steigerung der Flächenproduktivität analog zu selbstbefruchtenden Getreidearten wie Reis, Weizen und Triticale erschlossen

sen werden. Gemeinsam mit der erwünschten Verkürzung der Halmlänge sind jedoch auch züchterisch unerwünschte Merkmalsgene mit *Ddw1* assoziiert. Durch natürliche, zufällige Rekombination erfolgt in seltenen Fällen ein Aufbrechen solcher Genkomplexe. Im Rahmen des Projektes sollen über einen vergleichenden Ansatz der Genkartierung molekulare Selektionsmarker entwickelt werden, um günstige Rekombinanten zwischen *Ddw1* und unerwünschten Merkmalsgenen schnell und sicher zu erfassen. Darüber hinaus werden kurzstrohige Restorerlinien in den Jahren 2012 und 2013 in mehrortigen Feldversuchen im Hinblick auf ihre Testkreuzungsleistung unter Trockenstress evaluiert.

Ergebnisse

Spaltende $F_{2,4}$ bzw. $F_{2,5}$ -Familien aus der Kreuzung der beiden Linien R1620 (normalstrohig) und R347/1 (kurzstrohig) konnten sowohl im Freiland als auch unter Gewächshausbedingungen klar in zwei Gruppen - kleiner als 100 cm und größer als 110 cm - eingeteilt werden. In diesem Experimentalmaterial lässt sich ein 3:1-Verhältnis von kurzen und normalstrohigen Pflanzen feststellen. Dieses Spaltungsverhältnis erlaubt die Schlussfolgerung, dass die Halmlänge durch die Wirkung eines einzelnen, dominanten Gens reduziert wird. Unsere Beobachtungen stehen in sehr guter Übereinstimmung mit Ergebnissen einer früheren Studie zur Genetik von *Ddw1* (Korzun et al. 1996).

Ddw1 ist auf dem langen Arm von Chromosom 5R des Roggens lokalisiert (Korzun et al. 1996). Über einen vergleichenden Ansatz der Genkartierung (Hackauf & Wehling 2005, Hackauf et al. 2009, 2012) ist es uns im Rahmen des Projektes gelungen, die zu *Ddw1* orthologen Genombereiche in Reis und *Brachypodium distachyon* zu identifizieren und gezielt neue PCR-Marker für *Ddw1* zu entwickeln. In einem 77,5 cM großen Intervall auf Roggenchromosom 5RL konnten wir bislang 17 neue Marker relativ zu *Ddw1* kartieren. Zwei kodominant vererbte Marker flankieren *Ddw1* und ermöglichen es, die genetische Konstitution einer Pflanze an diesem Genort mit einer zuvor nicht möglichen Präzision zu bestimmen. Diese Markertechnologie wurde erfolgreich in die praktische Hybridroggenzüchtung zur Selektion kurzsstrohiger Restorerlinien transferiert.

(Geplante) Verwertung

Der Einsatz markergestützter Selektionstechniken zur Identifizierung homozygoter Kurzstrohlinien im Rückkreuzungsprozess wird die Effizienz von Hybridzuchtprogrammen bei Roggen substanziell erhöhen. Die in diesem Projekt entwickelten Marker tragen dazu bei, die mangelnde Adaptation des *Ddw1*-Donors insbesondere durch die Assoziation des züchterisch erwünschten Merkmals mit unerwünschten Genen züchtungsmethodisch effizient zu erfassen. Bei Triticale konnte die Standfestigkeit durch Einkreuzung von *Ddw1* signifikant verbessert werden (Banaszak 2011). Die in den Landessortenversuchen nachgewiesene Überlegenheit dieser kurzstrohigen Triticale-Sorten insbesondere auf Sandstandorten verspricht auch für den Roggen eine erfolgreiche Integration von *Ddw1* in die praktische Hybridzüchtung.

Literatur

Banaszak Z (2011) Breeding of Triticale in DANKO. Ber. 61. Tagung der Vereinigung der Pflanzenzüchter und Saatgutkaufleute Österreichs 2010, 65 – 68

Hackauf B, Wehling P (2005) Approaching the self-incompatibility locus Z in rye (*Secale cereale* L.) via comparative genetics. *Theor. Appl. Genet.* 110:832-845

Hackauf B, Rudd S, van der Voort JR, Miedaner T, Wehling P (2009) Comparative mapping of DNA sequences in rye (*Secale cereale* L.) in relation to the rice genome. *Theor. Appl. Genet.*, 118:371-384

Hackauf B, Korzun V, Wortmann H, Wilde P, Wehling P (2012) Development of conserved ortholog set markers linked to the restorer gene *Rfp1* in rye. *Mol. Breed.* Published online: 9 May 2012 (doi:10.1007/s11032-012-9736-5).

Korzun V, Melz G, Börner A (1996) RFLP mapping of the dwarfing (*Ddw1*) and hairy peduncle (*Hp*) genes on chromosome 5 of rye (*Secale cereale* L.). *Theor Appl Genet* 92:1073-1077

„Vorbereitung einer markergestützten Verbesserung der Trockenstress-Toleranz bei der Ackerbohne“**“Preparation of a marker-assisted improvement of the drought tolerance of faba bean”****Laufzeit**

01.02.2011 bis 31.01.2014

Projektkoordinator, Institution

Gemeinschaft zur Förderung der privaten deutschen Pflanzenzüchtung e.V. (GFP), Bonn

Verbundpartner

Gregor Welna, Prof. Dr. Wolfgang Link
Georg-August-Universität Göttingen, Department für Nutzpflanzenwissenschaften, Göttingen

Dr. Christiane Balko, Julius Kühn-Institut
Bundesforschungsinstitut für Kulturpflanzen, Institut für Resistenzforschung und Stresstoleranz, Lüsewitz

Über GFP beteiligte Züchter:

Dr. Olaf Sass
NPZ - Norddeutsche Pflanzenzucht Hans-Georg Lembke KG, Hohenlieth, Holtsee

Kurzfassung**Ziel**

Für den Anbau von Ackerbohnen spricht ihr Deckungsbeitrag zur Fruchtfolge und ihre Nachhaltigkeit (einheimisches Proteinfutter, phytosanitärer Fruchtfolge-Effekt, Unkrautunterdrückung, hohe N-Assimilation). Die Sommer-Ackerbohne leidet bei Fröhsommertrockenheit unter deutlichen Ertragseinbußen. In Frankreich und in Großbritannien werden Ackerbohnen auch als Winterung angebaut, wodurch sie von Trockenstress weniger stark und seltener betroffen ist. Aufgrund aktueller Resultate aus Forschung und Züchtung wird die Herbstsaat von Ackerbohnen auch für Deutschland realistisch.

Ziel des Verbundprojektes ist es, die genetischen Grundlagen des Merkmals Trockenstress-Toleranz zu analysieren und DNA-Marker für ein markergestütztes ‚Pre-Breeding‘ von trockenstress-toleranten Winter-Ackerbohnen zu entwickeln.

Realisierung

Es werden circa 2000 AFLP und 100 SNP mittels einer RIL-Population (K-Satz) kartiert. Außerdem werden diese Marker im sog. A-Satz dargestellt. Es stehen hierfür 200 homozygote Linien aus der der Göttinger Winter-Ackerbohnen-Population zur Verfügung. Die 11 Gründerlinien dieser Population werden ebenfalls untersucht. Es werden als relevante physiologische Parameter Membranstabilität, relatives Wasserdefizit, Prolingehalt, Glycinbetaingehalt, Gesamtgehalt löslicher Zucker, Chlorophyllgehalt studiert; zusätzlich an einer Stichprobe (V-Satz) von 40 Linien im Feld die Trockenstress-Toleranz (u.a. Kornertrag). Dazu werden an den Standorten Groß-Lüsewitz und Göttingen ‚Rain-Out-Shelter‘ benutzt. Außerdem wird am V-Satz die 13C-Diskriminierung studiert (Wassernutzungseffizienz). In Feldversuchen wird an diesem V-Satz die chemische Sikkation mit Kaliumjodid angewandt. Es soll geprüft werden, ob vergleichbar zu einschlägigen Resultaten bei Getreide die Ergebnisse für Trockenstress-Toleranz bei Körner-Leguminosen relevant sind. Idealerweise soll Aufschluss über genetische Unterschiede der Verlagerungseffizienz von Reserven in die Samen gewonnen werden.

Diese physiologische und Feld-basierte Phänotypisierung wird zusätzlich an zwei trockenstress-toleranten und zwei sensiblen Sommerbohnenlinien durchgeführt. Schlussendlich wird eine Assoziationsanalyse durchgeführt werden. Die wichtigsten markierten QTL sollen eine praxisrelevante, markergestützte Selektion auf verbesserte Trockenstress-Toleranz des Kornertrages erlauben, wobei der Fokus auf terminalem Trockenstress, nach Blühende und vor der physiologischen Reife liegt.

Tabelle 1: Übersicht des zeitlichen Ablaufes und Aufteilung der Teilaufgaben nach Standorten

	Jahr 1	Jahr 2	Jahr 3
WL, Göttingen			
1 Saatgutvermehrung (A- & K-Satz)	+ + + +	+ + + -	- - - -
2 Rain-Out-Shelter (V-Satz)	- - - +	+ + + -	- - - -
4 AFLP (A-Satz)	+ + + +	+ + + +	- - - -
5 AFLP (K-Satz)	- - - -	- - - +	+ + + -
7 Erstellung Kopplungskarte	-	-	- + + +
8 Datenanalyse, Publikation	-	+ + + +	+ + + +

	Jahr 1	Jahr 2	Jahr 3
CB, Groß Lüsewitz			
2 Rain-Out-Shelter (V-Satz)	+ + + +	+ + + -	- - - -
6 Physiologische Analysen (A-Satz)	- - - +	+ + - +	+ + - -
8 Datenanalyse, Publikation	- - - -	- - - -	- - + +
OS, Hohenlieth			
1 Saatgutvermehrung (A- & K-Satz)	+ + + +	+ + + -	- - -
3 Sikkationsversuche (V-Satz)	+ + + +	+ + + +	+ + + -

Ergebnisse

Es wurden bisher 50 Primerkombinationen labortechnisch am K- und A-Satz untersucht und in 36 Primerkombinationen 620 Polymorphismen im K-Satz lokalisiert. Die weiteren Analysen werden mit guten Erfolgsaussichten durchgeführt. Gegenwärtig stehen am NIAB, UK, circa 750 SNPs für Ackerbohne zur Verfügung. Zurzeit wird unser Material auf circa 190 davon, die kartierbar sind, analysiert. Diese SNPs sind aus Genen (*Medicago truncatula*) abgeleitet und damit für unsere Assoziationsanalyse von besonderem Wert.

In der Saison 2011 wurde in Göttingen ein Rain-Out-Shelter-Versuch durchgeführt. Die Kornerträge im Trockenstress variierten von 9,4 bis 18,9 g/Pfl. ($h^2=0,68$). Im Juli 2012 steht mit sehr guten Aussichten der zweite solche Versuch in Groß Lüsewitz in der Abreife. An beiden Standorten soll ein weiterer Versuch im Herbst 2012 angelegt werden. Die physiologischen Untersuchungen im Labor in Groß Lüsewitz laufen planmäßig. Bislang stammen die Resultate aus dem ersten Durchgang (Wiederholung im Herbst 2012). In den beiden Abbildung ist beispielhaft zu sehen, wie ohne Stress der Zuckergehalt im Blatt ein grobes Abbild ($r=0,60^{**}$) der (kleinen) genotypischen Unterschiede für Wassergehalt bzw. Trockensubstanzgehalt der Blätter ist; dagegen besteht dieser Zusammenhang im Stress nicht mehr. Ganz offensichtlich entsteht durch den Trockenstress eine große zusätzliche Variation im Wasser- und Zuckergehalt, wodurch der Raum für Stress-spezifische Effekte entsteht.

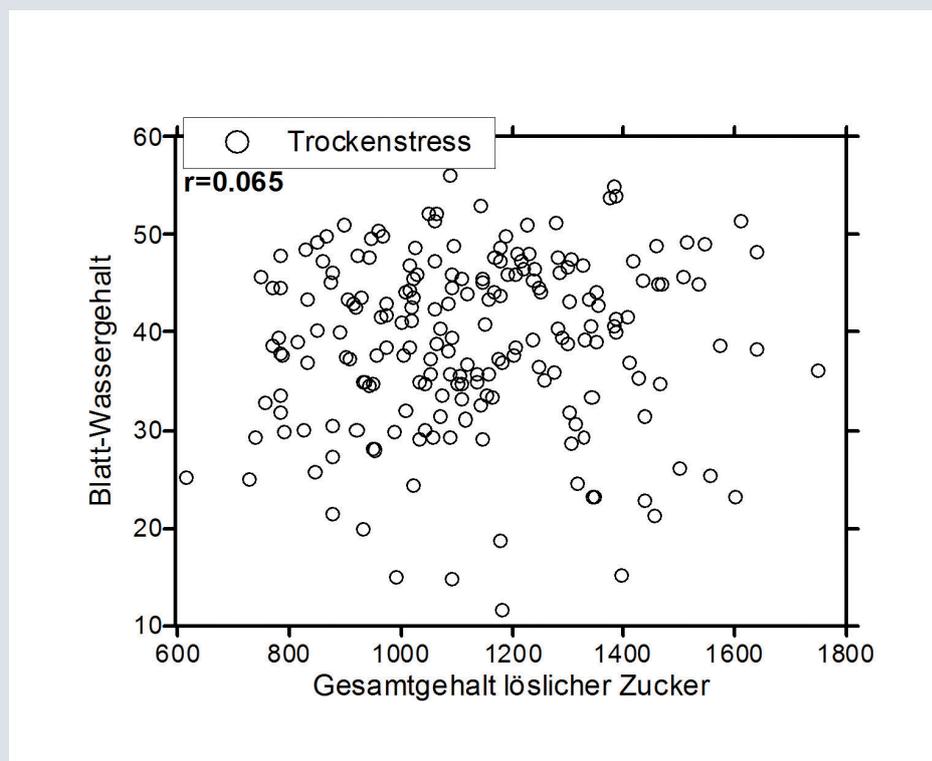
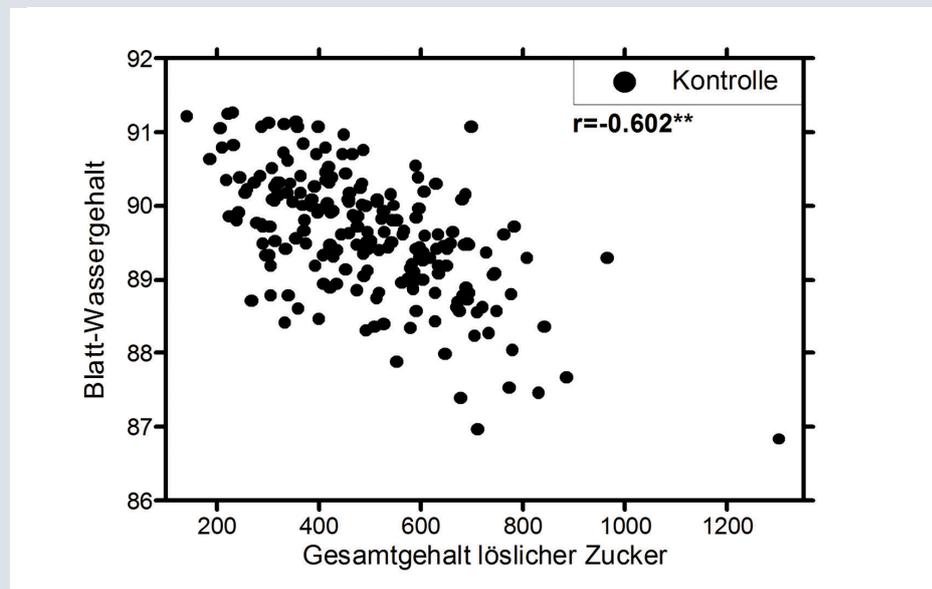


Abbildung 1: Zusammenhang zwischen Gesamtgehalt an löslichem Zucker [$\mu\text{mol eq. Glucose/g TM}$] und Blatt-Wassergehalt [%] in trocken-gestressten und ungestressten Jungpflanzen (Ackerbohnen, A-Satz). Die zugrunde liegenden Daten sind vorläufig (Stand Juli 2012).

Vorversuche zur Sikkation mit Kaliumjodid wurden an beiden Standorten durchgeführt. Die Ergebnisse des laufenden Jahres werden zeigen, ob mit dieser Behandlung weiter gearbeitet werden soll oder ob in der letzten Saison – wie im Antrag als Meilenstein definiert – ein entsprechender Ertragsversuch an Trockenstress-Standorten durchgeführt werden soll.

(Geplante) Verwertung

Die Resultate sind Markerdaten, tolerante Genotypen und grundsätzliche, methodische Erkenntnisse. In D betreibt gegenwärtig nur ein Züchterhaus Ackerbohnenzüchtung: NPZ Lembke, Wirtschaftspartner in diesem Verbundprojekt. Zur Verwertung trägt die jährlich Berichterstattung an die GFP-Abteilung ‚Öl- und Eiweißpflanzen‘ bei; die Mitgliedsunternehmen und Wissenschaftler sind anwesend; Mitarbeiter des BLE/BMELV sind eingeladen.

Die relevante Ackerbohnenfläche liegt in UK (ca. 180.000ha; Sommer- und Wintertyp). Der Wirtschaftspartner realisiert dort (und in F) den entscheidenden Saatgutabsatz. Die Landwirte sollen in der Trockenstress-Toleranz verbesserte Sorten angeboten bekommen, was einen Wettbewerbsvorteil für die deutsche Ackerbohnenzüchtung bedeutet. Im Zuge des Klimawandels werden solche Sorten auch im D und Nachbarländern zunehmend nachgefragt werden. Neue, erfolgreiche Sorten sind von wirtschaftlicher Bedeutung zur Sicherung von Wettbewerbsfähigkeit und von Arbeitsplätzen.

Wissenschaftliche Bedeutung:

Die hier angewandte Assoziationsstudie ist von größter Bedeutung für die Stellung dieser legumen Kulturart in der Züchtungsforschung. Für die Arbeitsgruppen in Göttingen und Groß Lüsewitz bedeutet es, dass ihre Stellung in dieser Thematik ausgebaut wird, eine unabdingbare Voraussetzung dafür, in Zukunft weiterhin Forschungsmittel einzuwerben.

„Hitze stress bei Mais – Einsatz neuer Methoden zur züchterischen Verbesserung der Toleranz“

“Improving heat tolerance of maize - Identification of molecular markers and candidate genes”

Laufzeit

01.05.2011 bis 30.04.2014

Projektkoordinator, Institution

Gemeinschaft zur Förderung der privaten deutschen Pflanzenzüchtung e.V. (GFP), Bonn

Verbundpartner

PD Dr. Benjamin Stich, Felix Frey
Max-Planck-Institut für Pflanzenzüchtungsforschung, Köln

Über GFP beteiligte Züchter:

KWS SAAT AG
Limagrain Deutschland GmbH

Kurzfassung

Ziel

Das Projekt zielt ab auf die Entdeckung der genetischen Grundlagen für die züchterische Verbesserung der Hitzetoleranz im Jugend- und Adultstadium.

In Teilbereich (I) sollen Kandidatengene für Hitzetoleranz durch Transkriptom-Analysen gefunden werden. In (II) bzw. (III) sollen spaltende Populationen in Klimakammern bzw. unter Feldbedingungen bei Hitze stress getestet werden. Die Ergebnisse werden zusammen mit genotypischen Daten verwendet, um eine QTL-Karte zu erstellen und Genomabschnitte, die zur Variation von Hitzetoleranz beitragen, zu identifizieren.

Realisierung

(I) Acht Maisinzuchtlinien wurden in Klimakammern am Max-Planck-Institut unter drei verschiedenen Temperatur-Regimes, 25°C, 32°C und 38°C getestet. Die phänotypischen Daten (Merkmale s. Tabelle 1) wurden mithilfe des Programms ASREML ausgewertet.

In jeder der drei Umwelten wurden Blattproben von jeder der acht Maisinzuchtlinien genommen. Jeweils fünf der zehn Wiederholungen wurden vereinigt und daraus die RNA extrahiert. Anschließend wurden im Max Planck Genome Center Cologne acht

Bibliotheken mit jeweils sechs individuell markierten Proben erzeugt, die anschließend sequenziert wurden. Die Transkriptomsequenzen werden mithilfe der Anwendungen bowtie2, tophat, cufflinks und cummeRbund ausgewertet.

(II) Die sechs spaltenden Populationen mit insgesamt 608 Genotypen wurden aus den oben genannten acht Inzuchtlinien erzeugt. Die Genotypen wurden als Einzelpflanzen in einer Standard-Umwelt (25°C tags/ 20°C nachts) mit drei Wiederholungen in einer Klimakammer getestet. Nach drei Wochen Wachstum wurde das Frisch- und Trockengewicht sowie die Länge des vierten Blatts, die Pflanzenhöhe und die Anzahl der Blätter bestimmt. Außerdem wurde der Grüngelhalt (SPAD-Wert) der Blätter, eine Seneszenz-Bonitur, eine Bonitur auf vertrocknete junge Blätter und die Blattwachstumsrate aufgenommen.

(III) Die Feldversuche für die spaltenden Populationen wurden 2012 an den vier Züchterstandorten ausgesät. Die Versuche finden in Einbeck (KWS) und Greven (Limagrain) als Standard-Umwelten und in Monselice-Italien (KWS) und in Zsombó-Ungarn (Limagrain) als Hitzestandorte statt. Datalogger wurden an den Standorten angebracht, um die Temperatur und Luftfeuchtigkeit aufzuzeichnen. Zusätzlich können Niederschlagsdaten von nahen Wetterstationen benutzt werden.

Ergebnisse

(I) Die Wiederholbarkeiten (Tabelle 1) sind für alle Merkmale moderat bis hoch und liegen zwischen 0.59 und 0.95. Unter Hitzestress werden erhöhte Wiederholbarkeiten erreicht, da die genotypische Varianz erhöht ist und den Einfluss der Fehlervarianz verringert.

Die Genotypen, Pools und Umwelten unterscheiden sich für die meisten Merkmale signifikant (Tabelle 2) voneinander. Außerdem sind die Rangfolge der Genotypen bzw. Pools in den drei Umwelten unterschiedlich, was auf unterschiedliche Hitzetoleranzreaktionen hinweist.

Es können außerdem eher hitzetolerante und eher hitzesensitive Genotypen unterschieden werden. Erstere büßen bei starkem Hitzestress nur die Hälfte ihres Trockengewichts ein, während Letztere bis zu 90% an Trockenmasse bei Hitzestress verlieren.

Die morphologischen Merkmale wie Pflanzenhöhe und Trockengewicht sind nicht oder negativ mit den physiologischen Merkmalen wie SPAD und Fluoreszenzwerten korreliert, was ein Erheben beider Merkmalsarten vorteilhaft erscheinen lässt.

Die RNA-Sequenzierung ergab zwischen 20 bis 45 Mio. RNA-Abschnitten pro Probe. Bei nachgelagerter Auswertung mussten durchschnittlich lediglich 10% der Sequenzen als qualitativ minderwertig verworfen.

Merkmal	Genotyp-Effekte			Pool-Effekte		
	G	E	G x E	P	E	P x E
Fläche über der Fluoreszenz-Kurve	<.001	<.001	<.001	0.570	<.001	0.039
Fluoreszenz-Leistungs-Index	<.001	<.001	<.001	<.001	<.001	0.473

(II) Die Wiederholbarkeiten in der Standardumwelt liegen zwischen 0.49 und 0.83. Die morphologischen Merkmale sind, wie im Versuch mit den Eltern-Inzuchtlinien (I), mit den physiologischen Merkmalen (Mittelwert und Maximum des Grüngehalts) meist negativ korreliert.

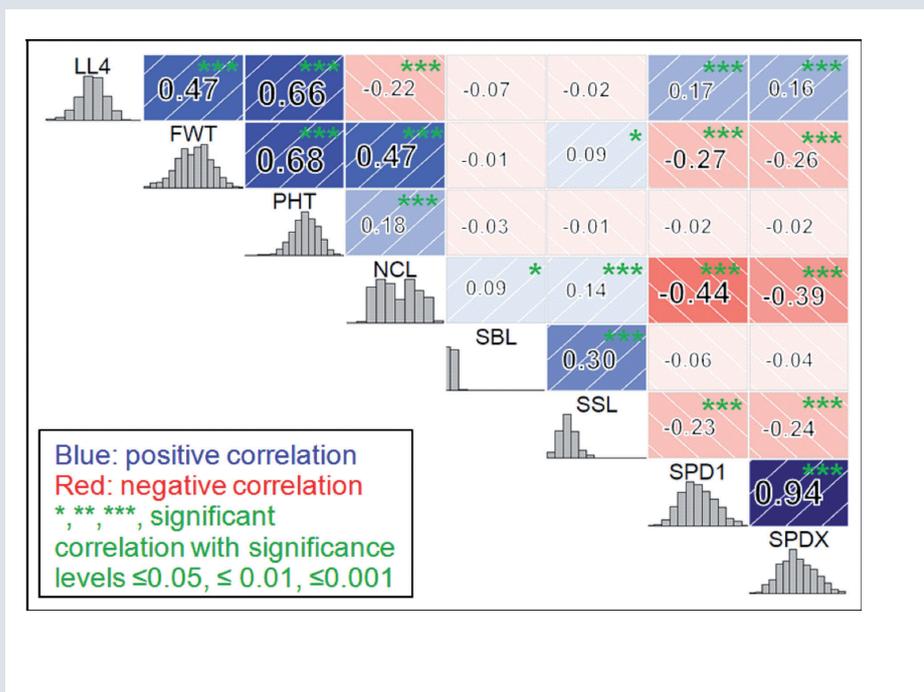


Abbildung 1: Korrelogramm der Merkmale für die spaltenden Populationen im Klimakammerversuch bei Standardtemperatur LL4, Blattlänge des 4. Blattes; FWT, Frischgewicht; PHT, Pflanzenhöhe; NCL, Anzahl der Blätter pro Pflanze; SBL, Bonitur auf verbrannte Blätter; SSL, Seneszenz-Bonitur; SPD1, Mittelwert des Grünwert eines Blattes; SPD1, Maximaler Grünwert eines Blattes

(III) Aus bisherigen Ergebnissen über die Feldversuche lässt sich aussagen, dass genotypische Variation für Hitzestress vorliegt, sodass die Ergebnisse für weiterführende Analysen verwendet werden können.

Zusammenfassend erschließt sich aus diesen Ergebnissen, dass genotypische Variation für Hitzetoleranz in vorliegendem Material vorhanden ist und somit die Identifikation von Genen für Hitzetoleranz durch RNA-Sequenzierung und Segregationsanalyse erfolgsversprechend ist.

(Geplante) Verwertung

Die Ergebnisse des Projekts werden den Züchtungspartnern zur Verfügung gestellt und die Züchtung hitzetoleranter Maissorten vereinfachen.

„Integration innovativer Methoden zur Resistenzpyramidisierung und Charakterisierung von Trockentoleranz in der Gattung *Lolium* mit dem Ziel der Entwicklung klimaangepasster Futterpflanzensorten (ReTroLo)“

“Development of forage grass varieties adapted to climate change through integration of innovative methods to characterizing drought tolerance and stem rust resistance, and pyramiding resistance genes in *Lolium* species”

Laufzeit

01.02.2011 bis 31.01.2014

Projektkoordinator, Institution

Dr. Bernhard Saal
Saatzucht Steinach GmbH & Co KG, Steinach

Verbundpartner

Dr. Peter Winter
GenXPro GmbH, Frankfurt

Dr. Fritz Huber
LipoFIT Analytik GmbH, Regensburg

PD Dr. Christine Struck,
Universität Rostock, Faculty of Agricultural and Environmental Sciences,
Institute for Land Use

Dr. Brigitte Ruge-Wehling
Julius Kühn-Institut, Bundesforschungsinstitut für Kulturpflanzen, Institut
für Züchtungsforschung an landwirtschaftlichen Kulturen, Groß Lüsewitz

Kurzfassung

Ziel

Mit Hilfe von innovativen zuchtmethodischen, molekularen und biophysikalischen Verfahren sollen Futterpflanzensorten der Gattung *Lolium* mit verbesserter Anpassungsfähigkeit an klimabedingte Umwelt- und Nutzungsänderungen entwickelt werden. Neben der Aufklärung von Resistenzmechanismen gegen den Schwarzrost liegt ein Ziel in der Pyramidisierung von Resistenzgenen gegen Schwarzrost, Kronenrost und Bakterienwelke in einer kurzlebigen, selbstbefruchtenden Weidelgrasart. Eine Rückübertragung des Resistenzpakets in Elite-Zuchtmaterial erfolgt unter Einsatz eines Genomsequenzierverfahrens. Ein weiteres Ziel besteht in der molekularen und metabolischen Charak-

terisierung der Trockenstresstoleranz. Spaltende Populationen bzw. differenzierende Merkmals-Pools stellen das Ausgangsmaterial für die Transkriptomanalyse und für Stoffwechselsignaturen dar, um Marker für biotischen und abiotischen Stress aufzudecken und züchterisch nutzbar zu machen.

Realisierung

Aufbau und Phänotypisierung des differenzierenden Pflanzenmaterials sowie die Abgabe des Probenmaterials an die übrigen Projektpartner erfolgen im Zuchtbetrieb, ebenso die Art-Kreuzungen mit *Lolium temulentum*, welches als Brückenart für die Kombination von Resistenzgenen dient. Die Genomanteile im Rahmen des Rückkreuzungsprogramms werden mit Hilfe des RCGS-Verfahrens (Reduced Complexity Genomic Sequencing) abgeschätzt. Zur Charakterisierung der Schwarzrostresistenz werden Sporen unterschiedlicher Herkunft gesammelt und die Interaktion zwischen *Puccinia graminis* subsp. *graminicola* und *Lolium perenne* histologisch und mikroskopisch analysiert. Die differenzielle Genexpression in resistenten bzw. anfälligen Genotypen wird mittels MACE (Massive Analysis of cDNA Ends), normalisierter cDNAs und qRT-PCR untersucht. Stoffwechselprofile werden mittels NMR (Kernmagnetresonanzspektroskopie) erzeugt. Mit beiden Verfahren werden auch Unterschiede auf Transkriptom- und Metabolomebene in der Reaktion auf Trockenstress erfasst.

Ergebnisse

Pflanzenmaterial für alle Fragestellungen wurde auf der Basis von Vorkenntnissen, Resistenztests und DNA-Markeranalysen ausgewählt. Es liegen jeweils eine Quelle für die Schwarzrost- und bakterielle Welkeresistenz, sowie zwei Quellen für Kronenrostresistenz vor. Für drei Resistenzgene wurden gekoppelte Marker erfolgreich angewendet. Nach anfänglichen Problemen mit der Vernalisation und Blühsynchronisation konnten von 6 Kreuzungen erste Arthybriden *L. temulentum* x *perenne* nach Embryo Rescue erhalten werden. Ein erster RCGS-Lauf mit 9 verschiedenen *Lolium*- und verwandten Arten erzeugte je nach Art zwischen 133.000 und 400.000 nutzbare RCGS-Sequenzen. Bei einem Vergleich zwischen jeweils zwei Arten wurden mindestens 60.000 Sequenzunterschiede ermittelt.

114 Genotypen von *L. perenne* wurden per Blattsegmenttest hinsichtlich Schwarzrostresistenz gesichtet. Das Screening erfolgte mit Isolaten aus Nord- und Süddeutschland und einem Isolat aus Oregon (USA). 51% der Genotypen waren gegenüber den getesteten Isolaten anfällig, die übrigen Genotypen reagierten mit moderater bis hochgradiger Resistenz. Ein Genotyp war gegen alle getesteten Isolate vollständig resistent. Für mikroskopische Untersuchungen wurden Einsporlinien eines jeden Isolats hergestellt und Blattsegmente inokuliert. Erste substomatale Vesikel konnten 3 d.p.i. nachgewiesen werden. Während sich in anfälligen Genotypen der Pilz rasch entwickelte und 10 d.p.i. erste Sporenlager ausbildete, stoppte die Infektion im vollständig resistenten Genotyp zwischen 3 und 4 d.p.i. nach Bildung von Infektionshyphen und ersten Haustorien. MACE wurde mit anfälligen und resistenten Bulks zu 4 Zeitpunkten an Blattsegmenten durchgeführt. Auf der Basis von 120.000 Tags werden etwa 10.000 Gene differenziell exprimiert (resistent vs. anfällig, inokuliert vs. nicht inokuliert). Für die NMR-Analytik

wurden zunächst Verfahren zur Extraktion und Messung der Proben erarbeitet und optimiert. Die daraus entwickelte Standardmethodik erlaubt optimale Informationsausbeuten und die effektive Bearbeitung einer hohen Probenzahl. Erste Analysen zur Beschreibung von Resistenzmechanismen in inokulierten Pflanzen gaben deutliche Hinweise auf Unterschiede im Stoffwechselprofil zwischen resistenten und anfälligen Genotypen.

„Entwicklung eines Versuchsstandes und Testung von Phänotypisierungs-Verfahren zum zuverlässigen Screening von Zierpflanzen-Genotypen hinsichtlich einer kombinierten Trocken- und Strahlungstoleranz“

“Development of an experimental setup and evaluation of phenotyping procedures for a reliable screening of ornamental genotypes regarding a combined drought- and irradiation tolerance”

Laufzeit

01.04.2011 bis 30.09.2014

Projektkoordinator, Institution

Dr. Robert Boehm
Klemm & Sohn GmbH & Co KG, Stuttgart

Verbundpartner

Dr. Heinz-Dieter Molitor
Zierpflanzenbau, Forschungsanstalt Geisenheim

PD Dr. Heike Schneider
IBG-2, Forschungszentrum Jülich

Kurzfassung**Ziel**

Ziel des vorliegenden Projektes ist es, unter Verwendung eines speziell zu entwickelnden Versuchsstandes zuverlässige Phänotypisierungsmethoden zu entwickeln und auszuwerten, mit deren Hilfe Zierpflanzen-Genotypen hinsichtlich einer kombinierten Trocken- und Strahlungstoleranz geprüft und kategorisiert werden können. Als kommerziell wichtige Zierpflanzenart mit gleichzeitigem Modellcharakter wurde die Petunie (*Petunia hybrida*) für dieses Projekt ausgewählt. Um eine zuverlässige Prognose für die Feldtauglichkeit des untersuchten Pflanzenmaterials durch das zu entwickelnde Screening-

Konzept erreichen zu können, muss bei der Entwicklung des Versuchsstandes besonderes Augenmerk auf die Realisierung naturnaher Prüfbedingungen gelegt werden. Auf Basis von vergleichenden Untersuchungen sollen ein oder wenige Parameter identifiziert werden, anhand derer zuverlässig eine kombinierte Trocken- und Strahlungsstresstoleranz erkannt und nach Möglichkeit quantitativ bewertet werden kann. Für die anschließende Selektion müssen passende Messtechniken identifiziert, validiert und mit dem Versuchsstand kombiniert werden. Abschließend müssen Messroutinen für eine leichte und zuverlässige Detektion dieser Parameter für die kombinierte Stresstoleranz realisiert und in der Praxis evaluiert werden.

Realisierung

Am Projektbeginn stand die Entwicklung technischer und methodischer Konzepte zur Pflanzenanzucht bei differenziertem Wasser- und Strahlungsangebot (Konditionierung). Nachfolgend wurde das unterschiedlich konditionierte Pflanzenmaterial verschiedenen Trocken- und Strahlungsstressbedingungen ausgesetzt, um das Auftreten physiologischer und morphologischer Stressreaktionen hervorzurufen. Diese Reaktionen wurden von physiologischen, biochemischen und morphologischen Analysen begleitet, um Mechanismen der Trocken- und Strahlungsstresstoleranz getrennt identifizieren und untersuchen zu können. Parallel dazu wurde 2012 das konditionierte Pflanzenmaterial in einem Kunstlichtprüfstand zeitgleich einem Trocken- und Strahlungsstress unterzogen. Die im Kunstlichtprüfstand charakterisierten Reaktionsmuster wurden mit denen von Pflanzen unter Prüffeldbedingungen (Freiland) verglichen, um daraus sukzessiv realitätsgerechte und sichere Stressindikatoren abzuleiten. Der entwickelte Prüfstand wird beim Industriepartner Klemm & Sohn GmbH auf seine Praxistauglichkeit hin getestet und über die Projektzeit weiterentwickelt.

Ergebnisse

Im ersten Jahr des Projektes (2011) standen die Auswahl von Modellsorten mit stark kontrastierenden Eigenschaften hinsichtlich ihrer Strahlungs- und Trockenstresstoleranz, die Charakterisierung von Stresssymptomen und die Testung potenzieller Versuchsstände zur reproduzierbaren Applikation von Trocken- und Strahlungsstress im Vordergrund der Bearbeitung.

Im Rahmen von zwei aufeinander folgenden Vegetationsversuchen mit einer differenzierten Anzuchtphase und einer nachfolgenden Stressapplikation im Freiland beziehungsweise im Gewächshaus konnten in Geisenheim Petuniensorten identifiziert werden, die sich in ihrer Trockenstresstoleranz voneinander unterscheiden.

Als Reaktion auf Strahlungs- und/oder Trockenstressbedingungen traten bei Petunien Welke und oberflächliche Aufhellungen, die sich in Nekrosen weiterentwickelten auf. Des Weiteren wurden bei blauen und rosa farbigen Sorten Anthocyanverfärbungen der Blätter und Stiele beobachtet, die aber nicht als Schadsymptome, sondern als Anpassungsreaktionen eingeordnet werden. Während Welken in 2011 sowohl im Gewächshaus wie auch im Freiland auftraten, waren in 2012 die beschriebenen Aufhellungen auf Varianten mit Freilandstress begrenzt. Wegen der UV-Licht hemmenden Glaseindeckung

von Gewächshäusern werden die ausschließlich im Freiland aufgetretenen Symptome als spezifische Strahlungsstressreaktionen definiert.

Ausblick:

In der 2. Hälfte 2012 soll versucht werden, die verschiedene Symptome zu systematisieren und quantifizieren und daraus Boniturschemata zu entwickeln. Die Gestaltung reproduzierbarer und termingerechter Trocken- und Strahlungsstressbedingungen im Freiland erwies sich unter den problematischen Witterungsverhältnissen des Sommers 2011 als schwierig. Darüber hinaus war zu erkennen, dass die unter Gewächshausbedingungen erzielte Ergebnisse auf Grund stark abweichender Klimabedingungen nur schwach mit den Ergebnissen der Freilands korrespondieren. In 2012 soll daher versucht werden mit Hilfe von „Rain-Sheltern“ freilandnähere Bedingungen erzeugt werden.

Auch die Gestaltung reproduzierbarer Trockenstressbedingungen im Rahmen von Dehydrierungsexperimenten muss derzeit noch als unbefriedigend eingestuft werden, da Genotypen mit großer Biomasse früher und länger unter kritische Trockenstressbedingungen gelangen als schwachwüchsige Genotypen und somit bei der Bonitur benachteiligt werden. Als Ausweg wird 2012 ein gravimetrisches Konzept getestet, bei dem alle Genotypen Strahlungsstress und zwei definierten Wasserregimen ausgesetzt werden.

Für die Gestaltung des Kunstlichtprüfstandes wurde 2012 ein erster Prototyp bei allen Projektpartnern installiert. Die Anzucht des Pflanzenmaterials für die Kunstlichttests erfolgte in Geisenheim unter standardisierten Bedingungen (Schattiersollwert 40 klx, Bewässerungsschwellenwert 150 hPa). Nachfolgend wurde das vorkonditionierte Material an die Projektpartner verteilt. In ersten Tests mit begrenzter Sortenzahl konnten bei allen Projektpartnern unter Kunstlichtbedingungen ähnliche Symptome erzeugt werden wie unter Freilandbedingungen. Die Entwicklung eines Witterungsunabhängigen Prüfstandes zur Testung auf Trocken- und Strahlungsstress erscheint demnach als aussichtsreich.

(Geplante) Verwertung

Der erarbeitete Prüfstand schafft für den Züchtungspartner Voraussetzungen für eine effiziente und praxisgerechte Kategorisierung von Petunien-Genotypen auf Trocken- und Strahlungsstresstoleranz. Er erweitert damit die Einsatzbereiche für diese Pflanzenart und verbessert die Wettbewerbsbedingungen im globalen Markt. Es wird angenommen, dass die für Petunien erarbeiteten Prüfbedingungen mit geringem experimentellem Aufwand auch an andere Pflanzenarten angepasst werden können und somit nachfolgend für einen größeren Kreis deutscher Zierpflanzenzüchter zur Verfügung stehen. Der Prüfstand kann auch dazu genutzt werden Konzepte zur Stressanpassung durch Kulturmaßnahmen zu erarbeiten und dazu beitragen die Produktionsbedingungen im Hinblick auf eine höhere Stresstoleranz zu optimieren.

„Markergestützte Züchtung von Chrysanthemen zur Verbesserung der Pflanzenarchitektur und der Blütengröße“

“Marker assisted selection of chrysanthemum for the improvement of plant architecture and flower size”

Laufzeit

01.06.2010 bis 31.05.2013

Projektkoordinator, Institution

Prof. Dr. Thomas Debener, Dr. Marcus Linde, MSc Maik Klie
Leibniz Universität Hannover - Institut für Pflanzengenetik - Abteilung
Molekulare Pflanzenzüchtung, Hannover

Verbundpartner

Hubert Brandkamp, Dr. Gisela Fischer-Klüver
Hubert Brandkamp Jungpflanzen Gärtnerei, Isselburg-Anholt

Kurzfassung

Ziel

Chrysanthemen sind eine der wichtigsten Zierpflanzengruppen weltweit, die vom globalen Umsatzwert nur von Rosen übertroffen werden.

Als Hauptselektionskriterien sind bei Schnittchrysanthemen neben der Blütenfarbe, die Blütenform, Größe der Blüte und die Länge und Stabilität des Blütenstiels anzusehen. Diese Merkmale werden in hohem Maße durch die Anzahl und Ausbildung von Seitenknospen beeinflusst. Im Rahmen des dreijährigen Verbundprojekts steht die Verbesserung dieser komplexen pflanzlichen Eigenschaften. Dazu sollen deren genetische Grundlagen mit Hilfe molekularer Marker in den hexaploiden Chrysanthemensorten untersucht werden.

Realisierung

Als Basis für die Erstellung molekularer Marker mit Kopplung an die beiden Merkmalskomplexe Verzweigung und Blüte wurde das Mutterpflanzensortiment der Firma Hubert Brandkamp Jungpflanzen Gärtnerei zusammen mit einer Auswahl von Genotypen der aktuell im Markt vorhandenen Sorten aus verschiedenen Ländern auf deren genetische Diversität mit Hilfe von AFLP-Markern untersucht und alle Genotypen für wichtige phänotypische Merkmale charakterisiert.

Für die markergestützte Analyse der Blütengröße und Sprossverzweigung wurden zwei Populationen mit ausreichender Anzahl von Genotypen hergestellt. Die Population PH.S10.2 umfasst 159 F1-Individuen und die Population MK11/3 besteht aus 160 Nachkommen. Beide Populationen wurden in je drei Replikaten randomisiert aufgepflanzt und für beide Merkmale bonitiert und anschließend die DNA der Individuen extrahiert.

Aufgrund der ermittelten Aufspaltungen wurden getrennte Bulks für die Blütengröße und Verzweigungsneigung mit der Population MK11/3 und für die Verzweigungsneigung mit der Population PH.S10.2 für eine „Bulked-Segregant-Analyse“ (BSA) gebildet.

Zur Validierung der Marker wurde zudem eine weitere Population mit ca. 400 Nachkommen hergestellt und aktuell in je drei Replikaten randomisiert ausgepflanzt. Sie wird ebenfalls anschließend für die beiden Merkmale bonitiert und ihre DNA extrahiert.

Ergebnisse

Auf das Diversitätsset von 81 Chrysanthemengenotypen wurden 448 AFLP Marker angewendet. Die mittlere paarweise genetische Distanz (Jaccard) zwischen den verwendeten Schnitt-, Topf- und Gartenchrysanthemen ist mit einem Wert von 0,31 relativ gering. Das mit einem Neighbour Joining Clustering erstellte Dendrogramm zeigte drei große Gruppen. Diese Gruppierung zeigte keine Übereinstimmung mit der Herkunft, dem Verwendungszweck (Schnitt-, Topf- und Gartenchrysanthemen) oder wichtigen phänotypischen Merkmalen. Diese Baumstruktur konnte durch Bootstrapanalysen nicht unterstützt werden (Abb. 1). Durch eine Analyse der Markerabsättigung mittels eines Bootstrapverfahrens konnte gezeigt werden, dass die 448 AFLP Marker ausreichend für eine genaue Abschätzung der genetischen Distanz sind. Die niedrigen Bootstrapwerte für das Dendrogramm sind daher auf die komplexe Züchtungsgeschichte der Sorten, mit Rückkreuzungen und intensivem Austausch von Genotypen zwischen den Pflanzenzüchtungsfirmen zurück zu führen.

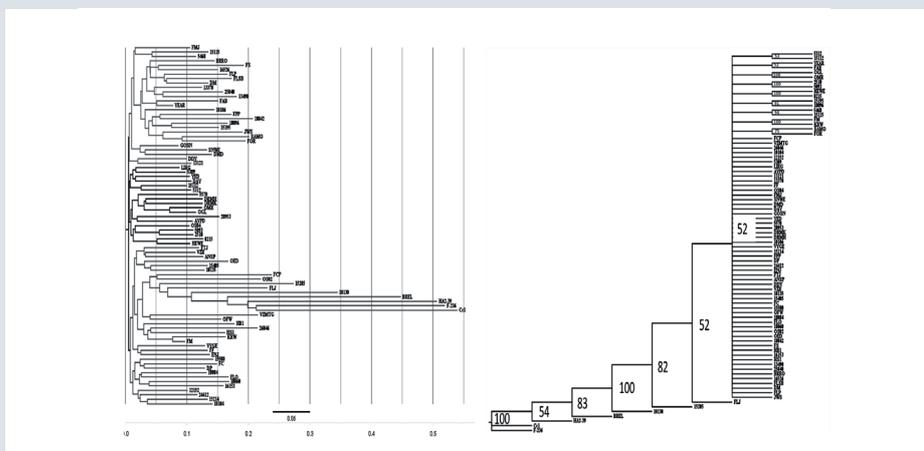


Abbildung 1: a) Neighbour-Joining Dendrogramm nach Jaccard Distanzen von 76 *C. indicum* Sorten und 5 Chrysanthemenarten beruhend auf 448 polymorphen AFLP Markern. Die drei Gruppen sind durch Nummern gekennzeichnet (I-III). b) Majority-rule Consensus Baum aus 1000 Bootstrap Replikaten. Bootstrapwerte >50% sind wiedergegeben.

Das Merkmal Blütengröße wurde bislang mit 60 Primerkombinationen in einer BSA untersucht. Davon haben die am engsten gekoppelten Marker eine Rekombinationsfrequenz von 0 bis maximal 25%.

Für das Merkmal Sprossverzweigung wurden für die Population PH.S10.2 bisher 296 AFLP-Primerkombinationen und für die Population MK11/3 260 Kombinationen getestet, aus denen Marker mit einer Rekombinationsfrequenz von minimal 12-15% hervorgegangen sind.

Diese Marker, wie auch die an die Blütengröße gekoppelten, werden zurzeit in einfacher anzuwendende und potentiell übertragbare SCAR oder CAPS Marker umgewandelt.

(Geplante) Verwertung

Die Daten aus der Diversitätsanalyse des Sortenpools können schon sofort durch die Firma Brandkamp genutzt werden. Da sich in den Analysen eine recht geringe Diversität zwischen den verwendeten Sorten der Firma Brandkamp zeigte, sollte der Kreuzungspool der Firma durch genetisch verschiedene Genotypen aus nichteuropäischen Zuchtprogrammen oder durch Einkreuzen von Wildarten erweitert werden. Dadurch kann das Spektrum unterschiedlicher Phänotypen in nachfolgenden Kreuzungsprogrammen deutlich erhöht werden, was zu einer Selektion neuer Sorten mit neuartigen Phänotypen bei der Firma Brandkamp führen könnte.

Die wenig verzweigenden Individuen der beiden Populationen werden weiter untereinander gekreuzt um die positiven Allele für dieses Merkmal zu kombinieren. Diese Kreuzungen dienen somit der Züchtung von sehr wenig verzweigenden Genotypen für eine mögliche Sortenentwicklung ab Herbst 2012.

Die Ergebnisse zur Untersuchung der genetischen und phänotypischen Diversität bei den Chrysanthemen kann in Form einer Datenbank hinterlegt werden. Diese Daten können auch für den Aufbau einer Genotypensammlung von Chrysanthemum für die Deutsche Genbank Zierpflanzen genutzt werden. Teile der bisherigen Ergebnisse zur genetischen Diversität wurden bereits als Poster publiziert und können innerhalb der Projektlaufzeit in einer Fachzeitschrift veröffentlicht werden.

Die aus der Bulk Segregant Analyse entwickelten molekularen Marker können für die Entwicklung innovativer und effektiver Methoden für die Züchtung großblumiger Topf- und Schnittchrysanthemen, die eine geringe Neigung zur Seitentriebbildung haben, genutzt werden.

„Entwicklung effizienter Hochdurchsatz-(HT)-Verfahren zur Selektion von Rebsorten mit hoher Säurestabilität in der Rebenzüchtung“

“Development of efficient high throughput (HT) techniques for selection of grapevine cultivars with high acid stability”

Laufzeit

01.01.2011 bis 31.12.2013

Projektkoordinator, Institution

Prof. Dr. Ernst Rühl & Dr. Oliver Bitz

Forschungsanstalt Geisenheim am Rhein, Fachgebiet Rebenzüchtung und Rebenveredlung, Geisenheim

Verbundpartner

Dir. u. Prof. Dr. Reinhard Töpfer & Dr. Florian Schwander

Julius Kühn-Institut, Institut für Rebenzüchtung Geilweilerhof, Siebeldingen

Unterstützer:

Gemeinschaft zur Förderung der Privaten Pflanzenzüchtung
Reinhard und Helmut Antes GdB

Weingut Kurt Dautermann

Weingut Markus Drautz-Abele

Weingut Kurt Georg Freund

Weingut Wilhelm Gabel

Weingut Dr. Heyden

Rebenveredlung Alois Huber

Weingut Adam Hulbert

Weingut Andreas Lehnen

Weingut Karl Hermann Mohr

Weingut Alexander Räch

Weingut Gregor u. Thomas Schätzle.

Kurzfassung

Ziel

Zur Herstellung von Qualitätsweinen ist ein ausgewogenes Säureniveau im Lesegut erforderlich. Insbesondere bei Weißweinsorten führt ein Säuremangel zu flachen, unausgewogenen Weinen. Dieses Problem wird durch wärmere und trockenere Vegetationsperioden, wie sie vor dem Hintergrund des Klimawandels in den letzten Jahren auch in

deutschen Anbaubereichen aufgetreten sind, verschärft. Daraus resultiert ein verstärkter Säureabbau. Bei einer geringeren Konzentration der Wein- und Äpfelsäure in den Beeren steigt deren pH-Wert an, einem wichtigen Faktor, um eine Besiedelung vor allem durch schädliche Bakterien zu verhindern.

Damit die Auswirkungen des Klimawandels auf den Weinbau bei der Züchtung neuer Rebsorten berücksichtigt werden kann, soll das wichtige Qualitätsmerkmal der Säurebildung erfasst werden, um es bei der Selektion im Zuchtmaterial berücksichtigen zu können. Dies kann durch die Entwicklung merkmalsgekoppelter molekularer Marker erfolgen. Der Einsatz solcher umweltunabhängigen genetischen Marker an der DNA junger Keimlinge erlaubt eine frühzeitige und genaue Identifikation geeigneter Pflanzen. Dieser, als markergestützte Selektion (MAS) bezeichnete Vorgang, kann in der Rebenzüchtung zu einer Verkürzung der Zuchtdauer um bis zu 10 Jahre führen. Auch in der Klonenzüchtung können solche Marker zur standort- und umweltunabhängigen Identifizierung von säurereichen und spätreifenden Klonen eingesetzt werden. Das Ziel besteht darin, neue Rebsorten und -klone, welche eine optimale Säurestruktur ausbilden, zur Verfügung zu stellen, damit auch bei veränderten Klimabedingungen die Produktion hoher Weinqualitäten gewährleistet ist.

Realisierung

Das Forschungsprojekt umfasst drei Teilvorhaben, bei denen (1) Merkmale der Traubenqualität sowie -gesundheit erfasst und auf Grundlage einer Genomsequenzierung feinkartiert werden, um sehr eng gekoppelte Marker zu identifizieren (Arbeiten am JKI, Geilweilerhof), (2) das Gen für ein wichtiges Enzym im Weinsäurestoffwechsel, L-Idonatehydrogenase (L-IdnDH), welches durch vergleichende Sequenzierung und Expressionsanalyse näher untersucht wird; mittels Expressionsstudien sollen weitere Kandidatengene identifiziert werden (Arbeiten an der Forschungsanstalt Geisenheim) und (3) die Anwendung der erarbeiteten Untersuchungsmethoden an Edelreissorten, -klonen und Unterlagsrebsorten der beteiligten Wirtschaftspartner (Weinbau-, Veredlungs- bzw. Zuchtbetriebe).

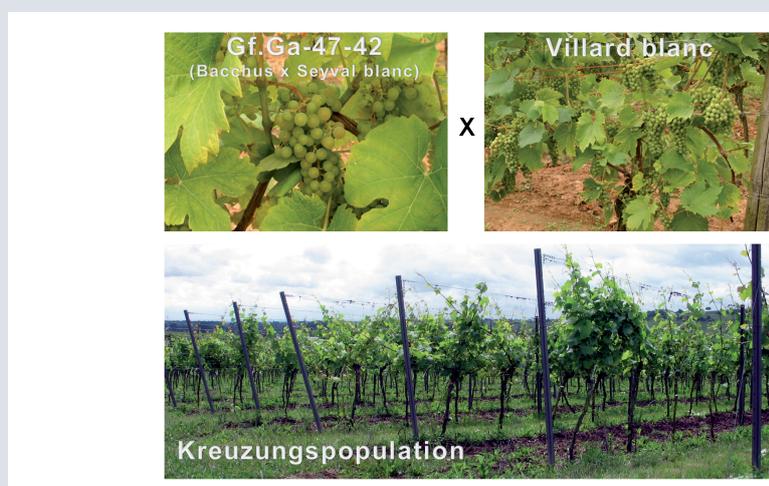


Abbildung 1: Kreuzungseltern Gf.Ga-47-42 und 'Villard blanc' sowie ein Blick auf die Nachkommenschaft.

Ergebnisse

Die für die Ausprägung des Merkmals Säurebildung verantwortlichen Bereiche im Rebengenom werden anhand einer Kreuzungspopulation mittels QTL-Analysen („quantitative trait locus“) ermittelt. Dafür werden eine umfangreiche genetische Karte der Kreuzungspopulation und eine genaue Erfassung der phänotypischen Merkmalsausprägung in der Nachkommenschaft benötigt.

Für die Untersuchungen zur Säurestabilität ist die Kreuzungspopulation Gf.Ga-47-42 x ‘Villard Blanc’ (Abbildung 1) besonders geeignet. Beide Eltern unterscheiden sich sowohl im Säureniveau, als auch in der Reifeentwicklung. ‘Villard blanc’ zeigt einen höheren Säuregehalt als Gf.Ga-47-42 und hat einen deutlich späteren Reifeverlauf, wobei in 2011 eine Differenz von 38 Tagen in der *Véraison* (Reifebeginn) zu beobachten war (Abbildung 2a). Diese Unterschiede zeigen sich auch in der Nachkommenschaft, welche sich bezüglich der genannten Merkmale aufspaltet (segregiert) und damit eine Identifikation der relevanten Bereiche (Loci) ermöglicht. Um ein umfassendes Bild des Säureverlaufs in den einzelnen Nachkommen zu erhalten, wurden alle Individuen der Kreuzungspopulation in der Vegetationsperiode 2011 zwischen der *Véraison* und dem Lesezeitpunkt in einem wöchentlichen Rhythmus beprobt und der Traubenmost mittels FTIR-Spektroskopie analysiert. In einer FTIR-Messung werden die Gehalte einer Vielzahl für die Bewertung des Mostes relevanter Parameter ermittelt, u. a. Mostgewicht, Glucose, Fructose, Gesamtsäure (Abbildung 2b), Weinsäure, Äpfelsäure, pH-Wert, flüchtige Säure und Gluconsäure. Aufgrund der bekannten Bedeutung von Kalium bei der Säureregulation wurden zudem die Kaliumwerte der Proben bestimmt.

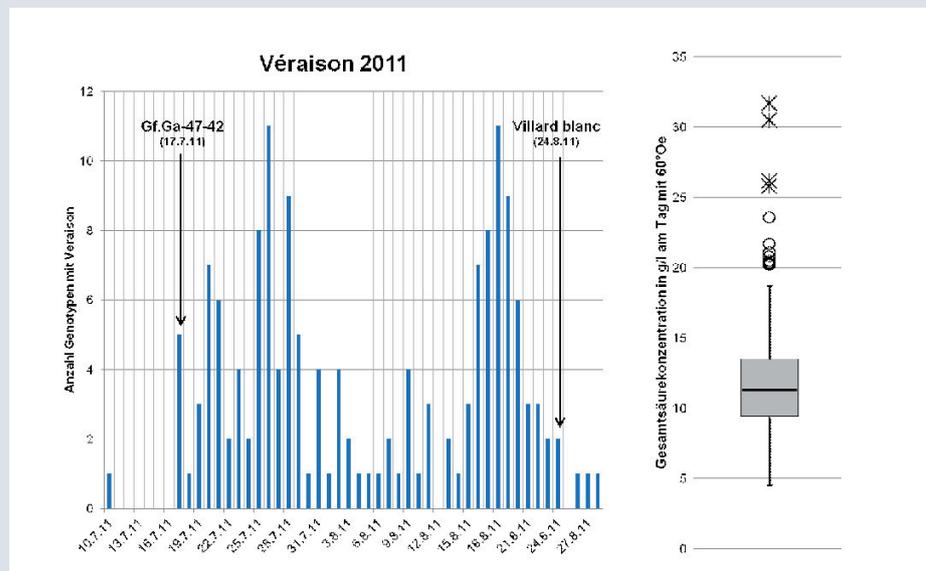


Abbildung 2a (links): Aufspaltung der *Véraison*zeitpunkte in der Nachkommenschaft Gf.Ga-47-42 x ‘Villard blanc’ in 2011. Anzahl der Individuen mit *Véraison* am jeweiligen Tag.

Abbildung 2b (rechts): Verteilung der Gesamtsäurekonzentration am Tag mit 60°Oe in der Nachkommenschaft Gf.Ga-47-42 x ‘Villard blanc’ in 2011. Der Median (waagerechter Balken) unterteilt den Datensatz mittig, die Box umfasst 50% des Datensatzes und die „Whisker“ geben den 1,5-fachen Vertrauensintervall an. Anhand der Symmetrie lässt sich auf einen annähernd normalverteilten Datensatz schließen. Die Kreise markieren 8 leichte und die Sterne 4 starke Ausreißer mit hohen Säurekonzentrationen.

Die bestehende genetische Karte Gf.Ga-47-42 x 'Villard blanc' wurde mit ausgewählten SSR-Markern („simple-sequence-repeats“) ergänzt und umfasst nun 547 Marker. Damit kann sie als zuverlässiger Ausgangspunkt für die Identifikation von QTLs und einer anschließenden Feinkartierung der untersuchten Merkmale dienen. Die Feinkartierung soll anhand von SNP-Markern („single-nucleotide-polymorphism“) erfolgen, dem im Rebgenom am häufigsten auftretenden und für eine Hochdurchsatz-Genotypisierung geeigneten Markertyp. Dafür steht ein Fluidigm Biomark™-System zur Verfügung bei dem Daten für 48 Proben (=Genotypen) mit 48 Markern parallel erhoben werden können (=2304 Datenpunkte). Zur Entwicklung solcher Marker erfolgte für beide Elternsorten eine Resequenzierung mittels NGS („next-generation-sequencing“, Illumina, HiSeq 2000). Damit lassen sich zielgerichtet locus-spezifische Marker entwickeln und zur Feinkartierung einsetzen. Zudem lassen sich in den QTL-Bereichen Kandidatengene ermitteln und für darin enthaltene SNPs genspezifische Marker ableiten, was eine Übertragbarkeit auf andere Sorten ermöglicht.

Für den Reifeverlauf konnte ein Haupt-QTL auf dem Chromosom 16 identifiziert werden, der 45 % der beobachteten Varianz erklärt. Bei den Säuremerkmalen treten wiederholt QTL auf den Chromosomen 14, 7 und 13 auf. Da die Merkmalsausprägung der Säurewerte jedoch einem starken Umwelteinfluss unterliegen müssen diese vorläufigen Ergebnisse mit Daten aus den Vegetationsperioden 2012 und 2013 validiert werden.

Eine weitere Validierung findet an den Edelreissorten, -klonen und Unterlagsrebsorten der beteiligten Wirtschaftspartner statt. Dazu finden u. a. detaillierte Untersuchungen zur Säurecharakteristik von mehreren Riesling- und Spätburgunder-Klonen an verschiedenen Standorten mit unterschiedlichen Unterlagssorten durch die FA Geisenheim statt. Ein weiterer Forschungsansatz wird durch die Untersuchung von Expression und Sequenzunterschieden von Kandidatengenen verfolgt. Dabei liegt der primäre Fokus auf der L-Idonatdehydrogenase (L-IdnDH), einem wichtigen Enzym des Weinsäurebiosyntheseweges. Weitere zu untersuchende Kandidatengene werden aus den Kartierungsarbeiten und den RNA-Sequenzierung erwartet.

In Nährstoffversuchen sollen über RNA-Seq, einer Hochdurchsatzmethode zur Sequenzierung der Boten-Ribonukleinsäure, Unterschiede in der genetischen Expression bei unterschiedlicher Kaliumversorgung erfasst werden. Dabei lassen sich Gene identifizieren, die durch die veränderten Kaliumversorgung im erhöhten oder reduzierten Umfang abgelesen werden, um sich den Ernährungsgegebenheiten anzupassen. Die RNA-Seq wird zudem an unterschiedlich stark säureausprägenden Sorten während der Entwicklung vergleichend angewendet. Dies kann wichtige Erkenntnisse zu beteiligten Stoffwechselwegen und zum Einfluss der Unterlagssorte auf den Säuregehalt der Edelreissorte liefern.

(Geplante) Verwertung

Eine Anwendung der erarbeiteten Untersuchungsmethoden an Pflanzenmaterial, welches aus verschiedenen klimatischen, standortbedingten und weinbaulichen Einflüssen der beteiligten Weinbau-/Veredlungs-/Zuchtbetriebe stammt, soll die breite und umweltunabhängige Eignung der identifizierten merkmalsgekoppelten Marker zeigen. Somit ist eine direkte Anwendung der Forschungsergebnisse in der weinbaulichen Praxis gegeben. Dabei wird ein Beitrag zur genauen Charakterisierung von relevanten Sorten und Klonen geleistet und über die MAS eine frühzeitige und umweltunabhängige Selektion auf die Säurecharakteristik in der Reben- und Klonenzüchtung eröffnet.

Sektion 5: Schweinehaltung und -fütterung

„Indikatorgestütztes Managementsystem zum Verhaltens- und Gesundheitsmonitoring in der Sauenhaltung“

“Monitoring sows` behavior and health with an indicator based system”

Laufzeit

01.11.2010 bis 31.12.2013

Projektkoordinator, Institution

Prof. Dr. Thomas Jungbluth

Institut für Agrartechnik, Fachgebiet Verfahrenstechnik der Tierhaltungssysteme, Universität Hohenheim, Stuttgart

Verbundpartner

Karsten Große-Butenuth

CLAAS Agrosystems GmbH & Co. KG, Gütersloh

Jochen Traunecker

gridsolut GmbH + Co. KG, Wernau

Kurzfassung**Ziel**

In einem Verbundprojekt der BLE-Innovationsförderung der Projektpartner Universität Hohenheim, Claas Agrosystems GmbH & Co. KG und gridsolut GmbH + Co. KG soll ein Monitoringmodell zur Überwachung von Gesundheits- und Verhaltensveränderungen von Wartesauen in Gruppenhaltung entwickelt werden. Als Basisindikatoren werden das

Futteraufnahme-, Wasseraufnahme- und Bewegungsverhalten der Wartesauen herangezogen. Übergeordnetes Ziel ist es, das Monitoringmodell durch Implementierung in eine Managementsoftware für Landwirte als Managementhilfe nutzbar zu machen.

Realisierung

Versuchsstall und Versuchstiere

Die Datenerhebung findet im Wartesauenstall der Versuchsstation Unterer Lindenhof der Universität Hohenheim statt. Die Wartesauen werden in einer dynamischen Großgruppe von etwa 75 bis 80 Tieren gehalten. Auf dem Versuchsbetrieb wird in einem Ein-Wochen-Rhythmus gearbeitet. Die Fütterung findet über zwei elektronische Futterabrufstationen (EFA) (Schauer Agrotronic GmbH) statt. Wasser kann ad libitum an acht uneingeschränkt nutzbaren Schalentränken mit Stiftventil von den Sauen aufgenommen werden. Der etwa 220 m² große Stall ist im Aktivitätsbereich hauptsächlich mit Spaltenboden und im Liegebereich mit planem Betonboden und Minimaleinstreu ausgestattet. Die Sauen können zusätzlich einen rund 124 m² großen Auslauf mit Tiefstreu uneingeschränkt nutzen (Abbildung 1).

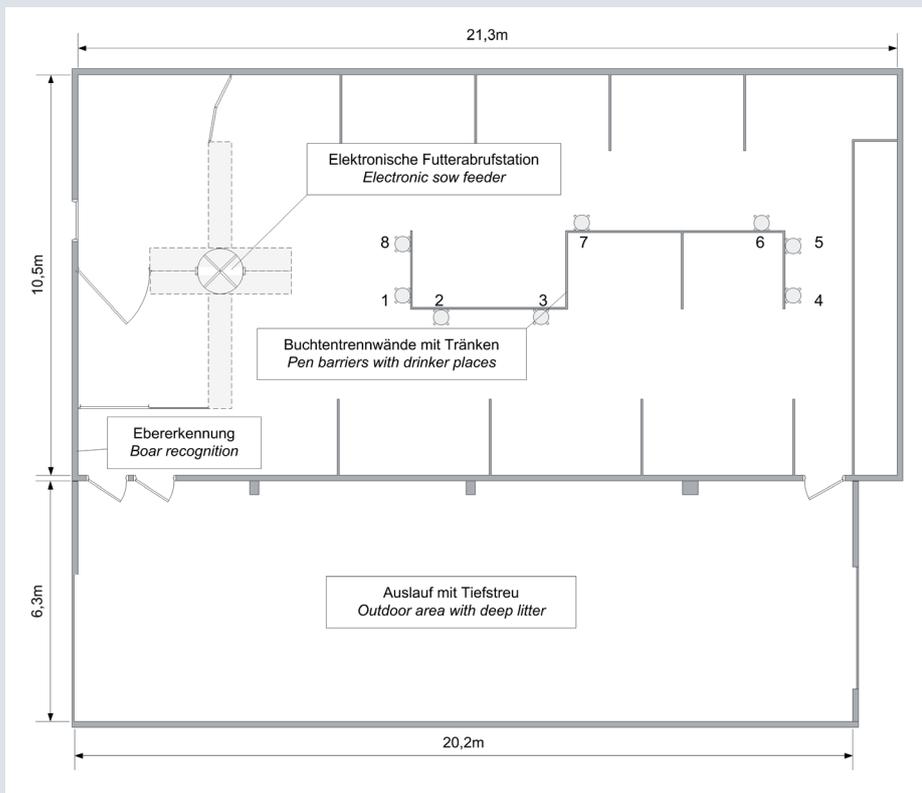


Abbildung 1: Grundriss des Gruppenhaltungsstalls für rund 80 Wartesauen auf der Versuchsstation

Vorgehensweise

Alle Wartesauen sind mit einem passiven ISO-Ohrmarkentransponder (Niedrigfrequenz) ausgestattet, über den in der EFA die Erkennung an einer Radio-Frequenz-Identifikations (RFID)-Antenne und daraufhin die Ausgabe von Futter und Wasser (stets im Verhältnis 1:2) erfolgt. Folgende Rohdaten aus der EFA zum Stationsbesuch und zur Futterausgabe werden erfasst (Tabelle 1):

Tabelle 1: Rohdaten der elektronischen Futterabrufstation (EFA), der Ebererkennung, der Wasserdurchflusszähler und RFID-Antennen

Rohdaten EFA	Datum
	Uhrzeit erste Identifikation
	Uhrzeit letzte Identifikation
	Stationsnummer
	Tier-ID
	ausdosierte Futtermenge
	Futterrest
	Besuche mit Futteranrecht
	Besuche ohne Futteranrecht
	Tiergewicht
Rohdaten Ebererkennung	Datum
	Uhrzeit erste Identifikation
	Uhrzeit letzte Identifikation
	Tier-ID
Rohdaten Wasserdurchflussmesser	Datum
	Sekündliche Zählerstände
	Nummer Durchflussmesser
Rohdaten RFID-Antennen	Datum
	Zeit
	Tier-ID
	Nummer RFID-Antennen

Über den PC der EFA werden ebenfalls Informationen der Rauschedetektion oder Ebererkennung erfasst.

Um das tierindividuelle Wasseraufnahmeverhalten aufzeichnen zu können, wurde jede Wasserzuleitung zu den Tränken mit einem Wasserdurchflussmesser ausgestattet. Die Erkennung der Tiere erfolgt wieder über RFID-Antennen, die jeweils rechts der Tränken an einer Abtrennvorrichtung angebracht sind.

Da die Zuchtsauen durch die bisher angeführten Erkennungssysteme (EFA, Rauschedetektion und Tränken) schon an einigen Stellen mehrmals täglich automatisch registriert werden, sollen diese Informationen (Tabelle 1) auch für die Analyse des Fortbewegungsverhaltens herangezogen werden. Zusätzlich werden die Sauen beim Betreten und Verlassen des Auslaufs über RFID-Antennen an Ein- und Ausgangsschleusen zum Auslauf registriert. Durch die zeitliche Abfolge der unterschiedlichen Registrierungsorte ist zumindest eine theoretisch minimal zurückgelegte Wegstrecke jedes Tieres ermittelbar. Ob ein Zusammenhang zwischen der theoretisch minimal zurückgelegten Wegstrecke und der tatsächlich zurückgelegten Wegstrecke ableitbar ist, wird derzeit mit Hilfe von Direktbeobachtungen untersucht.

Neben der automatischen Erfassung der Verhaltensweisen werden zusätzliche Informationen über den Gesundheitszustand der Sauen benötigt. Hierzu wird jedes Tier der Herde zwei Mal wöchentlich bezüglich seines Laufverhaltens, Verletzungen der Hautoberfläche und Auffälligkeiten wie Fieber, vaginalem Ausfluss, Durchfall oder beschleunigte Atmung hin bonitiert.

In einer zentralen Datenbank werden alle Rohdaten der EFA, Ebererkennung, Wasserdurchflusszählern und RFID-Erkennung, des Lüftungscomputers, manuell erhobene Daten aus den Tierbonituren und Direktbeobachtungen sowie Tierbestands- und -behandlungsdaten aus der Managementsoftware (Sauenplaner) für weitere Auswertungen abgelegt.

Ergebnisse

Als ein erstes Beispiel soll der in Abbildung 2 dargestellte Verlauf des ausdosierten Futters, des ausdosierten Wassers und der Anzahl der einzelnen Trinkereignisse sowie die festgestellten Locomotion Scores einer erkrankten Sau dienen. Wie gut zu erkennen ist, nehmen die ausdosierte Wasser- und Futtermenge ab dem 29.4. (7,6 l bzw. 30.4. (3,0 kg) ab, um am 1.5. auf nur noch 2,7 l ausdosiertes Wasser und 1,4 kg ausdosiertes Futter abzusinken. Bemerkenswert ist auch die Abnahme von Trinkereignissen vom 29.4. (vier) und 30.4. (sechs) zu keinem einzigen registrierten Trinkereignis am 1. Mai. Die Verschlechterung des Laufverhaltens (Bonitur) von Locomotion Score 1 („leichte Lahmheit“) am 24.4. auf Locomotion Score 3 („Lahmheit auf zwei Extremitäten, kaum zum Gehen zu bewegen“) am 2.5. verdeutlicht ebenfalls die Verschlechterung des Gesundheitszustandes des Tieres. Schließlich musste die Sau am 2. Mai wegen einer Kronsamentzündung und Fieber aus der Gruppe genommen werden.

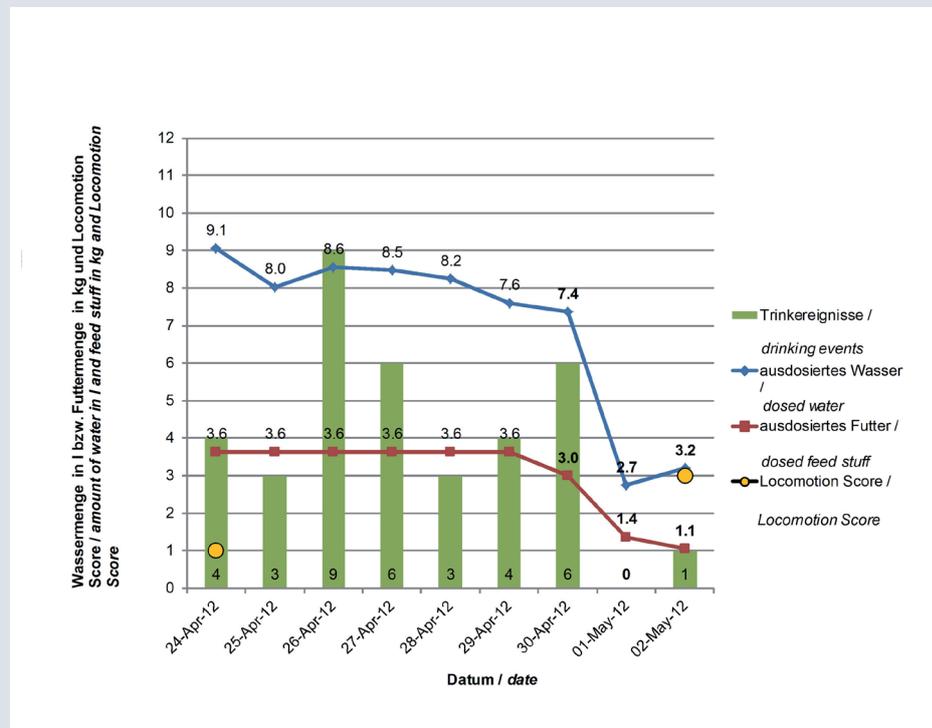


Abbildung 2: Verlauf von Wasser- und Futteraufnahme sowie Locomotion Score (0 = normal, 1 = leichte Lahmheit, 2 = deutliche Lahmheit, 3 = Lahmheit auf zwei Extremitäten, kaum zum Gehen zu bewegen) einer kranken Sau

In der ersten Projektphase gilt es nach wie vor eingehende Informationen über die tierinter- als auch tierintra-Variabilität des Futteraufnahme-, Wasseraufnahme- und Fortbewegungsverhaltens von tragenden Sauen in Gruppenhaltung zu gewinnen. Nach der Datenerhebung auf dem Versuchsbetrieb wird ein Monitoringmodell erstellt und später sowohl auf dem Versuchsbetrieb als auch auf einem Praxisbetrieb getestet.

(Geplante) Verwertung

Für die Universität Hohenheim soll das zu entwickelnde System als Forschungsinstrument zur Beantwortung von grundlagen- und praxisorientierten Fragestellungen dienen. Für den Verbundpartner Claas Agrosystems GmbH & Co. KG soll das Softwaremodul zur Visualisierung und Auswertung der gewonnenen Monitoringdaten im Zusammenhang mit den vorhandenen biologischen Daten im Herdenmanagementsystem „SUPERSAU“ dienen. Der Verbundpartner gridsolut GmbH & Co. KG sieht die Verwertung in einer Dienstleistung z.B. bei der Beratung und Unterstützung bei der Implementierung von spezifischen informationsverarbeitenden Systemen der Tierhaltung mit Fokus auf der Integration ISOagriNET-konformer Systeme.

„Entwicklung eines Monitoringsystems für die Tiergesundheit und Fruchtbarkeit in der Gruppenhaltung tragender Sauen“**“Development of a monitoring system for animal health and fertility of pregnant sows in a dynamic group-housing system”****Laufzeit**

01.12.2010 bis 31.01.2014

Projektkoordinator, Institution

Prof. Dr. J. Krieter

Institut für Tierzucht und Tierhaltung, Christian-Albrechts-Universität, Kiel

Verbundpartner

Dr. E. Boll

Lehr- und Versuchsgut Futterkamp, Landwirtschaftskammer Schleswig-Holstein, Blekendorf

Dr. E. Stamer

TiDa Tier und Daten GmbH, Westensee/Brux

W. Auer

MKW electronics GmbH, Weibern, Österreich

Kurzfassung**Ziel**

Im Rahmen des Verbundprojektes wird ein computergestütztes Monitoringsystem entwickelt, das dem Landwirt frühzeitig verlässliche Entscheidungshilfen bezüglich des Gesundheits- und Fruchtbarkeitsmanagements des einzelnen Tieres liefert. Hierzu werden neben den routinemäßig erfassten Daten wie z.B. dem Fressverhalten auch Informationen zur Bewegungsaktivität und Position des Tieres genutzt. Zur Aufbereitung und Speicherung von individuellen Tierinformationen wird eine relationale Datenbank entwickelt. Die hieraus zur Verfügung gestellten Daten sollen mit Hilfe von mathematischen Algorithmen gebündelt und zu eindeutigen Warnmeldungen generiert werden, damit kranke Tiere oder umrauschende Sauen frühzeitig erkannt und behandelt werden können. Auf diese Weise wird ein Entscheidungssystem entwickelt, das die Überwachungs- und Managementaufgaben des Landwirtes effektiv unterstützt.

Realisierung

Die TiDa GmbH hat ein Datenbankschema entwickelt und auf einem Server implementiert. In dieses fließen zum einen die Daten aus dem Sauenplaner und zum anderen seriell erstellte sowie vom Betreuungspersonal erfasste Daten vom Lehr- und Versuchsgut Futterkamp ein. Im Sauenplaner werden die Stammdaten des Tieres ebenso wie die Tierstandorte und Angaben zu Fruchtbarkeit und Gesundheit aufgezeichnet. Die seriell erstellten Daten umfassen die Eberbesuche am Ticketfenster mit Aufenthaltsdauer, die Besuche bei den Futterabrufstationen mit Futtermenge und Aufenthaltsdauer, sowie die Ankunftszeit und der Zeitpunkt des Verlassens an den Tränken. Das Betreuungspersonal führt regelmäßig Bonituren bei allen Tieren durch, die u.a. Angaben zum Body-Condition-Scoring, dem Fundament und der Rückenspeckdicke liefern.

Gleichzeitig wird wöchentlich im Wartestall des Lehr- und Versuchszentrums Futterkamp ein Lahmheitssoring durchgeführt. Hierbei werden alle Sauen nacheinander aufgetrieben und bezüglich einer möglichen Lahmheit beurteilt. Darüber hinaus werden sämtliche Behandlungen der Sauen dokumentiert. Diese Daten dienen später als Referenz (Zielgrößen) für die Entwicklung des multivariaten Entscheidungsmodells.

Für eine Positionsbestimmung des Einzeltieres werden Ohrmarken entwickelt, die eine genaue Lokalisierung der Sau im Stall ermöglichen. Im Wartestall wurden Empfänger installiert, die die Signale der Ohrmarken von den einzelnen Sauen aufnehmen. Auf einem lokalen Server werden aus diesen Signalen die x- und y-Koordinaten berechnet und mit Hilfe spezieller Auswertungsalgorithmen gefiltert, um z.B. die kumulierte Wegstrecke zu ermitteln. Die Genauigkeit der Positionsbestimmung liegt derzeit bei 90% unter 3 m. Ein zusätzlich auf der Ohrmarke installierter Beschleunigungssensor soll die Genauigkeit verbessern und zwischen den verschiedenen Aktivitäten der Sau unterscheiden. Die Kategorisierung der Aktivitäten (z.B. in Liegen und Gehen) ist derzeit in Bearbeitung. Die berechneten Positions- und Beschleunigungsdaten fließen ebenfalls in die relationale Datenbank ein.

Zur Validierung der Positions- und Aktivitätsdaten wurden im Wartestall an verschiedenen Positionen Videokameras installiert, die das Verhalten der Sauen aufnehmen.

Ergebnisse

Eine erste Datenanalyse wurde mit dem Statistikprogramm SAS Version 9.2 durchgeführt. Für die Analyse der Futteraufnahme der Sauen standen Daten von September 2009 bis Juni 2012 zur Verfügung. Als erster Schritt wurde das Besuchsverhalten der Sauen (n=936) analysiert. Die mittlere Anzahl der Besuche an den Abrufstationen beträgt 1,75 pro Fütterungszeitraum (17 Stunden) mit einer Schwankungsbreite von einem bis 50 Besuchen. Die Standardabweichung der Besuche liegt bei ca. 2 Stunden. Des Weiteren wurde die Ankunftszeit der Sauen innerhalb des Fütterungszeitraumes an der Futterstation näher betrachtet. Alle untersuchten Sauen (n=313) waren von der Belegung bis zur Abferkelung durchgängig im Wartestall. Die Standardabweichung der Ankunftszeit bei der Futterstation variiert zwischen den Sauen von ca. 20 Minuten bis 6 Stunden. Die mittlere Standardabweichung (Median) über alle Sauen liegt unter 2 Stunden. Demzufol-

ge bevorzugen die Sauen eine relativ konstante Uhrzeit, um ihr Futter an den Stationen abzurufen. Deutliche Abweichungen sollten in Bezug auf Krankheiten und umrauschende Sauen näher analysiert werden.

Zusätzlich stehen Daten zu Tränkebesuchen der Sauen zur Verfügung. Hierbei wurde ein Mittelwert von 7 Besuchen pro Tag mit einer Standardabweichung von 4,95 ermittelt. Das Minimum liegt bei einem Besuch, während für eine Sau 76 Besuche erfasst wurden.

Darüber hinaus ergeben sich für die Daten beim Ticketfenster des Ebers eine mittlere Aufenthaltsdauer von 9,5 Minuten pro Besuch sowie eine Frequenz von 15 Besuchen. Hierbei weisen umrauschende Sauen eine höhere Aufenthaltsdauer (11 Minuten) und Frequenz (21 Besuche) auf als erfolgreich belegte Sauen. Die gesamte Aufenthaltsdauer am Eberfenster beträgt bei umrauschenden Sauen ca. 4 Stunden, während sich die anderen Sauen weniger (1,5 Stunden) beim Eber aufhalten.

Die ersten Ergebnisse einer begrenzten Stichprobe bezüglich der Wegstreckeberechnung lassen erkennen, dass die zurückgelegte Strecke pro Tag zwischen den Sauen stark variiert (zwischen 795 m und 8.289 m). Eine genauere Analyse der Daten und Algorithmen zur Kategorisierung der Aktivitäten befindet sich derzeit in Bearbeitung.

(Geplante) Verwertung

Die relationale Datenbank kann für das Datenmanagement von Versuchsbetrieben genutzt werden. Eine Aussage über das computergestützte Monitoringsystem kann aufgrund des frühen Projektzeitpunktes noch nicht getroffen werden.

„Gesundheitsmonitoring bei tragenden Sauen durch die Abrufstation“

“Health monitoring in pregnant sows by electronic feeding station”

Laufzeit

01.10.2010 bis 30.09.2012

Projektkoordinator, Institution

Prof. Dr. Steffen Hoy
Justus-Liebig-Universität, Gießen

Verbundpartner

Daniel Holling
Big Dutchman Pig Equipment GmbH, Vechta

Kurzfassung

Ziel

Die Gruppenhaltung von Sauen im Wartebereich ist ab dem Jahr 2013 Pflicht. Der Sauenhalter steht bei Umstellung oder Neueinstieg in die Gruppenhaltung vor der Wahl eines passenden Fütterungssystems. In einem Teil der Sauenbetriebe sind elektronische Futterabrufstationen (EFS) im Einsatz.

Ein täglicher Gang durch den Stall zur Überwachung von Gesundheitszustand und Kondition der Sauen ist unabdingbar. Der Sauenhalter muss sich dabei nur auf für ihn erkennbare äußerliche Merkmale bei den Tieren verlassen. Dabei ist es sowohl unter ökonomischen als auch unter den Tierschutz betreffenden Aspekten notwendig, sowohl Krankheiten als auch eine Über- oder Unterkonditionierung der Sauen möglichst schnell zu erkennen und entsprechende Behandlungen bzw. Anpassungen der Fütterungsmodi vorzunehmen.

Ein Großteil aller bisherigen Untersuchungen zur Gewichtsdyamik und zu den täglichen Zunahmen tragender Sauen basieren auf der Messung des Gewichtes zu repräsentativen Zeitpunkten. Meist fanden die Wägungen beim Ein- und Ausstallen der Sauen in den Wartebereich statt.

Das Ziel dieser Untersuchung besteht in der Entwicklung einer Sauenwaage zur täglichen automatischen Erfassung der Lebendmasse und einer Software zur Ermittlung der Besuchsreihenfolge (Platzziffer) von Sauen in der EFS, um daraus eine normative Wachstumskurve von Sauen während der Trächtigkeit in Abhängigkeit von der Wurfnummer sowie einen normativen Bereich für die Platzziffer jeder Sau abzuleiten.

Sämtliche von der Wachstumskurve abweichenden Lebendmassen sowie alle auffälligen Abweichungen einzelner Sauen in der Besuchsreihenfolge sollen mit Hilfe eines zu generierenden Algorithmus registriert werden und dem Sauenhalter mittels einer Alarmfunktion als Managementhilfe zur Verfügung stehen.

Realisierung

Die Untersuchungen wurden in zwei Betrieben, in denen die jeweils bereits installierten EFS mit Tierwaagen ausgestattet wurden, durchgeführt. In beiden Betrieben werden JSR Hybridsauen gehalten. Neben der täglichen Erfassung der Lebendmasse wurden der Gesundheitszustand, die Veränderung der Rückenspeckdicke während des Aufenthaltes im Wartebereich, der durchschnittliche Rangplatz in der täglichen Besuchsreihenfolge an der EFS, die Anzahl der geborenen Ferkel und die Anzahl der abgesetzten Ferkel des Vorwurfes sowie die Wurfnummer für jede Sau erfasst.

Ergebnisse

Da es keinerlei technische und ethologische Vorerfahrungen bei der automatischen Erfassung der Lebendmasse tragender Sauen gab und sowohl die mechanischen als auch die softwaretechnischen Entwicklungen „Neuland“ sind, mussten zunächst einmal Plausibilitätsprüfungen entwickelt werden, um einerseits die Qualität der automatisch erhobenen biologischen Daten sicher zu stellen und andererseits technische Probleme zu erkennen und zu lösen.

Die bisherigen Untersuchungen zeigten, dass die gemessene Lebendmasse von Tag zu Tag großen Schwankungen unterworfen ist. Dies hängt in hohem Maße mit dem Verhalten der Sauen in der Abrufstation zusammen. Die rationierte Fütterung der Sauen an einer EFS bedingt einen langanhaltenden „Hungerstress“, der dazu führt, dass ein Großteil der Sauen die gesamte tägliche Futtermenge bereits beim ersten täglichen Besuch der EFS aufnimmt und dadurch erst am darauffolgenden Futtertag wieder Anrecht auf die nächste Ration des neuen Tages hat. Dies führt bei vielen Sauen zu einer großen Unruhe bereits vor und während des Aufenthaltes in der Abrufstation. Durch die daraus resultierenden Bewegungen auf der Wiegeplattform sind die Messwerte mit großen Schwankungen behaftet, was die Wiederholbarkeit der Messungen stark reduzieren kann.

Es konnten Zusammenhänge zwischen der täglichen Zunahme der Sauen im Wartestall und Wurfnummer, Wurfgröße und Rangplatz in der Besuchsreihenfolge an der EFS gezeigt werden.

Die Auswertungen zur täglichen Besuchsreihenfolge in Bezug auf den gesundheitlichen Status der Sauen sind erfolgversprechend. Es wird erwartet, dass durch weitere Anpassungsmaßnahmen hinsichtlich der Sensitivität des Auswertungs-Tools die Trefferwahrscheinlichkeit, d.h. die Sicherheit bzw. Wahrscheinlichkeit, kranke Tiere richtig zu detektieren, erhöht werden kann.

(Geplante) Verwertung

Es ist geplant, eine Applikation für die Besuchsreihenfolge in die Managementsoftware zu integrieren. Die tägliche Gewichtserfassung bei tragenden Sauen soll es langfristig ermöglichen, Abweichungen von einer normativen Wachstumskurve in Abhängigkeit von der Wurfnummer zu registrieren und mögliche Fütterungsfehler korrigieren zu können.

Beide Informationen sind als unterstützende Maßnahme bei der täglichen Tierkontrolle zu sehen.

„Ein Monitoring- und Expertensystem für den Abferkelbereich (MultiExpert)“**“A monitoring and expert system for farrowing crates (MultiExpert)”****Laufzeit**

01.02.2011 bis 31.01.2014

Projektkoordinator, Institution

Dr. Peter-Christian Schön
Leibniz-Institut für Nutztierbiologie (FBN), Dummerstorf

Verbundpartner

Dr. Gundula Hoffmann
Leibniz-Institut für Agrartechnik e.V. (ATB), Potsdam-Bornim

Dr. Anne Elkmann
Big Dutchman Pig Equipment GmbH (BDP), Vechta-Calveslage

Kurzfassung**Ziel**

Die Ferkelsterblichkeit ist ein aktuelles Problem in der Nutztierhaltung. Durch züchterische Maßnahmen sind die Wurfgrößen in den letzten Jahren stetig gestiegen und werden auch weiterhin steigen. Infolgedessen kommt es zu steigenden Ferkelverlusten. Ziel des Projektes ist es, dieser Entwicklung entgegenzuwirken und die Ferkelsterblichkeit zu senken. Dazu wird ein praxistaugliches System zur automatischen und kontinuierlichen Überwachung des Zustandes ferkelführender Sauen entwickelt. Das System soll als „Frühwarnsystem“ Gesundheitsprobleme der Sau erkennen, diese dem Tierhalter durch ein Alarmsignal aufzeigen, konkrete Handlungsanweisungen geben und so die Ferkelverluste indirekt verringern. Zusätzlich soll das System aktiv Ferkelerdrückungen

verhindern, indem Erdrückungssituationen in der Abferkelbucht erkannt und physisch behoben werden.

Die Maßnahmen auf Basis der multiparametrischen Zustandsüberwachung sollen neben einer Verringerung der Ferkelsterblichkeit auch eine Verlängerung der Lebenszeit der Sauen durch die Verbesserung der Haltungsbedingungen, bei gleichzeitig verringertem Arbeitsaufwand bewirken. Damit wird ein Instrument geschaffen, das sowohl die Verbesserung der Tiergerechtigkeit als auch der Wirtschaftlichkeit möglich macht.

Realisierung

Zur Erfassung des Zustandes von Muttersauen werden Körpertemperatur, die Futter- und Wasseraufnahme sowie das Bewegungsverhalten kontinuierlich gemessen und kombiniert analysiert. Alle Daten laufen auf einem lokalen Steuergerät zusammen (Bild 1) und werden online von einem Expertensystem analysiert. Die kontinuierliche und automatische Auswertung der Daten ermöglicht eine frühe Erkennung von Gesundheitsproblemen bei der Muttersau und erlaubt eine frühzeitige Behandlung. Damit wird eine schnelle Gewichtszunahme der Ferkel, ein wichtiger Faktor gegen Krankheit und Erdrückung, in den ersten Lebenstagen gewährleistet. Zudem ist ein gesundes Muttertier beweglicher und aufmerksamer, was ebenfalls das Erdrückungsrisiko für die Ferkel senkt. Neben dieser indirekten Verringerung des Erdrückungsrisikos verhindert das System aktiv Ferkelerdrückungen, indem mittels Lautanalyse der Ferkelvokalisation eine Erdrückungssituation erkannt und über Aktoren direkt auf das Verhalten der Muttersau eingewirkt wird. Alle Komponenten werden in Versuchsanlagen der Forschungsinstitute entwickelt und in Vorversuchen am Tier getestet. Die Testung aller Komponenten im Zusammenspiel und der Effektivität der Maßnahmen erfolgt in einem Praxisbetrieb, der eigens für dieses Projekt von Big Dutchman mit zwei Versuchsabteilungen ausgestattet wurde. Die Abferkelbuchten der Versuchsabteilung des Betriebs besitzen eine kontinuierliche Videoüberwachung, die eine nachträgliche Auswertung des Tierverhaltens z.B. bei der Geburt und bei Ferkelerdrückungen ermöglicht.

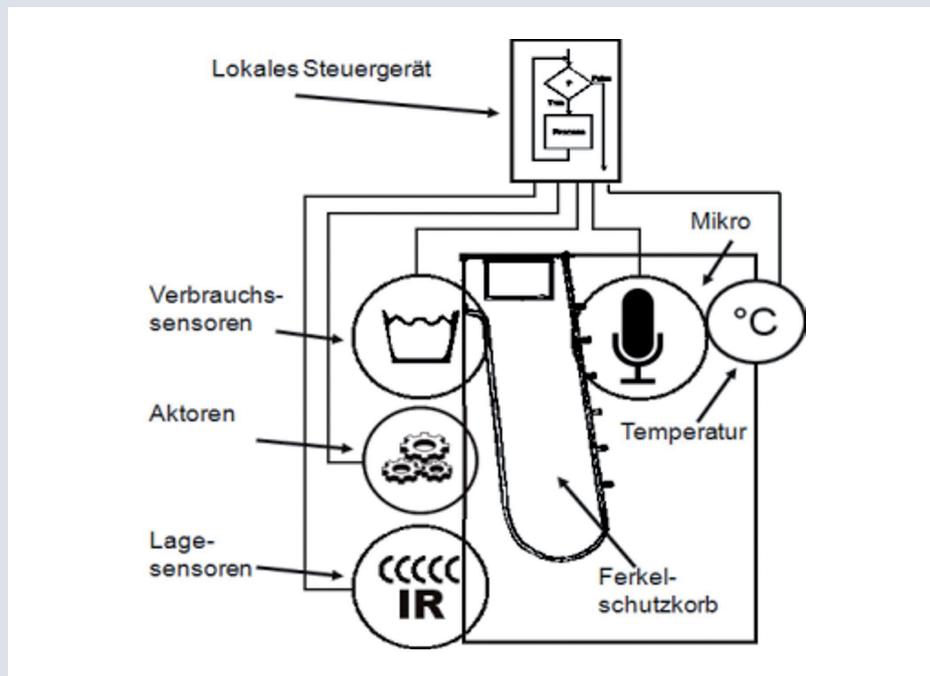


Abbildung 1: Schematischer Aufbau einer Abferkelbucht mit MultiExpert-Technik

Ergebnisse

Zur Evaluierung der Methoden zur automatischen Bestimmung der Körpertemperatur führte das ATB in einem Vorversuch an 45 Sauen Temperaturmessungen mit 2 verschiedenen Messmethoden durch. Die vielversprechendste dieser Methoden wurde in einem weiteren Vorversuch an der FU Berlin an 3 Tieren mit Hilfe eines Vaginalloggers genauer validiert. Parallel ist durch das ATB ein Sensor zur Bestimmung der Lage der Muttersau entwickelt und mit Hilfe von Videoaufnahmen an adulten Sauen validiert worden.

Das Zusammenspiel dieser Sensoren in Verbindung mit Messungen zum Futter- und Wasserverbrauch ist am FBN an adulten Jungsaunen getestet worden. Dabei wurde mit Hilfe eines Impfstoffes eine Erkrankung der Tiere simuliert und die Sensitivität der eingesetzten Sensoren validiert. Zugleich lieferte dieser Versuch die Basisdaten für die Interpretation der Sensorwerte durch die MultiExpert-Software.

Zur Untersuchung der Ferkelvokalisation in Erdrückungssituationen ist vom FBN ein System zur ereignisgesteuerten automatischen Aufnahme von Videos und unkomprimierten Audiodaten entwickelt worden. Parallel testete das FBN verschiedene Aktoren auf ihre Effektivität und Praxistauglichkeit an adulten Jungsaunen und an ferkelführenden Sauen verschiedenen Alters. Die Ergebnisse dieser Untersuchungen wurden in einem System zusammengefasst, das mögliche Erdrückungen automatisch erkennt, lokalisiert und darauf mit Hilfe des Aktors selbstständig reagiert. Die Ergebnisse dieser Entwicklungen und Vorversuche werden derzeit für die Veröffentlichung vorbereitet.

Der Praxisbetrieb wurde im ersten Projektjahr mit den Versuchsabteilungen, den Abferkelbuchten sowie der Technik zur Erfassung des Wasser- und Futtermittelsverbrauchs ausgestattet. BDP, FBN und ATB entwickelten in enger Abstimmung die Software zur Erhebung und ersten Auswertung der Sensordaten. Die Gesamtinstallation wird nun im Praxisbetrieb auf ihre Praxistauglichkeit und Effektivität getestet.

(Geplante) Verwertung

Der im Rahmen des MultiExpert-Projektes verfolgte ganzheitliche Ansatz bei der Betrachtung von Sau und Ferkeln ist ein völlig neues Instrument für die Verringerung von Ferkelverlusten. Die feingranulare und individuelle Datenerfassung und Auswertung ist eine konsequente Umsetzung des Konzeptes eines Precision Livestock Farming im Abferkelbereich. Für den Landwirt bedeutet das System eine Arbeitszeiterparnis bei gleichzeitiger Steigerung der Produktivität.

Da die Praxistauglichkeit noch während der Projektlaufzeit geprüft wird, kann der Industriepartner BDP direkt im Anschluss eine Optimierung des Systems für die Serienfertigung vornehmen. Im Anschluss wird das optimierte MultiExpert in einer Anzahl von Pilotbetrieben eingesetzt, um die Langzeitstalltauglichkeit der Technik und die Rentabilität des Systems zu verifizieren. Es ist zu erwarten, dass es allein eine Frage der Zeit ist, wann sich die Kosten der Technik gegenüber den Vorteilen des Precision Livestock Farming so entwickeln, dass ein System wie MultiExpert rentabel wird.

„Entwicklung eines ARV-Klimacomputers zur Vermeidung von Hitze- und Kältestress bei Schweinen und zum Nachweis des thermischen Wohlbefindens der Tiere“

“Development of an ARV-climate control system to avoid heat and cool stress in pigs and for evidence of their thermal well-being”

Laufzeit

01.10.2010 bis 31.01.2013

Projektkoordinator, Institution

Prof. Dr. Wolfgang Büscher
Universität Bonn, Institut für Landtechnik, Bonn

Verbundpartner

Horst Schierbaum
Möller GmbH Agrarklima-Steuerungen, Diepholz

Kurzfassung

Ziel

In diesem Projekt wird das Trinkverhalten von Schweinen an verschiedenen temperierten Tränken in Abhängigkeit von der Stalltemperatur untersucht. Das Projekt findet in Zusammenarbeit mit der Firma Möller GmbH statt. Ziel ist es, die Schweine über ihr Antwortsignal des Trinkens aktiv in die Stallklimasteuerung mit einzubinden. Auf Einzeltierebene wurden bereits Untersuchungen zur Wasseraufnahme in Abhängigkeit der Tränktemperatur durchgeführt (VAJRABUKKA, 1981). In der eigenen Untersuchung wird nun erstmals das Wahlverhalten von Tiergruppen beim gleichzeitigen Angebot verschiedener Tränktemperaturen untersucht.

Der ARV-Klimacomputer verarbeitet die Informationen über die verbrauchte Wassermenge an den jeweiligen Tränken und schaltet entsprechend dem Konsumverhalten der Tiere entweder Kühlungs- oder Heizungstechniken im Abteil zu. Auf diese Weise findet eine Nachjustierung der bereits bestehenden Stallklimakurven um wenige Grad Celsius statt. Hierdurch werden die Stallklimabedingungen dem Tierwohl angepasst. Neben einer Arbeitserleichterung für den Landwirt können anhand der getrunkenen Wassermengen hinaus Informationen über das Wohlbefinden der Tiere erhalten werden.

Realisierung

Durchgeführt werden die Versuche auf der Lehr- und Versuchsstation Frankenforst der Universität Bonn im Bereich der Ferkelaufzucht und Schweinemast. Zunächst werden in der Ferkelaufzucht fünf Versuche mit einer Gruppe von 20 Tieren realisiert. Für alle weiteren Versuche in beiden Haltungsabschnitten werden anschließend in jedem Versuchsabteil jeweils zwei Gruppen (Versuchs- und Kontrollgruppe) à 20 Tiere aufgestellt. Der Versuchszeitraum beträgt in der Ferkelaufzucht 5 Wochen und im Bereich der Mast 12 Wochen. Den Tieren wird ein Tränksystem mit drei verschiedenen temperierten Tränken zur Verfügung gestellt. Zum einen gibt es eine Tränke mit raumtemperiertem Wasser und zum anderen eine Tränke mit 10 K wärmerem und eine Tränke mit 10 K kälterem Wasser. Temperatursensoren erfassen die aktuelle Stalltemperatur und übermitteln die Daten an den Klimacomputer. Dieser stellt die Tränkwassertemperaturen mit Hilfe von speziellen Kühlungs- und Heizungselementen entsprechend der gemessenen Stalltemperatur ein. Der Wasserverbrauch wird mit digitalen Durchflussmengenmessern erfasst. Die Daten werden ebenfalls an den ARV-Klimacomputer übermittelt und verarbeitet. Bevorzugen die Schweine zum Beispiel vermehrt kaltes Wasser, deutet dieses Verhalten auf „Hitzestress“ hin. Wird dagegen eindeutig das warme Wasser präferiert, kann von einer energetischen Unterversorgung der Tiere ausgegangen werden. Der Verbrauch von raumtemperiertem Wasser signalisiert „Behaglichkeit“ der Tiere. Tritt bei den Tieren beispielsweise „Hitzestress“ auf, kann die Stalltemperatur mit Hilfe des ARV-Klimacomputers um z.B. 0,5°C-1,0°C an diesem Tag abgesenkt werden. Darüber hinaus könnten weitere Kühlungstechniken wie eine Sprühbefeuchtung oder ein Umluftventilator zugeschaltet werden.

Ergebnisse

Aufzuchtferkel

Die Auswertungen zeigen, dass die Stalltemperatur einen Einfluss auf das Trinkverhalten von Schweinen an temperierten Tränken hat. Es wurden sieben Versuche durchgeführt, in denen deutliche Stalltemperaturschwankungen von bis zu 4-7 K eingebracht wurden. Die Ergebnisse zeigen, dass es zu Veränderungen im Wahlverhalten der Tiere bezüglich der Tränken kommt. Steigt z.B. die Umgebungstemperatur im Abteil deutlich an, nimmt gleichzeitig der Wasserverbrauch an der kalten Tränke (T1) zu und an der warmen Tränke (T3) ab. Im Umkehrschluss nimmt der Wasserverbrauch an der warmen Tränke bei kalten Umgebungstemperaturen zu und an der kalten Tränke ab. Abbildung 1 zeigt deutlich diesen Zusammenhang. Die Aufzuchtferkel dieser Gruppe zeigen eine signifikant ($p = 0,005$) erhöhte Wasseraufnahme an der kalten Tränke bei Umgebungstemperaturen von ca. 29°C und eine signifikant ($p = 0,001$) verringerte Wasseraufnahme an der warmen Tränke bei Umgebungstemperaturen von ca. 19°C. Nicht in jeder Versuchsdurchführung kam es zu einer solchen eindeutigen Aussage. Als klares Ergebnis ist jedoch zu sehen, dass die Schweine in den Versuchen eindeutig auf Hitze mit einem Mehrverbrauch an der kalten Tränke reagieren.

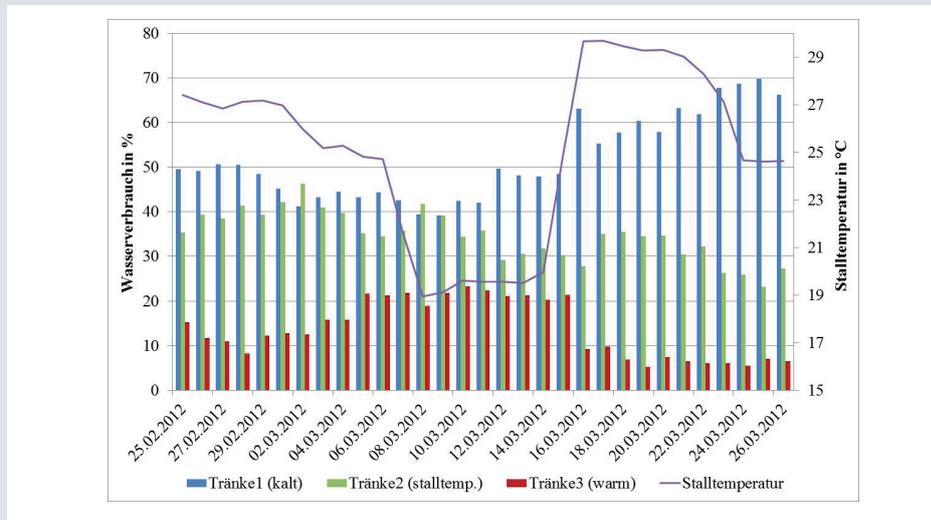


Abbildung 1: Darstellung der Stalltemperatur mit den relativen Wasserverbräuchen an den einzelnen Tränken

Vergleicht man die einzelnen Versuche untereinander, ist zu sehen, dass die Aufzuchtferkel die einzelnen Tränken im Verhältnis über die Versuchszeiträume fast identisch bedienen. Der Wasserverbrauch an der kalten Tränke (T1) ist bei allen Gruppen am größten (50-80 %). Dagegen ist der Wasserverbrauch der warmen Tränke (T3) am geringsten (4-25 %). Das lässt darauf schließen, dass die Tiere das kühlere Wasser bevorzugen. Der Verbrauch an der raumtemperierten Tränke (T2) liegt zw. (10-45 %). Zwischen der raumtemperierten und kalten Tränke (T2, T1) kommt es zu Mengenverschiebungen (Abbildung 2).

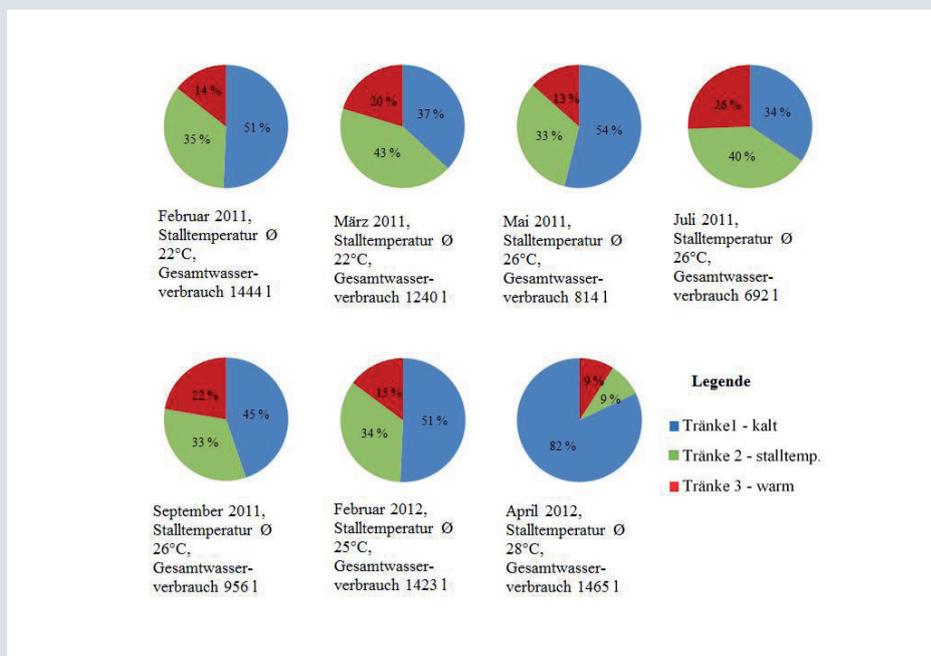


Abbildung 2: Darstellung der prozentualen Wasserverbräuche der einzelnen Tränken über den gesamten Versuchszeitraum jedes einzelnen Versuches

Die Stalltemperaturen liegen in den einzelnen Versuchen zwischen 22°C und 28°C. Der Wasserverbrauch an der kalten Tränke ist bei hohen Stalltemperaturen (28°C) deutlich erhöht. Bei Stalltemperaturen von 22°C liegt der Wasserverbrauch der raumtemperierten Tränke nahe dem Verbrauch an der kalten Tränke. Der Wasserverbrauch der einzelnen Gruppen variiert zw. 600- 1450 l insgesamt.

Die Ergebnisse lassen darauf schließen, dass bei den Aufzuchtferkeln anhand der kalten und der raumtemperierten Tränke eine Nachjustierung der bereits vorhandenen Klimakurven vorgenommen werden kann.

Mastschweine

Im Bereich der Schweinemast wurde ein ähnlicher Versuch durchgeführt, es wurde jedoch kein Einfluss auf die Stalltemperatur genommen. Einzig die Außentemperatur hat die Stalltemperatur in dem Versuchszeitraum von 12 Wochen beeinflusst. Versuchsgruppe 1 zeigt deutlich, dass an warmen Tagen (27°C-29°C) der Wasserverbrauch an der kalten Tränke (T1) signifikant ($p = 0,003$) zunimmt, wohingegen der Wasserverbrauch an der warmen Tränke (T3) ($p = 0,066$) abnimmt. Über den gesamten Versuchszeitraum betrachtet, haben die Mastschweine im Verhältnis mehr raumtemperiertes Wasser (T2 = 62 %, T1 = 28 %, T3 = 10 %) aufgenommen. Vergleicht man dies mit der durchschnittlichen Stalltemperatur, die bei 23°C lag, kann davon ausgegangen werden, dass die Stalltemperatur im „Wohlfühlbereich“ der Tiere lag.

In der Versuchsgruppe 2 sind keine signifikanten Verschiebungen der Wasserverbräuche bei sehr hohen Stalltemperaturen festzustellen. Die Verteilung an den Tränken ähnelt der aus Versuchsgruppe 1 (T1 = 38 %, T2 = 53 %, T3 = 9 %). Dies macht deutlich, dass die Tiere nicht zufällig, sondern gezielt die verschiedenen Tränken bedienen, da die Gruppen den gleichen Stalltemperaturen im Abteil ausgesetzt und nur räumlich voneinander getrennt waren.

(Geplante) Verwertung

Das fertiggestellte Tränksystem mit dem ARV-Klimacomputer soll in allen Halteabschnitten der Schweineproduktion zum Einsatz kommen. Es soll den Landwirt dabei unterstützen, die Aspekte der Tierschutz-Nutztier-Verordnung (TierSchNutzV, 2009) in Bezug auf die Forderung nach Kühltechniken, zu erfüllen. Darüber hinaus soll das System eine Arbeitserleichterung für den Landwirt im Hinblick auf die Selbstständigkeit der Tiergruppen bei der Einstellung der Stalltemperatur, darstellen. Jeder Mastdurchgang hat erfahrungsgemäß eine Spezifik, so dass die Standard-Klimakurve des Steuergerätes immer angepasst werden muss. Das Gerät kann bei einer Wärme-Übersorgung der Tiere (im Winter beim Einsatz von Heizungen) helfen, Energie und Brennstoffkosten zu senken. Des Weiteren kann es helfen, einen Nachweis des Wohlbefindens zu erbringen, wenn weder Hitze- noch Kältestress aufgetreten ist.

Literatur

VAJRABUKKA, C.; C. J. THWAITES, D. J. FARRELL (1981):

Overcoming the effects of high temperature on pig growth. Pp. 99-114 in Recent Advances in Animal Nutrition in Australia

TIERSCHUTZ-NUTZTIERHALTUNGSVERORDNUNG- TIERSCHNUTZTV (2009) :

VERORDNUNG zum Schutz landwirtschaftlicher Nutztiere und anderer zur Erzeugung tierischer Produkte gehaltener Tiere bei ihrer Haltung (Tierschutz-Nutztierhaltungsverordnung- TierSchNutzTV) vom 09. Oktober 2009

„Modifizierung und Optimierung von Regeleingangsgrößen in zwangsbelüfteten Stallanlagen der landwirtschaftlichen Nutztierhaltung“

“Modification and optimization of climatic parameters in stables with forced air-ventilation”

Laufzeit

01.11.2010 – 31.12.2012

Projektkoordinator, Institution

Herr PD Dr. Werner Frosch

Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg, Naturwissenschaftliche Fakultät III, Institut für Agrar- und Ernährungswissenschaft

Verbundpartner

Herr Horst Schierbaum
Möller GmbH

Herr Dipl.-Ing. (FH) Klaus Bachmann

Sächsisches Landeskuratorium Ländlicher Raum e.V., Fachgebiet Stallklima & Anlagenmanagement

Kurzfassung**Ziel**

Die Luftzirkulation in zwangsbelüfteten Stallanlagen kann gegenwärtig anhand des Temperaturfaktors, der relativen Luftfeuchte und des Kohlenstoffdioxidgehaltes geregelt werden. Die geforderten Richtwerte für Ammoniak können nicht als Regeleingangsgröße unter Praxisbedingungen genutzt werden. Damit bleiben die Momentanbelastungen

der Stallluft mit Ammoniakkonzentrationen unbeachtet. Im Rahmen dieses Projektes soll eine Regelung entwickelt, erprobt und in die Praxis umgesetzt werden, mit deren Hilfe eine kombinierte Regelung, die neben der Stallinnentemperatur und der relativen Luftfeuchte auch die Tier- und Umweltbelastungen der Luft in die Bewertung einbezieht. Zusätzlich könnte über das Management des Klimacomputers abgesichert werden, dass es zu keiner dauerhaften Überhöhung der Schadgaskonzentrationen kommen kann. Gleichzeitig wäre, über die Datenaufzeichnung, eine ständige Kontrolle über die Belastungen möglich (Qualitätssicherungsprogramm-QS). Durch diese Mehrkomponentenerfassung kann die Lüftung effektiver dem Bedarf der Tiere angepasst und somit eine optimale Gestaltung der Stallklimaparameter ermöglicht werden. Ein optimales Stallklima wiederum ist eine wesentliche Grundvoraussetzung für eine positive Tiergesundheit und stabile tierische Leistungen auf hohem Niveau.

Die Zielstellungen der geplanten Untersuchungen können wie folgt zusammengefasst werden:

1. Vergleich von Ammoniak-Konzentrationen und -Emissionen aus Stallabteilen auf Langzeitbasis, die mit und ohne Ammoniak-Gasdetektor ausgestattet sind,
2. Überprüfung der Langzeittauglichkeit eines Ammoniak-Gasdetektors anhand der ermittelten Konzentrationsmessungen und Abluftvolumenströme in den Stallabteilen,
3. Erfassung und Prüfung der Auswirkungen auf Lufttemperatur und -feuchte in den untersuchten Stallabteilen,
4. Erstellung eines optimalen Klimacomputer-Managements, in Abhängigkeit der unterschiedlichen Regeleingangsgrößen,
5. Bewertung des Energieverbrauchs und der Lüftungstechnischen Parameter einschließlich des Wirkungsgrades der Lüftungsanlage,
6. Bewertung der Tiergesundheit anhand pathologischer Untersuchungen.
7. Der Grundgedanke der o. g. Zielstellungen besteht darin, ein ausgewogenes Verhältnis zwischen Tier- und Umweltbelastung herzustellen.

Realisierung

Im Zeitraum bis April 2011 wurde unter Nutzung eines elektrochemischen Ammoniak-Sensors eine Software entwickelt sowie die notwendigen Hardwareelemente. Dazu fanden Laborversuche statt, um die Stabilität der Arbeitsweise zu erproben. Damit neben der Erfassung der Schadgaskonzentration und physikalischen Parameter es auch möglich war, die Daten der Lüftungsanlage (Stallinnentemperatur, relative Luftfeuchte, Abluftrate und Impulse Messventilator) in die Bewertung mit einzubeziehen, musste das bestehende PC-Klima-Programm um weitere Parameter (u. a. Ammoniak) erweitert

werden. Die gewonnenen Erfahrungen bei den Laborversuchen wurden bis April 2011 in die Lüftungsregelung integriert.

Im Mai 2011 erfolgte die praktische Umsetzung im Praxisbetrieb des Landwirtes Müller in Wölkisch. Dazu wurde der vorhandene DR 1-C, nach der Testerprobung, mit der Software und Hardware erweitert. Des Weiteren wurde es ermöglicht, dass eine kontinuierliche Datenerfassung der Lüftungstechnischen Parameter über einen zusätzlichen PC mit dem modifizierten PC-Klima-Programm erfolgen konnte. Für den Standort des Ammoniak-Sensors wurden zwei Varianten festgelegt. Die erste Variante bestand darin, als Standort für den Ammoniak-Sensor den Stallinnenbereich zu nutzen. Zur Sicherung der Funktionssicherheit und der Erfassung objektiver Messwerte wurde die Integration in einem perforierten Rohr genutzt.

Ergebnisse

Ab Mai 2011 kam dieser Ammoniak-Sensor im Praxisbetrieb des Landwirtes Müller in Wölkisch zum Einsatz. Hierbei erfolgte die Anwendung im Stallinnenbereich in einem perforierten Rohr. Die gemessenen Werte des Sensors wurden über das modifizierte PC-Klima-Programm erfasst. Eine Auswertung dieser Daten erfolgte über separate Standardsoftware. Negativ wirkte sich aus, dass die Einstellzeit (t_{90} -Zeit) nicht 500 Sekunden (laut technischer Daten), sondern zwei Tage betrug. Der Einsatz der Ammoniak-Regelung fand diskontinuierlich statt.

Durch parallel durchgeführte Referenzmessungen (10-20 ppm) wurde ermittelt, dass die gemessenen Werte des Sensors bereits nach zwei Monaten deutlich vom Referenzwert abwichen. Dies bestätigte die Annahme, dass eine permanente Ammoniakkonzentration zum Fehlverhalten des Sensors führt.

Als Schlussfolgerung wurde eine Lösung gesucht, den Ammoniak-Sensor extern zu installieren. Ab September 2011 kam diese Anwendung zum Praxiseinsatz (Testphase). Anhand der gewonnenen Erfahrungen wurde gemeinsam mit den Verbundpartnern im Dezember 2011 festgelegt, dass diese Variante 2 (externer Standort) im Jahr 2012, als primäre Lösung kontinuierlich, systematisch untersucht wird.

Aufgrund der technischen Unsicherheit des Sensors erfolgte parallel ab Dezember 2011 eine fünfwöchige Messreihe mit zwei zusätzlichen elektrochemischen Sensoren.

(Geplante) Verwertung

Da es nach unserem Wissen keine Konkurrenzlösung gibt, sehen wir gute wirtschaftliche Erfolgsaussichten auf eine Vermarktung des Endproduktes. Diese würde unseren Platz, als Anbieter von Lüftungssystemen im In- und Ausland merklich festigen können.

Wir sehen im externen Standort eine deutlich verbesserte Einsatzmöglichkeit des Ammoniak-Messkopfes, die sich außerdem in einer längeren Standzeit bemerkbar machen müsste. Weitere Untersuchungen werden dies bestätigen müssen. Die technische Umsetzung als Serienartikel dürfte realisierbar sein.

Es wäre damit möglich, eine Klimaregelung unter Einbeziehung der Regeleingangsgröße Ammoniak, in die Praxis umzusetzen.

Zurzeit wird eine Patentrecherche noch nicht in Erwägung gezogen. Sollte sich zu einem späteren Zeitpunkt eine Anmeldung lohnend erscheinen, so wird diese erfolgen.

„Verbesserung der Tiergerechtigkeit und Reduzierung der Ammoniak-Emissionen durch funktionsoptimierte Spaltenböden für Mastschweine“

“Reducing Emissions of Ammonia and Improving Animal Welfare by Optimized Slatted Floor”

Laufzeit

01.10.2010 bis 30.09.2013

Projektkoordinator, Institution

Prof. Dr. Wolfgang Büscher
Institut für Landtechnik, Universität Bonn

Verbundpartner

Dr. Richard Hölscher
Hölscher & Leuschner GmbH & Co. KG, Emsbüren

Landwirtschaftskammer NRW

Kurzfassung

Ziel

Spaltenböden sind die vorherrschende Form der Bodengestaltung in der Schweinehaltung. Die grundlegenden Aufgaben der Spaltenböden sind zum einen das kontrollierte Ableiten von Exkrementen in die unter dem Spaltenboden befindlichen Güllekanäle oder Güllelager. Zum anderen dienen sie den Tieren als Liege- und Bewegungsfläche. Ein Nebeneffekt ist die lufttechnische Trennung zwischen Güllelager und Bewegungsfläche. Die Schlitzbreite (bei Mastschweinen max. 18 mm) und der Perforationsanteil (Vollspalten max. 15%) sind in der Tierschutznutztierhaltungsverordnung sowie in der DIN EN 12737 festgelegt. Alle bisweilen kommerziell erhältlichen Spaltenböden für die Mastschweinehaltung weisen eine 100 % ebene Oberfläche auf.

Durch die neuartige Formgebung der Oberfläche des optiFLOOR-Spaltes (Firma Hölscher & Leuschner) mit gleichmäßig verteilten Gefällestrecken (keine plane Oberfläche), wird die Arbeitshypothese verfolgt, dass ein verbessertes bzw. schnelles Abfließen des durch die Tiere ausgeschiedenen Urins realisiert werden kann. Somit steht weniger Urin auf der Spaltenoberfläche, die Spalten sollen schneller abtrocknen und dadurch deutlich sauberer und trockener als herkömmliche Vollspaltenböden sein. Trockener Spalten und geringere Urinmengen verringern die Ammoniak-Entstehung im Stall und vermindern somit auch die Ammoniak-Emission des Stalls mit ggfs. umweltrelevanter Wirkung. Durch den auf ca. 6 % verringerten Schlitzanteil ist der Luftaustausch zwischen Güllelager und Bewegungsfläche vermindert. Auch hierdurch wird eine Emissionsreduzierung erwartet. Dem Effekt der sich selbst versiegelnden Schlitzte, bei zu geringem Schlitzanteil, wird durch die Trapezform der Oberfläche entgegengewirkt. (Abb. 1) Dadurch bedingt treten die Tiere den ausgeschiedenen Kot stets in Richtung der Schlitzte. Darüber hinaus sollen der verringerte Schlitzanteil und die ausgestaltete Oberfläche eine Verbesserung des Liegekomforts bzw. Tiergerechtheit zur Folge haben.

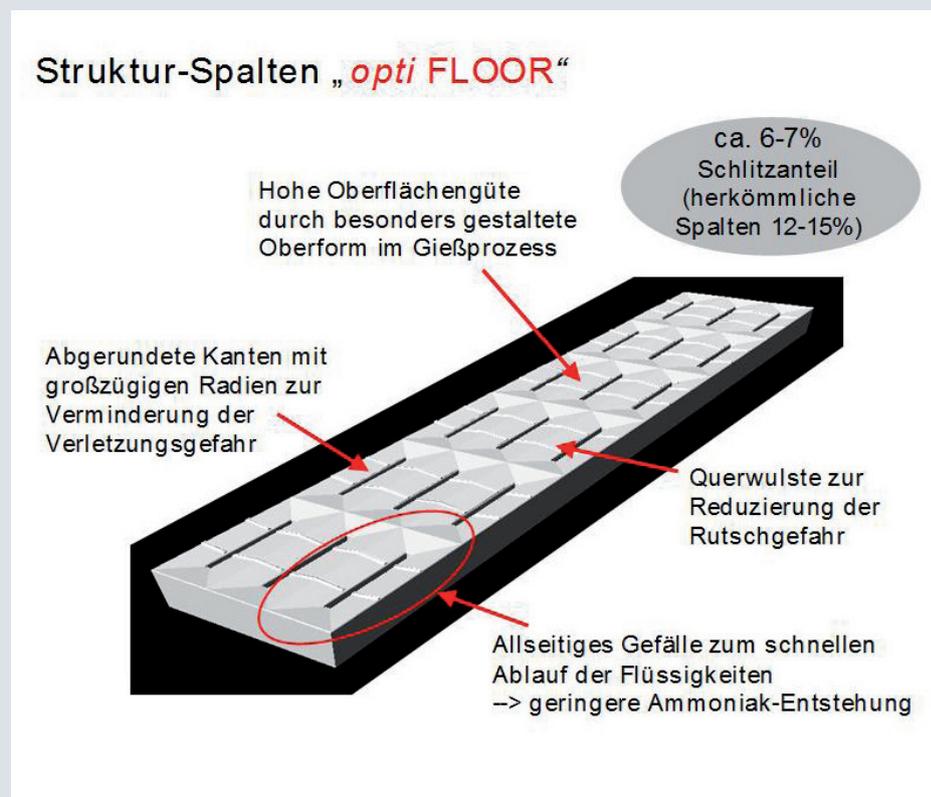


Abbildung 1: Merkmale der optiFLOOR-Spalten (Quelle: Hölscher & Leuschner)

Realisierung

Die Untersuchungen zu den Spaltenböden laufen auf dem Lehr- und Versuchsgut Haus Düsse/Mastanlage Süßholz, der Landwirtschaftskammer NRW. Basierend auf diesen Ergebnissen soll die Bewertung des Spaltenbodens in Bezug auf Tiergerechtigkeit, Raumluftqualität und Umweltrelevanz ermöglicht werden. In den laufenden Versuchen werden die Innenraumkonzentrationen von Methan (CH_4), Lachgas (N_2O), Kohlendioxid (CO_2) und Ammoniak (NH_3) in einem Stallabteil mit konventionellen Spalten und zwei weiteren Stallabteilen mit optiFLOOR-Spalten (jeweils 3 % und 6 % Schlitzanteil) während einer Mastperiode untersucht. Die Gaskonzentrationen in den jeweiligen Abteilen werden quasi-kontinuierlich nach der Methode der „Photoakustischen Spektroskopie“ mit Hilfe eines Multigasmonitors (Fa. LumaSense Technologies, Modell 1412, bestückt mit den optischen Filtern) bestimmt.

Als weiterer Schwerpunkt soll die vergleichende Integumentbeurteilung zwischen auf konventionellen und optiFLOOR-Spalten gehaltenen Tieren Aufschluss über eine verbesserte Tiergerechtigkeit geben. Dazu werden tierbezogene Parameter wie etwa Verschmutzungsgrad der Tiere und Buchten, Verletzungen, Klauenbefunde und Gelenkbonitur erfasst. Im Weiteren sollen in einem Großgruppenmastabteil sowohl konventionelle als auch optiFLOOR-Spalten verlegt und das Präferenzverhalten der Tiere in der Großgruppe untersucht und durch Videoaufzeichnungen ausgewertet werden.

Tabelle 1: Versuchsaufbau Kleingruppen, gestaffelt nach Mastdurchgang und Spaltenboden

	Durchgang 1 (Herbst/Winter 2011 -abgeschlossen)	Durchgang 2 (Winter/Frühjahr 2012 -abgeschlossen)	Durchgang 3 (Sommer/Herbst 2012 - laufend)	Durchgang 4 (Herbst/Winter 2012- ausstehend)
Abteil 1	Konventionell 15 %	Konventionell 15 %	Konventionell 15 %	Konventionell 15 %
Abteil 2	6 % optiFLOOR	6 % optiFLOOR	6 % optiFLOOR	6 % optiFLOOR
Abteil 3	3 % optiFLOOR	Kombination aus 6 % und 3 % optiFLOOR	Kombination aus 6 % und 3 % optiFLOOR	4,5 % optiFLOOR

Ergebnisse

Bei Betrachtung der NH_3 -Konzentrationen im Stallinnenraum ist auffällig, dass vor allem der Boden mit 3 % Schlitzanteil außerordentlich hohe Ammoniakkonzentrationen im Stallraum verursachte. Dies ist augenscheinlich auf die hohe Verschmutzung bis hin zum völligem Erliegen des Drainageeffekts des Bodens zurückzuführen. Vergleicht man die Verschmutzungsgrade der verschiedenen Böden, ist ersichtlich, dass vor allem bei dem Spaltenboden mit 3 % Schlitzanteil in 50 % der Fälle die Bonituren der Oberfläche feucht und verkotet waren und darüber hinaus in 13 % der Fälle stark verdreckt bzw. eine

schlammige Oberfläche aufwiesen. Die Ammoniakkonzentrationen auf konventionellem Boden, sowie 6 % Spaltenboden waren durchschnittlich geringer als bei dem 3 % Spaltenboden. Der konventionelle und 6 % Boden waren größtenteils trocken und sauber, wohingegen der 6 % Boden leicht verschmutzter war als der konventionelle Boden. Der konventionelle Boden neigte jedoch eher zu feuchten Oberflächen. Bezüglich der Hygiene der Buchten und Tiere sind die konventionellen Spalten und 6 % optiFLOOR-Spalten als gleichwertig zu erachten.

Das eingangs beschriebene Ziel der Reduzierung von Ammoniakemissionen bedingt durch die dreidimensionale Oberflächenstruktur der optiFLOOR-Spaltenböden konnte im Falle der 3 % Spaltenböden nicht erreicht werden. Mit 89,43 g NH₃ je Großvieheinheit und Tag hatte dieser Spaltenboden die mit Abstand höchsten Emissionswerte für Ammoniak, während der konventionelle bzw. 6 % Spaltenboden mit 70,29 und 71,46 g NH₃ je Großvieheinheit und Tag auf gleichem Niveau lagen. An dieser Stelle ist zu vermerken, dass auch der 6 % optiFLOOR-Spaltenboden keine signifikante NH₃-Minderung erreichte.

In Bezug auf die Klauen- und Fundamentgesundheit wurden im Rahmen der Bonituren verschiedene Merkmale untersucht. Im Laufe der Untersuchungen stellte sich heraus, dass der Perforationsgrad der Spaltenböden durchaus die Gesundheit der Gliedmaßen beeinflusst. Die Schwerpunkte lagen hier vor allem bei Sohle- und Ballenveränderungen, sowie Lederhautblutungen. Auffällig war hier, dass sich der 3 % Spaltenboden, gefolgt von dem 6 % und konventionellem Spaltenboden als besonders vorteilhaft für die Klauengesundheit der Tiere erwies.

Tabelle 2: Vergleichende Bewertung der Spaltenböden hinsichtlich Raumluftqualität, Emissionen, Verschmutzungsgrad und Fundamentbeurteilung

	NH ₃ -Emissionen	Raumluftqualität	Verschmutzung (Buchten & Tiere)	Klauen- und Fundamentbeurteilung
Konventionell, 15 % Schlitzanteil	+	+	+	-
optiFLOOR - 6 % Schlitzanteil	+	+	+	+
optiFLOOR - 3 % Schlitzanteil	--	--	--	++

++ sehr gut, + gut, - schlecht, -- sehr schlecht (Notengebung bezieht sich nur auf die vergleichende Bewertung innerhalb dieser Untersuchung)

Im weiteren Projektverlauf wird ein Spaltenboden mit 4,5 % Schlitzanteil entwickelt, um die positiven Aspekte des 3 % und 6 % Spaltenbodens zu verbinden, sowie dessen Wirkung auf Emissionen und Tierwohl zu untersuchen.

(Geplante) Verwertung

Neben der Nutzung der Ergebnisse für die Weiterentwicklung der Spaltenböden, werden die Ergebnisse auf Fachtagungen vorgestellt und sollen in wissenschaftlichen Journals veröffentlicht werden.

„PigComfort - Entwicklung von Komfortmatten für den Liege- und Laufbereich in der Sauenhaltung“

“PigComfort - Development of rubber mats for lying and moving areas of conventional housed sows”

Laufzeit

01.10.2010 bis 30.09.2013

Projektkoordinator, Institution

Dr. Lars Schrader

Institut für Tierschutz und Tierhaltung, Friedrich-Löffler-Institut (FLI), Celle

Verbundpartner

Dr. Wilhelm Pflanz

Bildungs- und Wissenszentrum Boxberg - Schweinehaltung, Schweinezucht - Landesanstalt für Schweinezucht (LSZ), Boxberg

Martin Klinger

Forschung & Entwicklung, KRAIBURG Elastik GmbH, Tittmoning

Kurzfassung

Ziel

Ziel des Forschungsvorhabens ist es, Gummimatten für den Liege- und Laufbereich für Sauen, zu entwickeln und zu testen. Damit soll auch in strohlosen Haltungsverfahren ein verbesserter Liegekomfort für die Sauen, eine sichere Fortbewegung und hierdurch eine Reduktion haltungsbedingter Verletzungen erreicht werden.

Realisierung

Die Entwicklung und Erprobung von Gummimatten für den Liege- und Laufbereich erfolgt in verschiedenen Arbeitspaketen. Für jedes dieser Arbeitspakete ist jeweils einer der Projektpartner verantwortlich, wobei bei einzelnen Arbeitspaketen mehr als ein Projektpartner beteiligt ist. So ist die Firma KRAIBURG zuständig für die verfahrenstechnische Entwicklung der Gummimatten für den Liege- und Laufbereich. Aufgabenbereiche des Instituts für Tierschutz und Tierhaltung (FLI) in Celle sind Messungen der Druckverteilung während des Liegens, Beurteilung der Trittsicherheit von Matten für den Laufbereich (Laufganganalyse), sowie die Bestimmung des Freisetzungspotenzials von Ammoniak. Im nachfolgenden Beitrag werden die Arbeitspakete und die ersten Ergebnisse der Landesanstalt für Schweinezucht und Schweinehaltung (LSZ) in Boxberg vorgestellt.

Bonitur der Klauengesundheit

Zwei Abteile mit insgesamt vier Gruppenbuchten im Deckbereich (jeweils 15 Sauen pro Bucht) werden zur Beurteilung der Klauengesundheit herangezogen. Im Liegebereich werden unterschiedliche Bodenbeläge (Spaltenboden, Betonboden, Gummimatte (PORCA relax) und eine weichere Gummimatte (Prototyp)) in Bezug auf die Klauengesundheit gegeneinander getestet. In jeder der vier Buchten befindet sich jeweils einer dieser Bodenbeläge im Liegebereich. Jede Sauengruppe wird fünf Wochen im Deckbereich gehalten. Insgesamt finden zwölf Durchgänge pro Abteil statt. Die Klauenbeurteilung im Deckzentrum erfolgt zu drei Terminen pro Durchgang. Zusätzlich werden die Klauen im Abferkelstall und im Wartebereich bonitiert.

Analyse des Laufverhaltens auf Beton und/oder Gummimatten im Wartebereich

In der Gruppenhaltung für Wartesauen (dynamische Gruppe) werden im Aktivitätsbereich Laufwege aus Gummimatten (Breite 60 cm) verlegt. Das Abteil besteht aus Liegekojen mit Gummimatten, einem Aktivitätsbereich aus Spaltenboden und einem Auslauf. Es ist mit zwei Abrufstationen ausgestattet. Untersucht wird das Laufverhalten der Sauen auf Betonspaltenboden (Nullvariante), Spaltenboden mit zusätzlichem Laufweg aus Gummimatten, mit versetzt angeordnetem Laufweg und zwei Laufwegen aus Gummimatten. Jeder Durchgang hat eine Dauer von drei Wochen, die ersten beiden Wochen dienen als Eingewöhnungsphase, die letzte Woche ist die Versuchsphase. Während der Versuchsphase finden die Verhaltensbeobachtungen mittels Videotechnik statt. Pro Variante werden vier Durchgänge analysiert.

Wahlversuch zu verschiedenen Bodenbelägen inklusive Analyse des Liegeverhaltens der Sauen im Wartebereich

Die Untersuchungen zum Wahl- und Liegeverhalten der Sauen finden in einem Abteil in der Gruppenhaltung für Wartesauen (statische Gruppe) statt. In diesem Abteil befindet sich eine Abrufstation. Es besteht aus sechs gleichgroßen Liegekesseln (planbefestigtem Boden mit 3% Gefälle). Die Sauen können zwischen Betonliegekojen, Kojen mit Gummimatte (PORCA relax) und Kojen mit einer weicheren Gummimatte (Prototyp) wählen. Damit eine freie Wahlmöglichkeit aller Sauen gegeben ist, werden lediglich acht Sauen in das Abteil eingestallt. Insgesamt werden 18 Durchgänge durchgeführt. Ein Durchgang hat eine Zeitdauer von drei Wochen. Mit Hilfe von Videoaufzeichnungen wird das

Verhalten der Sauen beobachtet. In den ersten sieben Tagen werden das Wahlverhalten und die Liegepositionen auf den unterschiedlichen Bodenbelägen untersucht. Die Videos werden mit der Scan-Sampling-Methode ausgewertet. Nach sieben Tagen endet der Wahlversuch, vier der sechs Liegekojen werden verschlossen, so dass lediglich zwei Kojen mit jeweils dem gleichen Bodenbelag für zwei Tage geöffnet sind. In dieser Zeit wird die Liegeposition (Seitenlage, Halbseitenlage, Bauchlage), die Liegedauer in der jeweiligen Position und das Auf- und Abliegeverhalten zeitlich erfasst. Die Videoauswertung des Liegeverhaltens erfolgt mit dem Auswertungsprogramm Interact von Mangold.

Ergebnisse

Bonitur der Klauengesundheit im Deckzentrum

Die Gummimatten im Liegebereich zeigen eine positive Beeinflussung der Klauengesundheit im Vergleich zur Klauengesundheit der Sauen, welche ausschließlich auf Spaltenboden gehalten werden. Beispielhaft ist in Tabelle 1 das Merkmal „Klauen mit Wandhornabschürfungen und Lederhautblutungen“ dargestellt. Auf der Gummimatte werden vom Einstallen bis zum Ausstallen der Sauen kaum Veränderungen bei diesem Merkmal sichtbar. Sauen hingegen, welche ausschließlich auf Spaltenboden gehalten werden, weisen bis zum Ausstallen erhöhte Abschürfungen am Wandhorn auf. Auf dem Spaltenboden kommt es zu einer stärkeren Verschiebung der Boniturnoten, während die Klauenbefunde auf der Gummimatte annähernd gleich bleiben. Bei diesem Merkmal zeigen sich höchst signifikante Unterschiede ($p < 0.0001$).

Tabelle 1: Häufigkeit des Merkmals „Klauen mit Wandhornabschürfung und Lederhautblutung“ in % (Differenz in Prozentpunkten)

Datensätze 286					
Häufigkeit des Merkmals Wandhornabschürfung / Lederhautblutung in %					
Boniturnote		1 Keine Auffälligkeiten	2 Leichte Abschürfungen	3 Lederhaut- blutung	4 Massive Abschürfung mit Blutung
Spaltenboden n = 70 Sauen	Einstallen	8,5	67,9	23,6	0
	Ausstallen	0	22,9	70,7	6,4
	Differenz	-8,5 ↘	-45,0 ↘	+47,1 ↗	+6,4 ↗
Porca relax n = 73 Sauen	Einstallen	20,7	62,7	15,2	1,4
	Ausstallen	12,4	62,3	24,6	0,7
	Differenz	-8,3 ↘	-0,4 ↘	+9,4 ↗	-0,7 ↘
Bodenbelag $p < 0,0001$					

Analyse des Laufverhaltens auf Beton und/oder Gummimatten im Wartebereich

Bei der Analyse des Laufverhaltens wird ein zielgerichtetes Laufen der Sauen zur Abrufstation und zurück zur Liegekoje gewertet. Besteht die gesamte Fläche des Aktivitätsbereiches aus Spaltenboden, laufen die Sauen bevorzugt auf der linken (39%) und rechten Seite (34%) entlang den Liegekojen. Nach der Befestigung eines Laufweges aus Gummimatten in der Mitte des Aktivitätsbereichs, bevorzugen die Sauen diesen zur Fortbewegung. Erste Tendenzen zeigen, dass 42% der Sauen auf der Matte laufen (Abb. 1).



Abbildung 1: Sauen nutzen den 60 cm breiten Laufweg aus Gummimatten zur Fortbewegung (Baumann)

Wahlverhalten der Sauen zu verschiedenen Bodenbelägen im Wartebereich

Die Ergebnisse aus dem ersten Durchgang (Abb. 2) im Wahlversuch zeigen, dass Sauen einen weichen Untergrund zum Liegen bevorzugen. Die Betonfläche wird mit 7,6% nur selten genutzt. Die weichere Matte (Prototyp) wird im Vergleich zur „härteren“ Matte (PORCA relax) tendenziell bevorzugt (50,4% vs. 42,0%).

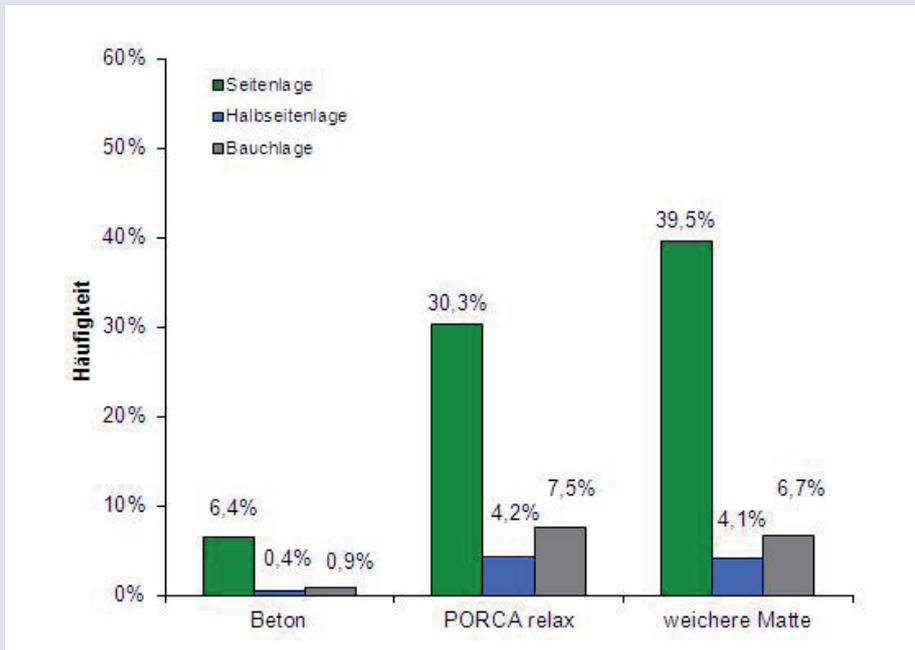


Abbildung 2: Wahlverhalten und Liegeposition von Sauen im ersten Durchgang des Wahlversuchs (n = 8 Sauen)

(Geplante) Verwertung

Im vorliegenden Projekt sollen Matten für Sauen entwickelt werden, die hinsichtlich ihres Härtegrades und ihrer Oberflächeneigenschaften den biologischen Anforderungen der Tiere an einen Boden zum Ruhen und zum Laufen gerecht werden. Im Hinblick auf die Wirtschaftlichkeit müssen die Matten günstig zu produzieren und nachträglich zu installieren sein, sowie eine lange Haltbarkeit aufweisen. Mit dem Projektpartner KRAIBURG soll ein Produkt entstehen, das den aktuellen Marktanforderungen gerecht wird. Die neuen Erkenntnisse fließen in die Beratungsaufgaben vom FLI sowie der LSZ für Politik und landwirtschaftliche Praxis ein. So können z. B. freiwillige staatliche Förderprogramme auf die Ergebnisse zurückgreifen bzw. die Anforderungen danach ausgerichtet werden.

„Entwicklung und Erprobung eines tiergerechten Wühltrogsystems für einstreulos gehaltene Mastschweine“

“Design, construction and test of a trough for nuzzling to facilitate species-appropriate feeding of litterless pigs”

Laufzeit

01.08.2010 bis 31.07.2013

Projektkoordinator, Institution

Prof. Dr. Oliver Hensel

Universität Kassel, Fachgebietsleiter Agrartechnik, Witzenhausen

Verbundpartner

Internorm Kunststofftechnik GmbH, Damme

Kurzfassung

Ziel

Im Mittelpunkt des Forschungsvorhabens steht die innovative Produktentwicklung eines Wühltrogsystems, welches Mastschweinen auch in intensiven Haltungssystemen eine artgemäße Futteraufnahme ermöglicht. Erreicht wird dies durch Nachstellung der Futteraufnahme unter natürlichen Bedingungen mittels federbelasteter Kunststoffelemente aus Polyurethan (PUR). Durch die im Trog befindlichen Wühlelemente ist für die Schweine das Ausüben des im Normalverhalten verankerten Wühlverhaltens bei der Nahrungsaufnahme möglich. Die federbelasteten Wühlelemente müssen zur Futteraufnahme mit dem Rüssel beiseitegeschoben werden und weichen beim Zurückziehen des Rüssels wieder zurück. Durch eine elastische Befestigung der Wühlelemente werden nicht erlernbare Bewegungen nach Manipulation durch das Tier erreicht, dies regt das Tier immer wieder zur Beschäftigung an. Das Vorhandensein der Wühlelemente in der Trogschale stellt einen Widerstand für das Tier dar, den es vor der Futteraufnahme zu Überwinden gilt, ähnlich den Gegebenheiten in natürlicher Umgebung. Durch diese sinnvolle Anbringung wird verhindert, dass Futter „verspielt“ wird und ungenutzt in das Güllesystem gelangt. Mit der Verwendung moderner Werkstoffe wird ein Maximum an Benutzerfreundlichkeit erreicht und der Aufwand für Wartungsarbeiten wird minimiert. Durch den bewussten Verzicht auf Stroh als Wühlsubstrat entfällt das arbeitsaufwändige Nachfüllen, Probleme mit der Entmistungstechnik treten erst gar nicht auf. Die Kombination von Wülmöglichkeit und Futteraufnahme leistet einen wesentlichen Beitrag zur Steigerung des Wohlbefindens der Tiere. Zudem wird besonderer Wert auf die gesundheitliche Unbedenklichkeit der eingesetzten Materialien gelegt. Das eingesetzte Polyurethan, welches vielfach auch im Bereich der Lebensmittelproduktion Verwendung

findet ist leicht zu reinigen und zu desinfizieren, unterliegt keinem Verschleiß und keiner Abnutzung und ist damit lange haltbar. Bei dem Material handelt es sich um einen nach Richtlinie 91/630 EWG unbedenklichen Werkstoff. Rückstände in der weiteren Produktkette sind daher, anders als bei den meisten in der Praxis üblichen Beschäftigungsmaterialien nicht zu erwarten. Das Projekt schließt damit Fragestellungen im Bereich des Schweineverhaltens und die Anwendung von Erkenntnissen der Werkstofftechnik mit ein.

Realisierung

Im ersten Projektjahr steht die Entwicklung und Fertigung der Wühlkegelelemente im Fokus. Die Universität Kassel wird die theoretische Entwicklung von Wühlelementen verschiedener Beschaffenheit, bestehend aus Polyurethankörpern verschiedener Größe und Geometrie durchführen. Parallel dazu wird die Firma Internorm GmbH die Entwicklung von Spritzformen und Befestigungsmitteln für die Wühlelemente und die Auswahl der geeigneten Materialzusammensetzung (Härte, Oberflächenbeschaffenheit) durchführen. Desweiteren wird eine umfassende Literaturrecherche durchgeführt, anhand derer ein praxistaugliches Boniturschema für Schweine entwickelt wird. Mithilfe des Boniturschemas sollen die Folgen von Schwanz- und Ohrenbeißen und anderer Auseinandersetzungen der Tiere messbar und zwischen den Versuchsgruppen vergleichbar gemacht werden. Zusätzlich werden zum Ende des 1. Projektjahres erste Vorversuche durchgeführt. Die Vorversuche dienen der Klärung noch offener Fragen im Versuchsdesign, sowie deren Merkmale im Hinblick auf das Erfassen des Wohlbefindens der Mast Schweine unter besonderer Berücksichtigung der Praktikabilität und Durchführbarkeit.

Im zweiten Projektjahr wird insbesondere der Prototyp des Wühltrögsystems ständig weiterentwickelt. In Vorversuchen wird die Videotechnik zur Tierbeobachtung getestet und an die konkreten Versuchsbedingungen angepasst. Hierfür soll der Prototyp des Wühltrögsystems eingesetzt werden und gleichzeitig sollen dabei verschiedene Befestigungsmöglichkeiten für die Wühlelemente im Futtertrog getestet werden. Um Aussagen über die Haltbarkeit der federbelasteten Wühlelemente treffen zu können, wird ein Prüfstand entwickelt, welcher die Belastung der Wühlelemente durch die Schweine nachstellt.

Im dritten Projektjahr steht die Durchführung des Hauptversuches mit dem entwickelten Wühltrögsystem im Fokus. Ebenso geplant ist die Präsentation der Ergebnisse auf verschiedenen Veranstaltungen wie u.a. der EuroTier 2012 in Hannover.

Ergebnisse

Es ist nach Abschluss der Vorversuche möglich konkrete Aussagen zur Geometrie und Oberflächenbeschaffenheit der Wühlelemente zu machen. Der optimale Durchmesser des PUR-Körpers für den Einsatz der Wühlelemente in der Mastschweinehaltung konnte bestimmt werden. Zudem konnte die eingesetzte Zugfeder durch werkstofftechnische Veränderungen derart optimiert werden, dass sie der Belastung durch die daran wühlenden/spielenden Schweine über einen Zeitraum von mindestens einem Jahr standhält.

(Geplante) Verwertung

Die Entwicklung einer Fütterungs- und Beschäftigungskombination für Mastschweine mit der Möglichkeit einer gleichzeitigen Gabe von Futter und der Sicherstellung einer arttypischen Futteraufnahme findet einen breiten Kundenkreis in der Landwirtschaft. Die Kosten für das Wühltrogssystem werden schnell durch die sich verminderten Kosten für Heilbehandlungen, Tierverluste oder geringere Schlachtendgewichte bzw. längere Mastzeiten aufgewogen. Dabei werden Tiergerechtheit, Hygiene und Wirtschaftlichkeit des Mastverfahrens entscheidend erhöht. Durch die beiden unterschiedlichen Systeme der Ausstattung der Futterautomaten als Wühltrogssystem: 1. Komplettes Wühltrogssystem = Futterautomat mit eingebauten Wühlkegeln für die Stalleinrichtung in neuen Ställen oder 2. Einzelne Wühlelemente zum nachträglichen Einbau in vorhandene Futtertröge sind die Investitionskosten für den Schweinemäster klar zu kalkulieren und überschaubar. Für den Bereich der Erstausrüstung neuer Ställe mit dem Wühltrogssystem wird mittelfristig die Zusammenarbeit mit einem erfahrenen Unternehmen, welches als Erstausrüster für Schweineställe am Markt agiert, angestrebt.

„Untersuchungen zur bedarfsgerechten Versorgung von Mastebnern zur Ausschöpfung des genetisch vorhandenen Leistungspotenzials (Eberfütterung)“

“Investigations of meeting the demands for energy and nutrient supply of growing-finishing boars for exploitation of the genetically determined performance potential”

“(Feeding of boars)”

Laufzeit

01.03.2011 bis 31.10.2013

Projektkoordinator, Institution

Dr. Simone Müller
Thüringer Landesanstalt für Landwirtschaft, Jena

Verbundpartner

Dr. Andreas Berk
FLI, Institut für Tierernährung, Braunschweig

Prof. Annette Zeyner¹⁾, Dr. Kirsten Büsing
Universität Rostock, Professur für Ernährungsphysiologie und Tierernährung, Rostock

Prof. Winfried Matthes
LFA Mecklenburg-Vorpommern, Institut für Tierproduktion, Dummerstorf,

Dr. Manfred Weber
LLfG Sachsen-Anhalt, Zentrum für Technik und Tierhaltung Iden, Iden

Frau Luise Hagemann
LELF Brandenburg, Abt. Landwirtschaft und Gartenbau, Teltow /Ruhlsdorf

Herr Georg Riewenherm
Deutsche Tiernahrung Cremer GmbH & Co. KG, Düsseldorf

Dr. Meike Rademacher
Klaas Krüger, Evonik Degussa AG, Hanau-Wolfgang,

Dr. Annabell Hardinghaus
Deutsche Vilomix Tierernährung GmbH, Neuenkirchen-Vörden

Verbundpartner

Robert Winkelmann, Dr. Helmuth Claus
HaGe Nord AG, Kiel

¹⁾ jetzt MLU Halle

Kurzfassung**Ziel**

Schaffung wissenschaftlicher Grundlagen für die Ableitung von Empfehlungen zur Energie- und Aminosäurenversorgung von Masthybridebern unter Berücksichtigung typischer Hybridherkünfte

Realisierung

Die Untersuchungen gliedern sich in vier Teilprojekte mit den nachfolgend wesentlichen Arbeitsschwerpunkten:

Teilprojekt 1: „Untersuchungen zum Proteinansatzvermögen und zur Körperzusammensetzung von Mastebnern“

- Durchführung von N-Bilanzversuchen zur Ermittlung des Proteinansatzvermögens
- Ganzkörperanalysen zur Kalkulation des Gewebeansatzes der Masthybrideber (Protein, Fett, Mineralstoffe)
- Ableitung von Versorgungsempfehlungen für die Exakt-Fütterungsversuche

Teilprojekt 2: „Durchführung von Exakt-Fütterungsversuchen mit verschiedenen Fütterungsstufen und differenzierter genetischer Grundlage“

- Fleischleistungsprüfung von Masthybridebern mit unterschiedlichen Versorgungsstufen essentieller Aminosäuren (EAS)
- Erfassung der sensorischen Geruchsabweichungen und der Konzentrationen geruchsrelevanter Verbindungen im Fettgewebe
- Ableitung von Versorgungsempfehlungen für die Praxisversuche

Teilprojekt 3: „Durchführung von Gruppenfütterungsversuchen mit Kontroll- und Versuchsgruppe unter Praxisbedingungen“

- Untersuchungen zur Praktikabilität und Wirtschaftlichkeit der abgeleiteten Versorgungsempfehlungen in der Mast von männlichen Masthybriden

Teilprojekt 4: „Untersuchungen zur praecaecalen Verdaulichkeit“

- Durchführung von Verdauungsversuchen mit den in den Exaktversuchen geprüften Mischfuttermitteln zur Bestimmung der tatsächlich erreichten Protein- und Aminosäureverdaulichkeit

Bisherige Ergebnisse

Die Exakt-Fütterungsversuche basieren auf den Ergebnissen des ersten N-Bilanzversuches mit insgesamt 12 Tieren, die einzeln in Stoffwechsellkäfigen gehalten wurden (Otten et al., 2012). Die Probanden erhielten in drei Versuchsperioden 3 Futtermittel mit unterschiedlicher Aminosäureausstattung, wobei sich das Futter 1 mit einer angestrebten Ausstattung von 11 g praecaecal verdaulichem (pcv) Lysin je kg Futter an den Empfehlungen der GfE (2006) am täglichen Bedarf Tieren mit einem „sehr hohen Proteinansatz“ orientierte. Das Futter 2 entsprach 110% und das dritte Futter 120% dieser Empfehlungen. Das Verhältnis von Lysin (Lys), Methionin/Cystein (M+C), Threonin (Thr), Tryptophan (Trp) und Valin (Val) zueinander wurde auf Lys: M+C : Thr : Trp : Val = 1 : 0,60 : 0,65 : 0,18 : 0,75 eingestellt. Aus dem N-Bilanzversuch ließ sich mit einer verbesserten Aminosäureversorgung eine höhere N-Retention und damit auch ein höherer Proteingehalt im Ansatz beobachten. Der ermittelte Proteinansatz betrug zwischen den Versuchsgruppen 168 bis 181 g Gramm je Tag (Abb. 1).

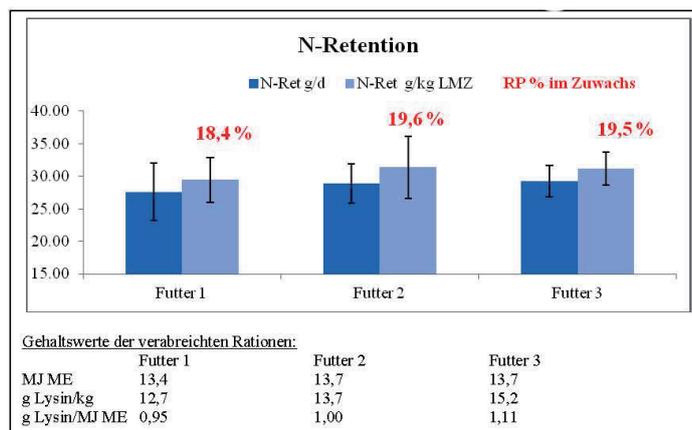


Abbildung 1: Ergebnisse des 1. N-Bilanzversuches (Otten et al, 2012)

In den zweiphasigen Exakt-Fütterungsversuchen mit 13,4 MJ ME im Vormastfutter (VM) bzw. 13,0 MJ ME im Endmastfutter (EM) ab 60-75 kg dienten die in 2010 veröffentlichten Richtwerte für die Jungebermast (DLG, 2010) als Orientierungsgrößen für das Futter innerhalb der Kontrollgruppe (VG100: 11,5 g Lysin je kg VM und 9 g Lysin je kg EM). Die gewählten Steigerungsstufen ergaben sich aus dem ersten N-Bilanz-Versuch. Die Lysinversorgung in der Versuchsgruppe 1 (VG115) wurde mit 13,2 (VM) und 10,4 g Lysin je kg (EM) auf 115 % der Kontrollgruppe angehoben. In der Versuchsgruppe 2 (VG130) wurde die Lysinversorgung mit 14,9 (VM) und 11,7 g Lysin je kg (EM) auf 130 % erhöht (Abb. 2). Das Verhältnis der EAS zueinander entsprach dem der N-Bilanzversuche.

Ab-schnitt	Inhalts-stoff	DLG (2010)	Versuchsgruppe		
			VG100	VG115	VG130
VM ab 25 kg	MJ ME	13,4			
	Lysin g/kg	12,0	11,5	13,2	14,9
	pcv g/kg	10,5	10,1	11,8	13,4
	g Lys/MJ	0,90	0,86	0,99	1,11
EM ab 70-75 kg	MJ ME	13,0			
	Lysin g/kg	9,5	9,0	10,4	11,7
	pcv g/kg	8,0	7,8	9,1	10,4
	g Lys/MJ	0,75	0,69	0,80	0,90

Lys: M+C : Thr : Trp : Val = 1 : 0,60 : 0,65 : 0,18 : 0,75

Abbildung 2: Versorgungsstufen innerhalb der Exaktfütterungsversuche

Die Futtermittel wurden getrennt nach Vor- und Endmastfutter von einem Futtermittelhersteller gemischt und an die beteiligten drei Prüfstationen ausgeliefert. Die projektspezifisch erzeugten Masthybrideber waren Nachkommen von Piétrainebern zwei differenzierter Herkünfte.

Tabelle 1: Ergebnisse der Fleischleistungsprüfung (LS-Means nach Varianzanalyse mit gemischtem Modell)

Merkmalskomplex	Merkmal	Maßeinheit	Versuchsgruppe			p =
			100 %	115 %	130 %	
<i>LS-Means</i>						
Mastleistung						
	Tageszunahme	g/d	923	942	935	0,318
	Futteraufwand	kg/kg Zuwachs	2,36	2,32	2,33	0,220
	Futteraufnahme	kg/d	2,17	2,18	2,17	0,857
Schlachtleistung						
	Fettfläche	cm ²	15,5	53,7	54,3	0,496
	Fleischfläche	cm ²	55,1	53,7	54,3	0,144
	Muskelfleischanteil	%	60,0	60,0	60,3	0,586
	Fleischanteil im Bauch	%	58,7	58,8	58,9	0,836
Fleischqualität						
	... pH, 45 min p.m. Kotelett		6,21	6,20	6,23	0,818
	... pH, 45 min p.m. Schinken.		6,34	6,23	6,30	0,067
	LF, 24 h p.m., Kotelett	mS	5,28	5,21	5,06	0,799
	Tropfsaftverlust	%	2,7	2,8	2,8	0,660
	IMF-Gehalt	%	1,08	1,12	1,03	0,559
Gehalt geruchsaktiver Substanzen im Nackenspeck						
	Androstenon	ng/g	914	904	804	0,652
	Skatol	ng/g	129	91	94	0,267

Aus den Ergebnissen (Tab. 1) des ersten Durchganges der Exaktfütterungsversuche mit insgesamt 214 Masthybridebern lassen sich folgende erste Schlussfolgerungen ableiten:

1. Die relativ geringen Unterschiede in den Mastleistungsergebnissen (Prüftagszunahme und Futteraufwand) zwischen den unterschiedlichen Fütterungsgruppen ließen sich bei Auswertung über die beteiligten Prüfstationen statistisch nicht sichern. Dennoch müssen nach Abschluss eines weiteren Durchganges der Fütterungsversuche mit anderer Genetik insbesondere die beobachteten Wechselwirkungen zwischen Steigerungsstufe und Mastabschnitt (Vor-/Endmast) einer gesonderten Betrachtung unterzogen werden.
2. Es bestehen keine signifikanten Unterschiede zwischen den Versuchsgruppen in den Merkmalen des Schlachtkörperwertes und der Fleischqualität. Nach bisherigem Kenntnisstand ist eine den DLG-Empfehlungen (2010) entsprechende Versorgung mit EAS bedarfsdeckend, d.h. eine über dem Bedarf liegende Versorgung mit EAS führt zu keiner weiteren Verbesserung des Schlachtkörperwertes.
3. Die Fütterungsintensitätsstufe hat keinen signifikanten Einfluss auf den Gehalt der geruchsaktiven Substanzen Androstenon, Skatol und Indol im Nackenfett und den Anteil an geruchsauffälligen Eberschlachtkörpern, erfasst am Schlachtband. Die analytische sensorische Prüfung durch ein geprüftes Sensorikteam steht noch aus. Eine besondere Berücksichtigung müssen die betriebsspezifisch auftretenden Unterschiede sowohl im Gehalt an Androstenon und Skatol als auch dem Auftreten von Ebergeruch erfahren.

Die Ergebnisse werden noch durch die Ergebnisse der Ganzkörperanalysen und einen weiteren Exaktfütterungsversuch mit anderer Genetik verifiziert.

Die Ergebnisse zu den Teilprojekten 3 und 4 werden Ende 2012 bzw. in 2013 vorliegen.

(Geplante) Verwertung

Der komplexe Untersuchungsansatz liefert wesentliche Grundlagen, um auf der Basis der faktoriellen Methode und gleichzeitig durchgeführter Exaktfütterungsversuche Empfehlungen zur Energie- und Nährstoffversorgung von männlichen unkastrierten Mastschweinen unter Berücksichtigung typischer Hybridherkünfte abzuleiten.

Mit den Untersuchungen von Androstenon, Skatol und Indol im Fettgewebe und den Sensorikprüfungen sind Aussagen über die fütterungs- und betriebsbedingten Veränderungen des Anteils geruchsbelasteter Eberschlachtkörper möglich. Inwieweit mit einer bedarfs- und leistungsgerechten Versorgung bzw. Fütterung von Masthybridebern eine wirtschaftliche Ebermast erreichbar ist, soll durch die integrierten Praxisversuche fundiert belegt werden.

Die Untersuchungen zur praecaecalen Verdaulichkeit berücksichtigen, dass für die Bewertung der Proteinqualität beim Schwein nur die praecaecal verdaulichen essentiellen Aminosäuren in ausreichendem Maße für die Proteinsynthese nutzbar sind.

„Untersuchungen zu spezifischen Fütterungs- und Haltungskonzepten für die Ebermast zur Minimierung von Geruchsabweichungen am Schlachtkörper durch Androstenon und Skatol – BoarTaintDown“

“Investigations on specific feeding and housing concepts for fattening boars in order to reduce boar taint due to androstenone and skatole levels in the carcass – BoarTaintDown”

Laufzeit

01.02.2011-31.12.2013

Projektkoordinator, Institution

Dr. Robert Tabeling
Veterinärsgesellschaft im BHZP, Dahlenburg-Ellringen

Verbundpartner

Dr. Hubert Henne
BHZP GmbH, Dahlenburg-Ellringen

Prof. Dr. Josef Kamphues
Stiftung Tierärztliche Hochschule Hannover, Institut für Tierernährung,
Hannover

Dr. Conrad Welp
VzF-GmbH, Uelzen

Kurzfassung

Ziel

Primäres Ziel ist die Entwicklung spezifischer Fütterungsempfehlungen (Futterzusammensetzung, Fütterungsintensität) für die Ebermast, mit denen Risiken für Geruchsabweichungen am Schlachtkörper („boar taint“) minimiert werden. Unter Einbeziehung bekannter Genotyp- und Haltungseffekte (Eberlinien mit definiert unterschiedlicher Disposition für Geruchsabweichungen bei männlichen Nachkommen; gemischt- und getrenntgeschlechtliche Mast) soll die Korrelation dieser Einflussfaktoren zur Sensorik und den Gehalten an Androstenon bzw. Skatol in Schlachtkörperproben ermittelt werden.

Realisierung

Der Arbeitsplan sieht in der zeitlichen Strukturierung drei aufeinander folgende Phasen vor: Zunächst (Phase 1 „Ebercharakterisierung“) wurden anhand entsprechender Untersuchungen an Nachkommengruppen solche Eberlinien ausgewählt, die eine definierte

Disposition für Geruchsabweichungen ihrer männlichen Nachkommen zeigen. Mit derart charakterisierten Nachkommen werden dann in der Phase 2 („Institutsversuche“) Einflüsse der Futterzusammensetzung und Fütterungsintensität (restriktiv/ad libitum) unter standardisierten tierexperimentellen Bedingungen geprüft. Hieran schließt sich die Phase 3 („Feldversuche“) an, in der das wirksamste Fütterungskonzept bei restriktiv/ad libitum Fütterung kombiniert mit gemischt-/getrenntgeschlechtlichen Haltung auf „Wirksamkeit und Sicherheit“ untersucht wird.

Ergebnisse

Phase 1: Ebercharakterisierung

In der Versuchsphase 1 des Projektes BoarTaintDown wurden von 744 geschlachteten Ebern der Linien Pietrain (db.77; n = 617) und Duroc (db.08; n = 127) Fettproben gewonnen. 36 Voll- bzw. Halbbrüder dieser Schlachttiere wurden in der BHZP-eigenen KB-Station aufgestellt (Wartehaltung), um gezielt in den folgenden Versuchsphasen eingesetzt zu werden (Abb. 1).

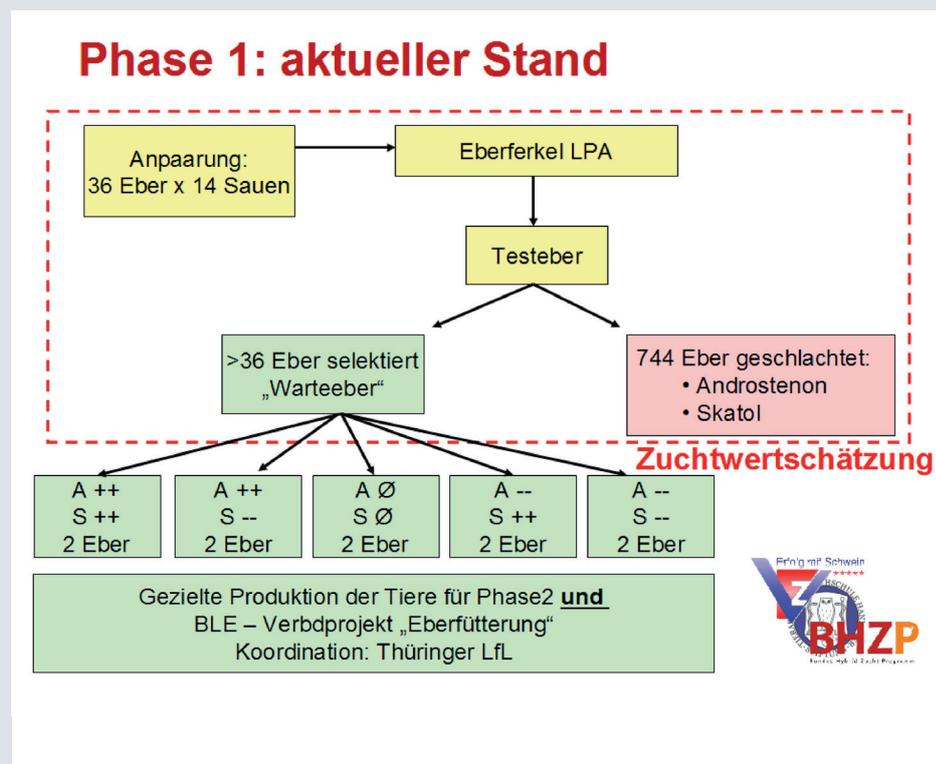


Abbildung 1: Ablauf der Versuchsphase 1 und Tierzahlen

Der Skatol- und Androstenongehalt der Fettproben der Schlachteber wurde im Labor der Universität Hohenheim per ELISA untersucht (Datenstruktur Abb. 2).

Linie	Tiere	Väter	NK / Vater	
db.77 (Pi)	617	28	22,0	15-33
db.08 (Du)	127	8	15,9	14-20

Abbildung 2: Datenmaterial nach Rasse

Die statistische Auswertung der Daten zeigte einen hochsignifikanten Rassenunterschied bezüglich des Androstenongehaltes, nicht jedoch des Skatolgehaltes (Abb. 3). Das Schlachalter hatte wahrscheinlich aufgrund des ähnlichen Alters unerwartet keinen Einfluss auf den Skatol- und Androstenongehalt. Die Schätzung der genetischen Parameter erfolgte mittels des Programmpaketes VCE6.0 (Groenefeld et al., 2008) unter Verwendung eines Tiermodells.

Mittelwerte und Standardabweichung

Merkmal	db.77 (Pi)		db.08 (Du)	
	Mittel	Std.	Mittel	Std.
Skatol (ng/g Fett)	50,36	36,10	55,83	54,89
ln(Skatol+1)	3,74	0,63	3,62	0,97
Androstenon (µg/g Fett)	0,53	0,44	2,90	2,69
ln(Andro.+1)	0,39	0,24	1,17	0,57

BHZP Sau solide.

Abbildung 3: Gehalte an Androstenon und Skatol nach Rasse

Die geschätzten Heritabilitäten der logarithmierten Skatol- und Androstenongehalte liegen mit 0,69 und 0,53 im erwarteten hohen Bereich (Abb. 4). Das unterstreicht die Notwendigkeit, den Fütterungs- und Haltungsveruch an genetisch definiertem Tiermaterial vorzunehmen.

Schätzung genetischer Parameter – h^2 , (r_p) und r_g

	ln (x+1)		natural	
	Skatol	Androst.	Skatol	Androst.
Skatol	0,69	-0,04	0,51	0,00
Androst	(0,09)	0,53	(0,12)	0,49

(nur db.77 = Pi Daten, n=617)

$$Y_{ij} = \mu + \text{Schlachttag}_i + \text{animal}_j + b * \text{Schachtgewicht} + e$$

BHZP Sau solide.

Abbildung 4: Statistisches Modell und geschätzte genetische Parameter innerhalb der Rasse db.77

Unter Verwendung der erhobenen Daten und der genetische Parameter wurden Zuchtwerte für den Skatol- sowie Androstenongehalt geschätzt und 10 Eber plus 3 Reserveeber aus dem Pool von 36 Warteebern selektiert (Abb. 1; jeweils 2 Eber ++ hohe, -- niedrige, Ø Durchschnittswerte Skatol/Androstenon).

Mit dieser Schichtung sollen auch in der jüngeren Literatur beschriebene Wechselwirkungen zwischen Skatol und Androstenon untersucht werden. Die selektierten Eber wurden zur gezielten Produktion von Ebermastferkeln für die Versuchsphase 2 (Ende 2011) und 3 (April/Juli 2012) eingesetzt, um in allen Versuchsabschnitten Tiere mit klar definierter Genetik bezüglich des Merkmals Ebergeruch zur Verfügung zu stellen.

Phase 2: Institutsversuche

Aktuell (Juli/August 2012) läuft der erste Durchgang der Phase 2, also die Prüfung einer geeigneten Rationszusammensetzung zur Reduktion des Ebergeruchs unter Versuchsbedingungen. Im Rahmen dieser Untersuchungen erhalten je 10 Geschwistereber eines der fünf nachfolgend aufgeführten Mischfutter (Tab. 1).

Tabelle 1: Eingesetzte Mischfutter im ersten Durchgang der Phase 2

Gruppe	Futtermittel
1	fein vermahlen, pelletiert; basierend auf Gerste, Weizen, Sojaextraktionsschrot
2	grob vermahlen, schrotförmig; Zusammensetzung wie in Gruppe 1
3	üblich vermahlen; 22 % des Getreides durch grob gebrochenen Mais ersetzt
4	üblich vermahlen; Ergänzung der Ration mit 16,9 % Molkenpulver
5	üblich vermahlen; Einsatz von 30 % roher Kartoffelstärke in der Ration

Während des 4wöchigen Versuchs in der Endmastphase (Versuchsbeginn ca. 90 kg KM) wird täglich die Futteraufnahme sowie wöchentlich die Körpermassenentwicklung erfasst. Kotproben werden regelmäßig gewonnen, um den Gehalt an Skatol im Kot und mögliche Einflüsse der Fütterung zu bestimmen. Zum Abschluss des Versuchs werden die Tiere getötet und Chymus- sowie Gewebeproben zur Bestimmung der Skatol- und Androstenongehalte entnommen. Anhand dieses Datenmaterials werden die zwei geeignetsten Mischfutter ausgewählt, welche in einem zweiten Durchgang erneut gegeneinander getestet werden, bevor letztendlich das Mischfutter für den Feldversuch bestimmt wird. Ergebnisse sind zu den Innovationstagen zu erwarten.

Geplante Verwertung

In diesem Projekt generierte Erkenntnisse haben für die Beratung der landwirtschaftlichen Betriebe (originäres Arbeitsfeld des VzF), die Mischfutterindustrie (diesbezüglich optimierte Mischfutterzusammensetzung), die Schweinemäster (geeignete Fütterungsintensität/ günstigste Haltungsform), die Schweinezucht (Notwendigkeit zukünftiger Selektion) und insgesamt für die Schweineproduktion (Image und Akzeptanz) entsprechende Konsequenzen und dienen letztlich der Minimierung ökonomischer Risiken infolge geruchlicher Abweichungen der Endprodukte aus der Schweinemast.

Sektion 6: Technik (Sensorik im Pflanzenbau)

„Elektronische Deichsel für landwirtschaftliche Arbeitsmaschinen mit Umfellsensorik und zusätzlichen Geoinformationen“

“Electronic drawbar for agricultural machinery using machine vision and additional geo-information”

Laufzeit

01.03.2011 bis 28.02.2014

Projektkoordinator, Institution

Prof. Dr. Marcus Geimer, Dipl.-Ing. Bernhard Jahnke
Lehrstuhl für Mobile Arbeitsmaschinen (Mobima) des Karlsruher Instituts für Technologie (KIT), Karlsruhe

Verbundpartner

Dr.-Ing. Georg Happich
AGCO GmbH, Marktoberdorf

Dr.-Ing. Patrick Noack
geo-konzept GmbH, Adelschlag

Kurzfassung

Ziel

Während die Leistungsnachfrage landwirtschaftlicher Unternehmen bei Großtraktoren und selbstfahrenden Landmaschinen stetig wächst, erreichen Landmaschinenhersteller bezüglich Fahrzeuggröße und -masse insbesondere für den Straßenverkehr zunehmend kritische Werte. Das Konzept der elektronischen Deichsel hingegen ermöglicht durch den Einsatz fahrerloser Maschinen annähernd eine Verdopplung der Flächenleistung

ohne zusätzlichen Personalaufwand und steigert somit Produktivität und Wirtschaftlichkeit, unter Beibehaltung gängiger Maschinen/Traktoren.

Mit definiertem Versatz in Längs- und Querrichtung folgt ein unbemannter Traktor der Spur eines bemannten Traktors und führt dabei den gleichen Arbeitsprozess durch – diese Idee wurde am Lehrstuhl für Mobile Arbeitsmaschinen (Mobima) gemeinsam mit den Projektpartnern geo-konzept und AGCO Fendt in einem ersten Projekt „Elektronische Deichsel für landwirtschaftliche Arbeitsmaschinen“ (EDA), in ein funktionsfähiges System umgesetzt. Verbunden per Datenfunk und ausgestattet mit hochgenauen GPS-Empfängern konnten bereits die im EDA-Projekt ausgerüsteten Prototypen auf dem Acker die Arbeit aufnehmen.

Da beim Fahrer nun die Verantwortung für zwei Fahrzeuge liegt, sollen im vorliegenden Folgeprojekt (EDAUG) kontinuierlich aus Umfeldsensorik gewonnene Umfeldinformationen und statische Informationen aus Geoinformationsdatenbanken genutzt werden, um die Sicherheit des Systems gegenüber Personen, Umwelt und den Maschinen selbst zu erhöhen sowie den Fahrer zu entlasten. Neben einer für die elektronische Deichsel maßgeschneiderten Auswahl an Umfeldsensorik soll ein Weg gefunden werden, die Vielzahl im Internet verfügbarer Geoinformationen zu bündeln und relevante Informationen online dem Traktorgespann zu übergeben. Aufgrund dessen soll der geführte Traktor Hindernisse erkennen und sowohl proaktiv als auch reaktiv Ausweichmanöver vorschlagen können. Eine parallel durchgeführte Risikoanalyse des Deichselsystems in seinen Einsatzszenarien soll helfen, Schwachstellen und Einsatzgrenzen des Systems aufzuzeigen.

Realisierung

Die Erweiterung der elektronischen Deichsel soll in vier Projektabschnitten durchgeführt werden. Nachdem zu Beginn Anforderungen an die Teilsysteme zur Integration von Umfeldsensorik und Geoinformationen sowie Anforderungen an ein Sicherheitskonzept ermittelt wurden, konnte im zweiten Abschnitt mit der Erstellung eines Pflichtenheftes begonnen werden.

Die Integration der EDAUG-Funktionalitäten erfolgt auf dem Fahrzeug über einen zusätzlichen Datenbus. Dessen physikalische und logische Teilnehmer wurden identifiziert und Hardwarekomponenten ausgewählt. Die logischen Teilnehmer stellen dabei Softwaremodule dar, die über eine definierte Schnittstelle zum Datenbus verfügen und sich durch ihre Funktion im Gesamtsystem auszeichnen.

Die von der Geoinformationsdatenbank bereitgestellten und von der Umfeldsensorik erfassten Umfeldinformationen ermöglichen ein gegenüber dem Vorgängerprojekt erweitertes, feiner gestuftes Sicherheitskonzept. In Abhängigkeit der momentanen Randbedingungen aus Traktorgespann und Umwelt soll nun ein dem Gefahrenpotential angemessenes Systemverhalten ausgewählt werden. Dabei steht nicht nur der Sicherheitsaspekt, sondern auch der Bedienkomfort im Vordergrund.

Ergebnisse

In der bisherigen Projektlaufzeit wurde zunächst aufgrund der Anforderungsanalyse ein Lastenheft erstellt, in welchem lösungsneutral notwendige und gewünschte Eigenschaften formuliert wurden. In der folgenden Projektphase konnten für die einzelnen geforderten Systemeigenschaften Lösungsansätze erarbeitet werden. So wurde ein Konzept zur Umsetzung eines Geoinformationsservers zur Bereitstellung relevanter Daten im EDAUG-System entwickelt. Eine Vorauswahl von Umfeldsensoren, die zum Einen den spezifischen Anforderungen des Traktorgespanns im Ackereinsatz gerecht werden, zum Anderen in der Lage sind, unter harten Bedingungen im Offroadeinsatz zuverlässige Werte zu liefern, wurde getroffen und ein Sicherheitskonzept in Form eines Zustandsmodells mit entsprechenden Übergangsbedingungen umgesetzt.

(Geplante) Verwertung

Nachdem die Ergebnisse des EDA-Projektes bereits als Grundlage für das Produkt Fendt GuideConnect der AGCO GmbH genutzt wurden, sollen auch Erkenntnisse über Systemverhalten und Subsysteme aus dem EDAUG-Projekt zukünftig für derartige Produkte von Nutzen sein. Erfahrungen in der Umsetzung dynamischer Pfadplanung (z.B. als Ausweichmanöver um Hindernisse) sowie insbesondere mit dem Umgang und der Online-Integration von Daten aus Geoinformationsservern auf dem Fahrzeug sind für die geo-konzept GmbH von Bedeutung. Der Lehrstuhl für Mobile Arbeitsmaschinen des KIT baut im Rahmen dieses Forschungsprojektes Knowhow im Bereich der Umfeldsensorik auf. Dies ist Grundlage für viele auch im Land- und Baumaschinenbereich an Bedeutung gewinnende Assistenzsysteme.

„Entwicklung einer Sensorsteuerung zum Einsatz in der Abflammtechnik“**“Development of a sensor controlled system for application with flame weeding technology”****Laufzeit**

01.10.2009 bis 30.09.2012

Projektkoordinator, Institution

Prof. Dr. Oliver Hensel
 Universität Kassel, FB 11, Witzenhausen

Verbundpartner

Dr. Albert Esper
 Innotech Ingenieurgesellschaft mbH, Altdorf

Kurzfassung**Ziel**

In der landwirtschaftlichen Praxis ist das Unkrautvorkommen häufig heterogen über die Fläche verteilt. Ein ganzflächiges Abflammen ist daher oft nicht notwendig und verursacht einen unnötigen Energieverbrauch. Wird nun versucht die Intensität manuell zu verringern so kann möglicherweise der Behandlungserfolg gefährdet werden.

Ziel dieses Projektes ist es daher mittels einer Kamera den tatsächlichen Unkrautbewuchs zu erkennen und die Intensität des Abflammgerätes zu steuern. Hierfür wurde ein „Onlineansatz“ gewählt. Gleichzeitig schließt die Zielsetzung aber auch die Entwicklung einer Prozesskontrolle mit ein, um einen guten Behandlungserfolg sicherzustellen. Diese Kontrolle wurde mit Hilfe von Temperaturfühlern und Indikatoren durchgeführt.

Die beiden Hauptaspekte des Projektes, Unkrauterkenntnis und Prozesskontrolle, sollen dazu dienen die Abflammtechnik umweltschonender und wirksamer zu machen, um das Einsatzspektrum auszuweiten und es in Zukunft als Alternative zum Herbizideinsatz stärker darzustellen.

Realisierung

Das Verbundprojekt startete mit der Auswahl geeigneter Komponenten zur Bildaufnahme und mit der Entwicklung einer Auswertemethodik. Gleichzeitig wurde parallel damit begonnen verschiedene Temperatursensoren auf ihre Eignung hin zu überprüfen.

Im Jahr 2010 wurde das erste Labormuster eines Abflammgerätes hergestellt um die Funktion und das Zusammenspiel der unterschiedlichen Komponenten zu untersuchen. Gleichzeitig wurden pflanzenbauliche Versuche zur Definition der Wirkungen einer thermischen Beaufschlagung durchgeführt. Im Jahr 2011 fanden erste Feldversuche statt, um die Auswertemethodik zu verbessern. Schließlich wurde im Frühjahr/Sommer 2012 ein Prototyp des Systems auf einem Praxisbetrieb getestet.

Ergebnisse

Zur Erreichung des Primärzieles einer „Sensorgesteuerten Abflammtechnik“ wurde die Aufgabenstellung in folgende Teilgebiete aufgeteilt:

1. Entwicklung Aufnahme- und Auswerteeinheit, welche die Anbindung an ein Abflammgerät ermöglicht.
2. Kontrolle des Abflammerfolgs, möglichst während oder unmittelbar nach der Maßnahme.

Im Projektverlauf konnten für beide Problemfelder Lösungswege entwickelt werden und die jeweiligen Komponenten konnten in Labor- und Feldversuchen auf ihre Eignung hin überprüft werden. Gerade durch den intensiven Kontakt zu Praxisbetrieben konnten immer wieder Aspekte des Erfahrungswissens des Anwenders mit in das Projekt einfließen.

(Geplante) Verwertung

Der Einsatz der Abflammtechnik ist gerade in Säkulturen im ökologischen Gemüsebau alternativlos, da hier nur das Unkraut reguliert wird, ohne in das Bodengefüge einzugreifen und damit neue Lichtreize für Unkrautsamen zu schaffen. Mit einer möglichen Verringerung der eingesetzten Gasmenge und dem gleichzeitigen Erhalt der Wirksamkeit kann die Wirtschaftlichkeit dieses Verfahrens entscheidend erhöht werden. Die aktuell steigenden Flüssiggaspreise lassen eine stärkere Fokussierung auf die Reduktion von Energiekosten wahrscheinlich werden.

Aber auch in der konventionellen Landwirtschaft ist durch den hohen Absatz von Organophosphor-Herbiziden (u.a. Glyphosat) von 5.060 t, was 30,3 % des gesamten Inlandsabsatzes von Herbiziden entspricht, mit einem intensiven Monitoring, insbesondere der Wirkstoffwanderung und -akkumulation zu rechnen. Wobei ebenso die Formulierungspartner (Tallowamin u.a.) von Bedeutung sind. Vor diesem Hintergrund kann mit einer weiteren Begrenzung oder schärferen Auflagen beim Einsatz von nicht selektiven Herbiziden gerechnet werden. Was sich u.U. positiv auf den Einsatz von physikalischen Unkrautbekämpfungsmethoden wie dem Abflammen auswirken kann.

Eine zukünftige Praxiseinführung nutzt somit dem betrieblichen Anwender, welcher sich durch die Gaseinsparung einen ökonomischen Nutzen verschafft, sie nutzt aber auch der Allgemeinheit, da diese Technik fossile Ressourcen schont und ggfs. den Einsatz von Herbiziden verringert.

„Intelligenter optischer Sensor für den teilflächenspezifischen Herbizideinsatz im Online-Verfahren 2“

“Smart vision sensor for site-specific herbizid spraying in real-time operation 2”

Laufzeit

15.06.2011 bis 14.06.2013

Projektkoordinator, Institution

Peer Leithold, Steffen Müller

Agri Con GmbH, Precision Farming Company, Ostrau/OT Jahna

Verbundpartner

Dr. Thomas Krieger

ASENTICS GmbH & Co. KG

Prof. Dr. Roland Gerhards

Universität Hohenheim, Institut für Phytomedizin, Fachgebiet Herbologie

Kurzfassung

Ziel

In der ackerbaulichen Praxis treten Unkräuter zumeist ungleichmäßig verteilt auf den Anbauflächen auf, wobei ein Herbizideinsatz dabei sogar nur auf einem kleineren Teil der jeweiligen Gesamtfläche notwendig ist. Das Bedürfnis der Landwirte zu Mitteleinsparungen führt oft dazu, dass die Aufwandmengen der eingesetzten Herbizide pauschal verringert werden, was möglicherweise nicht nur den einzelnen Behandlungserfolg gefährdet, sondern sogar das Auftreten der gefürchteten Resistenzen fördern kann. Der Einsatz von Herbiziden entsprechend des Schadschwellenprinzips auf Teilschlagebene ist hingegen wirtschaftlicher und umweltfreundlicher. Dazu wird primär eine Technik benötigt, mit der direkt während der Anwendung die Unkräuter sowohl vom Kulturpflanzenbestand als auch gegebenenfalls voneinander unterschieden werden können.

Das dem Projektvorhaben übergeordnete Ziel ist die Erreichung eines vorwettbewerblichen Entwicklungsstands für die im BLE-Vorgängerprojekt „Intelligenter optischer Sensor für den teilflächenspezifischen Herbizideinsatz im Online-Verfahren (H-Sensor)“ (Förderkennzeichen: 28-1-53.022/023/024-07) realisierten Basistechnologien. Eine innovative Sensor- und Applikationslösung, welche sich durch einen bedarfsgerechten und sparsamen Umgang mit den eingesetzten Herbiziden auszeichnet, soll für landwirtschaftliche Produktionsunternehmen prototypisch realisiert werden. Neben den

wirtschaftlichen Vorteilen, z. B. zu erwartende Herbizideinsparungen, erscheint die im Projektvorhaben voranzutreibende H-Sensor-Technologie auch unter ökologischen Aspekten sehr vielversprechend, da infolge der bedarfsgerechteren teilbreitenspezifischen Ausbringung von Pflanzenschutzmitteln geringere Belastungen der Umwelt und eine Verlängerung der Zeiträume bis zu typischerweise entstehenden Resistenzbildungen gegen die eingesetzten Herbizide zu erwarten sind.

Realisierung

Für die Projektdurchführung wurden Kamerasensoren mit einem eigens für diesen Zweck entwickelten, bispektralen Prismenfrontend mit zwei CCD-Bildsensoren eingesetzt, mit dem es infolge der stark unterschiedlichen Reflexionsgrade von lebendem Pflanzenmaterial im nahen Infrarot- und im Rot-Bereich möglich ist, Pflanzen vom Hintergrund sehr gut zu unterscheiden. Es wurde ein Auswerteverfahren verwendet, mit dessen Hilfe die in den Bildern vorhandenen Pflanzen je nach gegebenem agronomischem Szenario (Kulturpflanzen- und Unkrautbestand, ausgewählte Einzelprodukte oder Herbizidmischungen) klassifiziert werden können. Um Klassifikatoren erstellen und verbessern zu können, wurden im Frühjahr Feldaufnahmen im Sommergetreide, Zuckerrübe und Mais gemacht und in einer für diesen speziellen Zweck entwickelten Datenbank abgelegt.

Auf ausgewählten Praxisbetrieben wurden und werden die Robustheit und die Leistungsfähigkeit der Kameras getestet. Klassifikatoren sind mit Hilfe der zur Verfügung stehenden Software für die Applikationsszenarien Getreide und Mais erstellt und deren Klassifikationsgüte automatisch bewertet worden.

Ergebnisse

Im Verlauf des Projektes konnten weitreichende Verbesserungen erzielt werden, wobei die Erweiterung des Auswerteverfahrens (Klassifikation und Expertensystem) an erster Stelle steht. Darüber hinaus ist auch eine neue, automatische Beleuchtungssteuerung zu nennen, die es ermöglicht, dass der H-Sensor auch bei extremen Einsatzbedingungen (z.B. starkes Sonnenlicht oder Schlagschatten) noch sicher funktioniert, was in praxisnahen Tests erfolgreich getestet werden konnte. Es wurde ebenfalls eine Software entwickelt, die es dem Landwirt ermöglicht, die Sensoren über ein zentrales Bedienterminal anzusteuern.

Mit Hilfe einer neuen Softwareentwicklung wird es möglich sein, die Bewertung der je nach agronomischem Applikationsszenario unterschiedlichen Klassifikatoren in automatisierter Weise durchzuführen. Dazu wird eine intuitive grafische Benutzeroberfläche bereitgestellt und die Integration der Software zum Klassifikatortraining und zur Klassifikatorbeurteilung mit der zur Verwaltung von Bildserien eingesetzten Datenbank vorgenommen.

Konzepte für die Stromversorgung und zum Datentransfer der Kameraköpfe, die elektrischen Ansteuerung von herkömmlichen Pflanzenschutzspritzen sowie der Entwicklung von Trägerelementen zur Montage der Kamerafrontends wurden realisiert.

Die intelligenten Kameras sind in der Lage, die Aufnahme und Auswertung der Bilder unter praxistypischen Umweltbedingungen in hinreichend kurzer Zeit durchzuführen. Notwendige Praxisversuche werden im Herbst 2012 und Frühjahr 2013 auf ausgewählten landwirtschaftlichen Betrieben durchgeführt, um die seit Beginn des Projektes erreichten Verbesserungen unter Praxisbedingungen zu evaluieren und zu bewerten. Außerdem sollen Unkraut(klassen)verteil- und Applikationskarten erstellt werden.

(Geplante) Verwertung

Die Funktionsfähigkeit des H-Sensors im „Online-Verfahren“, d.h. direkt während der Überfahrt im Kulturbestand, konnte auf verschiedenen Feldtagen einer breiten Öffentlichkeit gezeigt werden. Die während des Projektvorhabens zu erarbeitende Technologiebasis soll unmittelbar im Anschluss zu einem vorserienreifen Produktdesign weiterentwickelt werden. Die Serienfertigung und der Markteintritt des für handelsübliche Feldspritzen als Nachrüstsatz erhältlichen Systems sollen spätestens ein Jahr nach dem Projektende erfolgen. Dabei werden zuerst einige sehr große Agrarbetriebe und -dienstleister als „Early Adopters“ in Erscheinung treten. Zu den späteren Nutzern des Systems gehören landwirtschaftliche Betriebe, genossenschaftliche Organisationen und Dienstleister.

Vor allem der Umweltaspekt wird, neben den betriebswirtschaftlichen Aspekten, beim zukünftigen Einsatz des H-Sensors eine große Rolle spielen. Durch situationsbedingtes Ausbringen von Herbiziden wird vermieden, dort Herbizide auszubringen, wo gar keine Unkräuter vorhanden sind. Außerdem ergeben sich Perspektiven zum Einsatz selektiver Spezialherbizide, um damit schwerbekämpfbare Unkräuter direkt zu behandeln und die Aufwandmengen um bis zu 70 % reduzieren zu können.

„Entwicklung eines Regensensors für kinetische Energie und Wasserbenetzung zur Verbesserung der Schorfprognose im Apfelanbau“

“Development of a rain sensor for kinetic energy and water wetness to improve scab prognosis in apple cultivation”

Laufzeit

01.10.2008 bis 30.04.2013

Projektkoordinator, Institution

Joachim Beinhorn
Adolf Thies GmbH & Co. KG, Göttingen

Verbundpartner

Andreas Kollar, Katja Ehlert
Julius Kühn-Institut, Bundesforschungsinstitut für Kulturpflanzen, Institut für Pflanzenschutz in Obst- und Weinbau, Dossenheim

Kurzfassung

Ziel

Der Apfelschorfpilz kann große Ernteverluste verursachen und wird daher mit großem Aufwand bekämpft. Die Grundlage der Schorfprognose beruht im Wesentlichen auf dem Mills-Modell, das ein Auftreten von Schorfinfektionen in Abhängigkeit von Blattnässedauer und der Durchschnittstemperatur beschreibt. Die Umsetzung des Modells beinhaltet den gezielten Einsatz kurativer Fungizide nach einer prognostizierten Pilzinfektion.

Das Ziel des Verbundprojektes ist es für die Prognose des Apfelschorfs (*Venturia inaequalis*) neue Blattnässesensoren und Sensoren für die kinetische Energie des Regens zu entwickeln, unter Freilandbedingungen zu erproben und zu optimieren. Durch die Verbesserung der Prognose soll die Häufigkeit von Fungizid-Behandlungen deutlich reduziert werden können. Innerhalb des Projektes sollen weitere krankheits- und infektionsrelevante Parameter ermittelt und charakterisiert werden.

Realisierung

In Zusammenarbeit mit der Firma Adolf Thies GmbH & Co. KG wurden Blattnässesensoren entwickelt, die die tatsächlich vorhandene Nässedauer der Blätter exakt wiedergeben sollen. Bei den entwickelten kapazitiven Blattnässesensoren wurden dünne Leiterbahnen in Form einer Kammstruktur in eine Glaskeramik eingebettet. Eine in den Sensoren vorhandene Heizung konnte zugeschaltet werden um Taubildung auf der Sensoroberflä-

che zu vermeiden. Bei Beginn von registrierter Nässe war eine Peltierkühlung zuschaltbar, die das Abtrocknen des Sensors verzögerte. Der wählbare Kühlgrad ermöglichte die Modellierung der Sensoren hinsichtlich bekannter Fühler für die Schorfprognose oder sonstiger infektionsrelevanter Parametern wie z.B. Blattnassunterbrechungen und jahreszeitliche Phänologie der Apfelbäume. Zur Bewertung der Neuentwicklungen wurden verschiedene marktübliche Sensoren herangezogen sowie Kameras, die die tatsächliche Blattnässe dokumentieren konnten, eingesetzt.



Abbildung 1: Im Projekt entwickelter Blattnässesensor

Hintergrund für die Entwicklung der Sensoren für die kinetische Energie des Regens waren Grundlagenuntersuchungen zur Sporenausschleuderung des Apfelschorfpilzes mit der Erkenntnis, dass die Energie der Regentropfeneinschläge die Sporenemission erst auslöst. Die Entwicklung des Sensors für die kinetische Energie des Regens beruhte auf dem elektromechanischen Prinzip.



Abbildung 2: Im Projekt entwickelter Sensor für die kinetische Energie des Regens

Zur Validierung der Prototypen wurde ein Laser-Niederschlags-Monitor (LNM, Fa. Thies) verwendet. Dabei wurde die Partikelgröße und -geschwindigkeit des Niederschlags in minütlichen Intervallen erfasst und die kinetische Energie der Regenereignisse berechnet. Der LNM diente dabei als Referenz für alle eingebundenen Prototypen, Blattnässe-Sensoren und zur Bewertung der biologischen Parameter. Auch sollte damit die kinetische Auslöseschwelle eines Regenereignisses für die Sporenfreisetzung bestimmt werden.

Ergebnisse

Blattnässesensoren: Die Sensoren verfügen über eine keramische Einbettung der kapazitiven Leiterbahnen. Im Freiland traten im Berichtsjahr keine bleibenden Verschmutzungen oder Beschädigungen

der Sensoroberflächen auf, auch eine Oxidation der Leiterbahnen konnte nicht festgestellt werden. Die von den entwickelten Sensoren angezeigten Blattnasszeiten wurden mit den von den marktüblichen Blattnässefühlern angezeigten sowie den real, anhand der Kameras, festgestellten Blattnasszeiten verglichen, um ihre Bewertung durchführen zu können. In umfangreichen Vergleichen zu den marktüblichen Blattnässesensoren bzw. zu den tatsächlichen Blattnass-Daten wurden die entwickelten Sensoren in ihrer Funktion bewertet. Die von den Sensoren angezeigten Blattnasszeiten unterlagen je nach Spezifikation teilweise größeren Schwankungen. Insgesamt zeigte sich ein Sensor mit integrierter Kühlung am besten geeignet. Durch die stufenweise Einstellung der Kühlleistung konnte die Dauer der angezeigten Blattnässe angepasst werden. Eine weitere Anpassung erfolgte durch den Einbau eines Ventilators, um die Abführung der Wärme, die durch die Bauteile entsteht, auch bei Windstille zu gewährleisten.

Sensoren für die kinetische Energie des Regens: Aufgrund der vorhandenen Querempfindlichkeiten (Körperschall, Wind) des ersten Prototyps wurde das elektromechanische Prinzip weiterentwickelt und unter Laborbedingungen Tests durchgeführt. Das Folgemodell kommt ohne mechanische Aufhängung aus und minimiert die Querempfindlichkeiten durch die Ausformung der Detektorplatte. Dabei wurde die Windempfindlichkeit minimiert und dennoch die Tropfenempfindlichkeit in den unteren Klassen optimiert. Der Sensor wurde erst kurzzeitig im Freiland erprobt.

LNM: Die Berechnungen für die kinetische Auslöseschwelle eines Regenereignisses für die Sporenfreisetzung wurden durchgeführt. Die ersten Ergebnisse wiesen darauf hin,

dass eine geringe kinetische Energie eines Regens zur Sporenfreisetzung nötig war. Es konnten weitere Umweltparameter festgestellt werden, die die benötigte Energie herab- oder heraufsetzen konnten. Dabei wurde ein Zusammenhang mit der Feuchtigkeit der Blätter vor dem auslösenden Regen beobachtet. Die benötigte kinetische Energie war entsprechend niedriger je trockener die Blätter bei Regenbeginn waren. Dieser Effekt konnte die Dunkelhemmung bei Nacht und deren Aufhebung im Freiland erklären. Laboruntersuchungen zu Sporenfreisetzungen unter verschiedenen Lichtbedingungen und unterschiedlichen Ausgangsfeuchten bestätigten diese Annahmen. Hierbei wurde bei Zuschaltung von Starklicht ein deutlicher Anstieg in der Sporenmenge bei feucht vorinkubierten Blättern beobachtet. Bei trockenem Ausgangsmaterial wurde bereits in der Dunkelphase eine große Sporenmenge ausgeschleudert mit einer vergleichsweise geringeren Steigerung nach einer Starklichtzuschaltung. Bei den feucht vorinkubierten Blättern war die Anzahl der bei Dunkelheit ausgeschleuderten Sporen deutlich verringert.

(Geplante) Verwertung

Die neuartige Sensorik hat für die Apfelschorfprognose durch die weltweite wirtschaftliche Bedeutung des Erregers ein Vermarktungspotential. Die Sensorik kann auch für weitere Prognosemodelle bei anderen Pflanzenkrankheiten verwendet werden, da die Erfassung von Quantität und Qualität von Nässeereignissen hier in der Regel von zentraler Bedeutung ist. Ebenso können die Sensoren allgemein in der Agrarmeteorologie bzw. Meteorologie eingesetzt werden und möglicherweise andere Niederschlagsmessgeräte ersetzen. Weiterhin kann die Sensorik vermarktungsfähig werden in den Bereichen Bodenerosion (kinetische Energie), für Verkehrswarnungen, Witterungsschutz (Markisen, Gewächshäuser, Hagelwarnung) u.a..

„Qualitätsgeleitete Getreideernte durch Einsatz optischer Analyseverfahren“

“Quality-related grain harvest based on the use of optical analysis techniques”

Laufzeit

01.06.2010 bis 31.05.2013

Projektkoordinator, Institution

Prof. Dr. Uwe Schmidt, Prof. Dr. i.R. Jürgen Hahn, M.Sc. Hilke Risius
Humboldt-Universität zu Berlin, Landwirtschaftlich-Gärtnerische Fakultät,
Department für Nutzpflanzen- und Tierwissenschaften, Fachgebiet Biosys-
temtechnik, Berlin

Verbundpartner

Dr.-Ing. Hubert Korte
CLAAS Selbstfahrende Erntemaschinen GmbH, Harsewinkel

Kurzfassung

Ziel

Getreidebestände zeigen in Abhängigkeit der Standortheterogenität eine ausgeprägte Variabilität des Rohproteingehalts, der entscheidend für die Zuordnung zu Qualitätsgruppen von Weizen und Braugerste ist und somit erheblichen Einfluss auf erzielbare Erlöse hat. Ein geeigneter Ansatz dieser gegebenen Standort- und Bestandesheterogenität zu entsprechen, ist das Verfahren der qualitätsdifferenzierten Getreideernte. Bedingung und Grundlage dieses Verfahrens ist die Möglichkeit, mittels Nahinfrarot-Spektroskopie (NIRS) erlösrelevante Qualitätsparameter von Druschfrüchten in Echtzeit während des Mähdruschs zu erfassen und eine Gutstromtrennung nach Stoffeigenschaften durchzuführen. Damit wird die Voraussetzung geschaffen, dass das Verfahren der qualitätsdifferenzierten Getreideernte im Rahmen eines Qualitätssicherungssystems eingesetzt und damit den Forderungen nach einer transparenten Lebens- und Futtermittelproduktion entsprochen werden kann. Weiterhin kann durch die präzise und hochfrequente Prozessanalytik zu Beginn der Prozesskette Lebensmittel-, Futter- und Energiegetreide der Wertschöpfungsanteil der Landwirtschaft erhöht werden.

Die Ergebnisse der Untersuchungen aus den Jahren 2008 bis 2010 zeigen, dass das Verfahren der Nah-Infrarot-Spektroskopie nicht nur zur Online-Detektion von Inhaltsstoffen während des Mähdruschs genutzt werden kann, sondern geeignet ist, die Steuerung des Getreidegutstroms nach definierten Qualitätsgrenzwerten zu realisieren.

Ein Monitoring weiterer Prozessparameter, die Einfluss auf die Prozessanalytik haben, erscheint für die Stabilität der Online-Analyse und Trennung des Getreidegutstroms nach definierten Parametern notwendig (Abb. 1).

Dazu zählt die Überwachung physikalischer Qualitätsparameter wie Partikelgröße, Tausendkornmasse, Bruchkornanteil, Fremdbesatz und Farbveränderungen mittels bildgebender Verfahren, welche zusätzlich zur Überwachung der Maschineneinstellungen genutzt werden könnten. Die Integration bildgebender Verfahren ist zusätzlich zur Analyse von möglichen Fusarium- bzw. Mykotoxinbelastungen verwendbar. Mit der kontinuierlichen Weiterentwicklung von NIR-Spektrometern ist es möglich, relevante Qualitätsparameter inline zu analysieren und mit der Ertragsmessung zu kombinieren. Der Aufwand zur Implementierung eines Inline-Spektrometers am Mähdröschler sollte dabei so gering wie möglich gehalten werden.

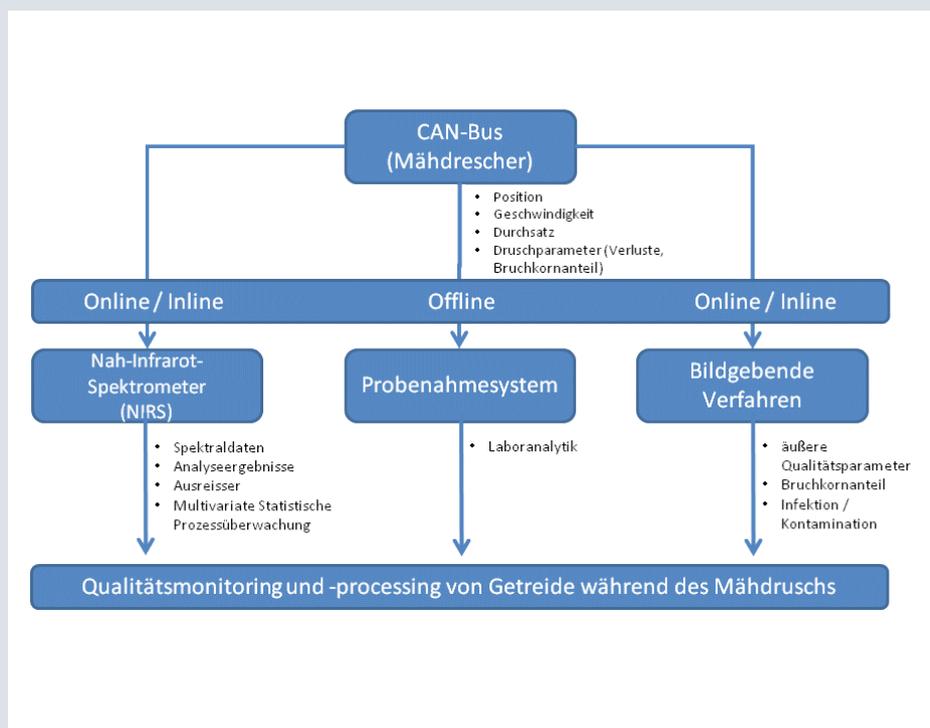


Abbildung 1: Systematik der derzeitigen und vorgesehenen Elemente im mechatronischen System der qualitätsdifferenzierten Getreideernte

Die Erweiterung der Kalibrierung von NIRS-Spektrometern zur Bestimmung der Backqualität von Weizen um die Parameter Fallzahl zur Bestimmung der Stärkequalität und Sedimentationswert zur Bewertung der Proteinqualität in Kalibrierungsmodellen ist zukünftig notwendig.

Realisierung

Die Taxonomie von Prozessanalytoren wird durch die Prozessnähe des Analysators definiert. Eine diskontinuierliche Messung auf Grundlage der automatisierten Probenahme wird als Offline-Analytik bezeichnet. Die entnommenen Getreideproben werden zu einem späteren Zeitpunkt im Labor analysiert. Bei der Online-Analytik wird das Probenmaterial kontinuierlich in einem Bypass analysiert, allerdings kann die Umlenkung des Teilstroms verhältnismäßig aufwendig sein. Weiterhin ist die zeitliche Zuordnung der gemessenen Spektren zu den tatsächlichen Abläufen im Mähdröschler nur eingeschränkt gewährleistet und somit für die Prozesssteuerung suboptimal. Qualitätseigenschaften von Getreide werden bei der Inline-Analyse direkt gemessen; die Messstelle ist in den Gutstrom integriert. Der Kalibrieraufwand wird allerdings größer, weil die Integration von Störfaktoren in die Kalibration erforderlich ist. Andererseits entfällt die Notwendigkeit einer eigenen Probenahmetechnik.

Der Sensorvergleich dient zur Entwicklung eines robusten Echtzeit-Analysesystems für Messungen zur Qualität von Druschfrüchten während des Mähdruschs. Der Aufwand zur Implementierung eines Inline-Spektrometers am Mähdröschler soll so gering wie möglich gehalten werden.

Folgende Verfahrensschritte sind zu nennen:

- Erweiterung der Kalibrierung von Protein- und Feuchtegehaltsanalyse auf Detektion von:
 - Parametern zur Backqualität von Weizen (Rohprotein- und Feuchtegehalt, Fallzahl)
 - Mykotoxinen (Fusariumbefall)
- Nutzung der Qualitätsanalyse zur Kooperation mit der aufnehmenden Hand (Getreidehandel), um die Beprobung des Ernteguts zu optimieren
- Integration von multivariater statistischer Prozesskontrolle (MSPC) zur Überwachung von NIRS
- Innovative NIRS-Spektrometer (Sentronic) zur Inline-Messung von Stoffeigenschaften und Qualitätsparametern während des Mähdruschs zur Kombination der Qualitätsüberwachung mit der Ertragserfassung
- Integration optischer Verfahren zur:
 - Bestimmung von Verunreinigungen, Korngröße, Farbe und Textur zum Monitoring und zur Analyse der NIRS-Sensorik
 - Auswertung in Kombination mit NIRS zur Analyse von Mykotoxinkontaminationen und Fusariuminfektionen

Ergebnisse

In Feldversuchen im August 2011 in Brandenburg (Landwirtschaft Golzow Betriebs-GmbH) wurde die Funktionsfähigkeit des mechatronischen Gesamtsystems und des modifizierten Sensors erfolgreich erprobt und im laufenden Versuchsjahr fortgeführt.

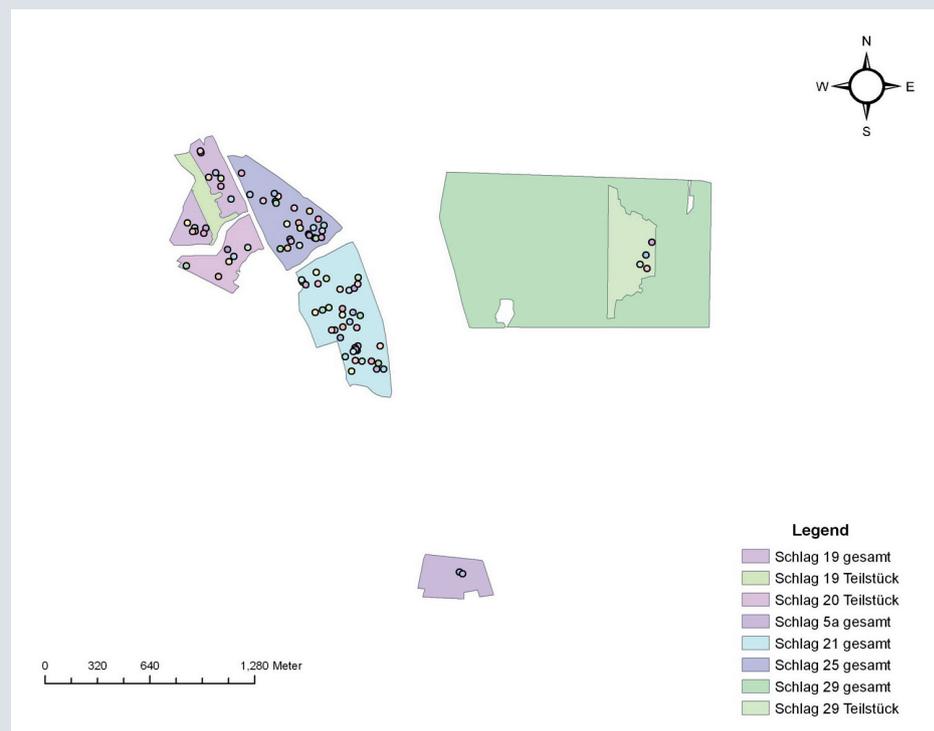


Abbildung 2: Probeentnahme auf den Versuchsschlägen 2011

Auf einer Fläche von bisher 85 ha wurden insgesamt 95 Referenzproben zur Entwicklung von Kalibriermodellen entnommen. Beispielhaft sind in Kalibriermodelle zur Vorhersage des Rohprotein- und Feuchtegehalts dargestellt.

Tabelle 1: Parameter der Kalibriermodelle für ausgewählte Qualitätsparameter von Weizen, Sentronic SentroPAT FO

Parameter	RMSEP	Bias	RER	RPD
Fallzahl [s]	25,19	-0,44	9,53	2,05
Rohproteingehalt [%]	0,42	0,01	8,93	2,31
Feuchtegehalt [%]	0,19	0,00	12,80	2,42

Die Bewertung der Kalibrierungen anhand der dimensionslosen Maßzahlen zur Standardisierung des Vorhersagefehlers SEP wird mit Hilfe des RER- und RPD-Wertes vorgenommen. Ebenso wie das Bestimmtheitsmaß können RPD und RER durch eine schiefe Verteilung der Referenzwerte beeinflusst sein, wobei die Empfindlichkeit des RPD als geringer einzustufen ist. Sowohl RPD als auch RER werden für kommerzielle Kalibrationen definiert und werden hier zur Orientierung herangezogen.

Durch eine Erweiterung der Kalibrierdatenbanken durch netzwerkbasierte Kooperationen ist zu erwarten, dass die Kalibriermodelle erheblich optimiert werden können.

(Geplante) Verwertung

Vor einer Markteinführung des in Zusammenarbeit mit dem Hersteller Sentronic konzipierten Spektrometersystems ist eine Überarbeitung des Sensors hinsichtlich Systemarchitektur und Softwareeinbindung erforderlich. Dagegen ist die Umrüstung des Versuchsmähdreschers mit dem Zwillingsbefüllsystem und getrenntem Korntank als praxistauglich zu bewerten. Dies gilt ebenso für die Implementierung des NIR-Inline-Spektrometers.

Weiterer Forschungsbedarf besteht zum Marktpotential und zur praxisgerechten Logistik des Verfahrens der qualitätsgeleiteten Getreideernte.

„Einsatz der Nah-Infrarot-Spektroskopie zur zerstörungsfreien Beurteilung des Bewurzelungspotentials von Zierpflanzenstecklingen“

“Non-destructive assessment of root formation capacity in cuttings of ornamental plants using near-infrared spectroscopy (NIRS)”

Laufzeit

01.10.2009 bis 30.09.2012

Projektkoordinator, Institution

Prof. Dr. Elke Meinken
Staatliche Forschungsanstalt für Gartenbau Weihenstephan (FGW), Freising

Verbundpartner

Dr. Siegfried Zerche, Dr. Uwe Drüge
Leibniz-Institut für Gemüse- und Zierpflanzenbau (IGZ) Großbeeren-Erfurt e.V., Erfurt

Frauke Engel
Dümmen GmbH, Rheinberg

Dr. Wilfried Pagel
Geranien Endisch GmbH, Hagenbach

Andreas Niederländer
Kientzler GmbH & Co. KG, Gensingen

Kurzfassung

Ziel

Äußere Kriterien (Größe, Gewicht, Farbe) lassen keine Rückschlüsse auf die Qualität von Stecklingen zu, vielmehr sind innere Kriterien wie der Stickstoff (N)- und der Kohlenhydrat (KH)-Status von Bedeutung. Für diese Kriterien fehlen jedoch geeignete Messverfahren, da die etablierten nass-chemischen Verfahren zu zeit- und kostenintensiv sind. Ziel des Projektes ist die Entwicklung von Kalibrationen zur zerstörungsfreien Bestimmung verschiedener N- und KH-Fraktionen in Stecklingen mittels Nah-Infrarot-Spektroskopie (NIRS) und die Quantifizierung der Zusammenhänge zwischen diesen Fraktionen und der Bewurzelung unter Berücksichtigung der komplexen Zusammenhänge im System der globalisierten Jungpflanzenproduktion.

Realisierung

Die Arbeiten erfolgten an den Modellkulturen Chrysantheme und Pelargonie und wurden im Weiteren auf Poinsettien, Impatiens Neu-Guinea und Osteospermum ausgeweitet. Von allen Kulturen wurden sowohl in Deutschland als auch an Südstandorten (Nahe Osten, Ostafrika, Mittelamerika) Mutterpflanzenbestände aufgebaut und differenziert mit N versorgt. Stecklinge von diesen Beständen wurden bewurzelt und die Bewurzelung bewertet. Gleichzeitig wurden NIR-Spektren von ganzen Stecklingen bzw. voll entwickelten Blättern aufgezeichnet sowie N- und KH-Fraktionen (Amid-N, Nitrat-N, Amino-N, Protein-N und Gesamt-N; Glucose, Fructose, Saccharose und Stärke) nass-chemisch mit einem modifizierten Kjeldahl-Verfahren bzw. einem Enzym-Assay untersucht. Bei den N-Fraktionen wurden in der Referenzanalytik die ganzen Stecklinge analysiert, bei den KH erfolgte eine Aufteilung in Sprosse und vollentwickelte Blätter. Zusätzlich zu den analysierten N-Fraktionen wurden noch drei Summenparameter (Summe extrahierbarer organischer N-Fraktionen (EONF-N) = Amid-N + Amino-N; Summe extrahierbarer N-Fraktionen (ENF-N) = Amid-N + Nitrat-N + Amino-N; Summe organischer N-Fraktionen (ONF-N) = Amid-N + Amino-N + Protein-N) ermittelt. Bei den KH wurden die Summe der löslichen Zucker (TSS) = Glucose + Fructose + Saccharose sowie die Gesamtkohlenhydrate (TNC) = TSS + Stärke jeweils für Blätter und Spross berechnet. Kalibrationen für die N-Fraktionen und die Spross-KH wurden nur mit den Spektren der ganzen Stecklinge errechnet. Bei den Blatt-KH wurden sowohl die Stecklings- als auch die Blattspektren genutzt. Darüber hinaus wurde die Variabilität der N- und KH-Fraktionen in Chrysanthenen- und Pelargonienstecklingen aus der laufenden Produktion über zwei Jahre hinweg mittels nass-chemischer Analysen charakterisiert.

Ergebnisse

Für die N-Fraktionen wurde eine gemeinsame Kalibrierung für Chrysanthenen und Pelargonien entwickelt, die im Weiteren mit einem kleinen Datensatz auf Poinsettien ausgeweitet wurde. Verwendet wurden die Spektren der ganzen Stecklinge. Bei den Blatt- bzw. Spross-KH-Fraktionen erfolgte bisher eine gemeinsame Kalibrierung für Chrysanthenen und Pelargonien. Bei den N-Fraktionen sind die Vorhersageleistungen für den Protein-, ONF- und Gesamt-N sehr gut. Die Kalibrationen für den Nitrat-, Amino- und ENF-N sind nur für eine Klassifizierung geeignet, beim Amid- und EONF-N ist die Verwendbarkeit eingeschränkt.

Bei den KH-Fraktionen konnten für die Gehalte an Blattstärke und Blatt-TNC gute Vorhersageleistungen erreicht werden, für die Blatt-TSS-Fraktion ist diese ebenso wie für die einzelnen Blattsucker sowie für alle KH-Fraktionen im Spross nicht zufriedenstellend. Durch Nutzung von Blattspektren konnte die Vorhersage im Vergleich zu den Stecklingsspektren erkennbar gesteigert werden. Eine Zusammenstellung der Vorhersageleistungen findet sich in Tab. 1.

Tabelle 1: Vorhersageleistung der NTRS-Kalibrierungen (SEP und BIAS in mg · g TM⁻¹)

	n	SEP	R _v ²	RPD	BIAS	Steigung
N-Fractionen						
Amid-N	197	0,5	0,64	1,5	-0,04	0,88
Nitrat-N	197	0,9	0,70	2,3	0,00	0,96
Amino-N	197	1,6	0,67	1,7	-0,18	0,90
Protein-N	197	2,1	0,88	2,8	0,05	1,03
Gesamt-N	197	3,0	0,89	3,0	-0,23	1,00
EONF-N	197	1,9	0,64	1,6	-0,23	0,89
ENF-N	197	2,2	0,69	1,9	-0,22	0,92
ONF-N	197	2,8	0,88	2,8	-0,15	0,99
Blatt-KH-Fractionen						
Stärke	135	4,9	0,83	2,4	-0,32	0,92
TNC	135	5,9	0,84	2,4	-0,59	0,92

SEP = Standardfehler der Validierung; R_v² = Bestimmtheitsmaß der Validierung; RPD = Standardabweichung der Referenzwerte/SEP; Steigung = Steigung der Regressionsgeraden für die Referenzwerte gegen die NIRS-Vorhersagewerte

Bezüglich der Bedeutung des N-Status für die Bewurzelung zeigte sich bei allen Kulturen eine zunehmende Limitierung der Bewurzelung mit sinkenden Stickstoffgehalten, während sehr hohe Stickstoffgehalte keinen eindeutigen Einfluss hatten. Abb. 1 zeigt beispielhaft den tatsächlichen Anteil unbewurzelter Stecklinge bei Chrysanthemen im Vergleich zu dem auf Basis des ENF-N modellierten Anteil. Details des zu Grunde gelegten Vorhersagemodells sind aufgeführt.

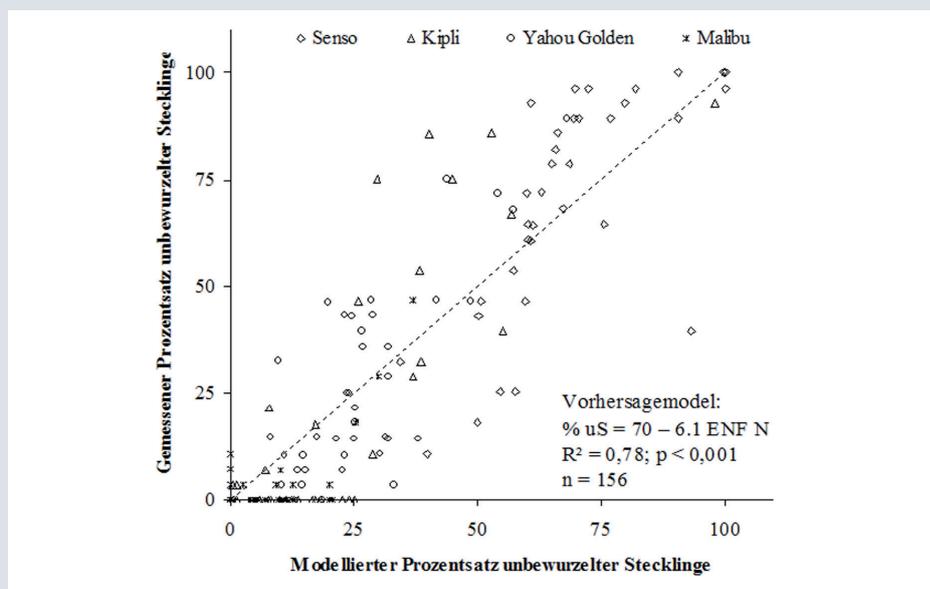


Abbildung 1: xy-Diagramm für den tatsächlichen Prozentsatz unbewurzelter Chrysanthemen-Stecklinge gegenüber dem auf Basis des Gehaltes an ENF-N modellierten Prozentsatz

Alle Kulturen zeigten negative Beziehungen zwischen dem N- und dem KH-Status. So führte eine N-Verarmung zu einer Akkumulation insbesondere von Stärke in den Blättern und z.T. in den Sprossen. Infolge resultierender Interkorrelationen bestehen negative Korrelation zwischen dem KH-Status, insbesondere Blattstärke und -TNC, und der Bewurzelung. Werden nur Stecklinge mit einem ausreichenden N-Status betrachtet, kehrt sich die Beziehung um. Bei solchen Stecklingen wird die Bewurzelung durch hohe Blatt-KH-Gehalte gefördert, wobei bezüglich der Enge der Beziehung genotypische Unterschiede und Wechselwirkungen zu Umweltfaktoren bestehen.

Stecklinge aus der laufenden Produktion mit nachfolgender Transportphase weisen z.T. eine Limitierung der Bewurzelung durch unzureichende N-Gehalte auf. Zudem sind die Stecklinge stark an KH verarmt, was offenbar auf den Transport zurückzuführen ist. Ferner sind bei transportierten Stecklingen Verschiebungen im Verhältnis der N-Fraktionen zueinander zu beobachten, wobei der Anteil der extrahierbaren organischen N-Fraktionen zunimmt, während im Gegenzug der Anteil an Protein-N abnimmt. Der Nitrat- und Gesamt-N-Gehalt bleiben unverändert.

(Geplante) Verwertung

Kurzfristig ist eine erste Pilotphase geplant. Dabei sollen Stecklinge der fünf bearbeiteten Kulturen in kurzen Intervallen an die FGW geschickt werden, um den N- und KH-Status mittels NIRS zu bestimmen. In den Firmen wird parallel die Bewurzelung unter Produktionsbedingungen geprüft. So sollen weitere Informationen darüber gewonnen werden, wie stark der N- und KH-Status von Stecklingen in der laufenden Produktion variiert, und es soll geprüft werden, ob der mittels NIRS gemessene N- und KH-Status Aussagen über die Bewurzelungsfähigkeit unter Praxisbedingungen zulässt. Gleichzeitig wird ein Teil der Stecklinge am IGZ referenzanalytisch untersucht, um die Kalibrierung weiter zu validieren.

Impressum

Herausgeberin

Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung
Deichmanns Aue 29, 53179 Bonn

Layout

Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung
Referat 421 – Medienkonzeption und -gestaltung

Druck

MKL Druck, Ostbevern