

**Zusammenfassung:**

- In Getreiden ist die Blütenfruchtbarkeit ein bestimmender Faktor für die Anzahl an Körnern pro Blütenstand, jedoch ist die genetische Grundlage der Blütenfruchtbarkeit des Weizens (*Triticum* sp.) weitgehend unbekannt.
- Identifizierung des Locus *Grain Number Increase 1 (GNI1)*, welches nach Genduplikation zum Gen *GNI-A1* führte.
- *GNI-A1* kodiert einen Homöodomäne Leucin-Zipper Klasse I (HD-Zip I) Transkriptionsfaktor. Die Expression des Gens hemmt das Wachstum der Rachilla und beeinträchtigt somit die Blütenfruchtbarkeit.
- Mutation von *GNI-A1* führte zu einer Genvariante mit eingeschränkter Funktion. Im Gegensatz zum ursprünglichen Gen erhöht das mutierte Allel die Blütenfruchtbarkeit und führt zu einer höheren Anzahl an fruchtbaren Blüten pro Ährchen und folglich zu einer gesteigerten Kornproduktion. Im Laufe der Weizendomestikation wurden Pflanzen selektiert, welche das mutierte Allel tragen.
- Kollaboration von Wissenschaftlern aus Japan, Deutschland und Israel
- Publikation im Journal PNAS

## Die Evolution des Kornertrags – Genetische Basis für die Blütenfruchtbarkeit des Weizens entschlüsselt

Gatersleben, 22.02.2019. **Zweifelsohne ist ein hoher Kornertrag eine anstrengenswerte Eigenschaft in Getreidearten. Blütenfruchtbarkeit ist ein entscheidender Faktor, welcher die Anzahl der Körner pro Blütenstand in Getreiden mitbestimmt. Dennoch war bis vor Kurzem wenig über die genetischen Grundlagen von Blütenfruchtbarkeit bekannt. Bei der Untersuchung dieses Faktors hat eine Gruppe von Wissenschaftlern aus Japan, Deutschland und Israel nun in Weizen den Locus *Grain Number Increase 1 (GNI1)* entdeckt, welcher einen beachtlichen Einfluss auf die Blütenfruchtbarkeit hat. Obwohl das am Locus befindliche *GNI-A1* Gen zu einem niedrigeren Kornertrag führt, zeigten die Forscher, dass dessen Mutation, ein Allel mit eingeschränkter Funktion, eine erhöhte Anzahl fruchtbarer Blüten und einen gesteigerten Kornertrag zur Folge hat. Aufgrund dieses positiven Effekts wurde diese mutierte Genvariante im Laufe der Weizendomestikation selektiert und ist heutzutage in vielen Weizensorten mit hohem Kornertrag zu finden.**

Der Tribus der Triticeae umfasst mehrere wichtige Getreidearten, so zum Beispiel den Weizen (*Triticum aestivum* L.) und die Gerste (*Hordeum vulgare* L.). Eine der wichtigsten Folgen des Domestikationsprozesses ausgewählter Triticeae-Arten ist die gesteigerte Anzahl an Körnern bei den modernen Kulturvarietäten – dank einer erhöhten Blütenfruchtbarkeit.

Alle Pflanzen der Triticeae entwickeln während ihres Wachstums einen unverzweigten Blütenstand, welcher als Ähre bezeichnet wird. Im Weizen setzt sich die Ähre aus mehreren Ährchen zusammen, welche jeweils eine unbestimmte Anzahl an Korn-produzierenden Blüten bilden. Während der Blütenentwicklung produziert jedes Weizenährchen bis zu 12 potentiell fruchtbare Blütenstufen. Jedoch sterben die meisten dieser potenziellen Blüten und damit Körner (über 70 %) während ihrer Entwicklung ab. Es ist bekannt, dass die Kornanzahl pro Ährchen von der Fruchtbarkeit der einzelnen Blüten abhängt. Trotzdem war die genetische Basis der Blütenfruchtbarkeit

bis vor kurzem noch weitgehend unerforscht. Eine internationale Gruppe von Wissenschaftlern, darunter mehrere Forscher des Leibniz-Instituts für Pflanzengenetik und Kulturpflanzenforschung (IPK Gatersleben), hat nun in Zusammenarbeit die genetischen Grundlagen der Blütenfruchtbarkeit in Weizen entschlüsselt.

Die Forscher konzentrierten sich dabei auf ein „Quantitative Trait Loci“ (QTL), welches zuvor bei einer genomweiten Assoziationsstudie in europäischen Winterweizensorten gefunden worden war und für eine erhöhte Anzahl an Körnern pro Ährchen sorgt. Nach der Kartierung des QTLs identifizierten sie den *Grain Number Increase 1 (GNI1)* Locus und das dazugehörige Gen *GNI-A1*, welches in Triticeae durch eine Genduplikation auf dem Chromosomenarm 2AL entstanden war.

Die Wissenschaftler zeigten, dass das *GNI-A1* Gen für einen Homöodomäne Leucin-Zipper Klasse I (HD-Zip I) Transkriptionsfaktor kodiert. Die Expression des Transkriptionsfaktors führt zu einer beeinträchtigten Entwicklung der Rachilla, der blütchentragenden Achse der Weizenährchen. Dies wiederum hat negative Auswirkungen auf die Blütenfruchtbarkeit und den Kornertrag.

Im Laufe der Domestikation des Weizens führte die reduzierte Expression von *GNI1* zu fruchtbareren Blüten und einer Zunahme der Kornzahl pro Ährchen. Die Forscher entdeckten bei zusätzlichen Analysen von ertragsstarken Weizen-Kulturvarietäten eine eingeschränkt funktionierende Allel-Form des Gens *GNI-A1*. Dieses mutierte Allel wurde in modernen Weizenarten mit hoher Blütenfruchtbarkeit gefunden, was stark darauf hindeutete, dass es eine Erhöhung der Blütenfruchtbarkeit bewirkt. Demnach waren im Laufe der Weizendomestikation Varietäten selektiert worden, welche das eingeschränkt funktionierende Allel trugen, da diese einen gesteigerten Kornertrag zeigten.

Der Erstautor der Studie, Dr. Shun Sakuma (IPK Gatersleben und Tottori University, Japan), welcher das Projekt unter Betreuung von Dr. Takao Komatsuda am National Institute of Agrobiological Sciences (derzeit am National Agriculture and Food Research Organization (NARO), Japan) initiiert hatte, betont: *“Diese Studie zeigt zum ersten Mal einen direkten Zusammenhang zwischen erhöhter Blütenfruchtbarkeit, höherer Kornzahl pro Ährchen und höherem Ernteertrag im Feldversuch bei Weizen.“*

Das Projekt wurde von Dr. Sakuma in der Forschungsgruppe von Dr. Thorsten Schnurbusch am IPK Gatersleben fortgeführt. Weitere Experimente wurden gemeinsam mit Mitgliedern von drei anderen IPK-Forschungsgruppen sowie in Zusammenarbeit mit israelischen Wissenschaftlern der Hebrew University of Jerusalem durchgeführt.

Ein weiteres Ergebnis der internationalen Zusammenarbeit zeigte, dass *GNI-A1* ein Ortholog des Gersten-Gens *Vrs1* ist, welches die laterale Blütenfruchtbarkeit in Gerste kontrolliert und eine Hemmung der Blütenentwicklung bewirkt. Ähnlich wie das eingeschränkt funktionierende Allel von *GNI-A1* im Weizen, sorgen die mutierten „loss-of-function“ Formen von *Vrs1* wiederum für eine Erhöhung des Kornertrags. Dr. Komatsuda (NARO), welcher zuvor an der Aufklärung der molekularen Grundlagen von *Vrs1* in Gerste beteiligt war, ist *„erfreut, dass wir nun entdeckt haben, was GNI1 tatsächlich in Weizen bewirkt.“* Das Auftreten von *GNI1/Vrs1* und die parallele Selektion des mutierten Allels steht im Einklang mit der „genetischen Hotspot-Hypothese“. Diese besagt, dass evolutionär relevante Mutationen tendenziell in spezifischen Genen und an spezifischen Positionen in Genen auftreten.

Die Identifizierung und das Verständnis der genetischen Basis der Blütenfruchtbarkeit eröffnen nun neue Wege zur Erweiterung des Wissens über

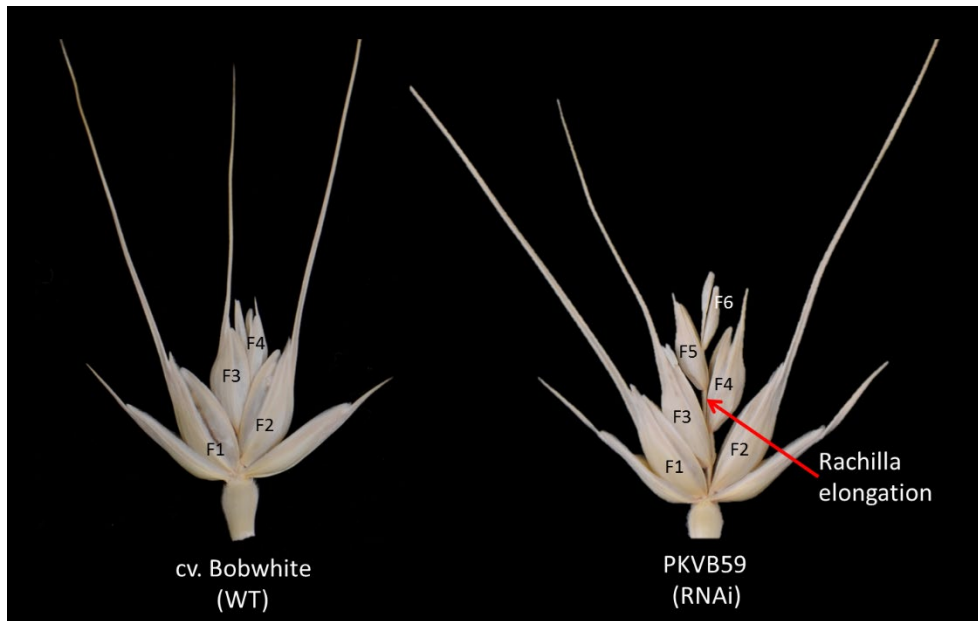
die Pflanzenarchitektur, aber auch neue Möglichkeiten für die weitere Verbesserung des Kornertrags in Weizen. Denn, wie Dr. Schnurbusch (IPK) zum Ausdruck brachte: „Dieses Wissen kann uns dabei helfen, verwandte Gene zu finden, die in ähnlicher Weise arbeiten, um so die Getreideerträge weiterhin zu verbessern.“

**Zeichen:** 6.085 (inkl. Leerzeichen)

**Originalpublikation:** Unleashing floret fertility in wheat through the mutation of a homeobox gene” PNAS in press, <https://doi.org/10.1073/pnas.1815465116>

**Abbildung (Zur freien Verwendung):**

<https://ipk-cloud.ipk-gatersleben.de/s/Qmi3aGXSgpZckz4>



Ährchenmorphologie der Brot Weizen-Sorte Bobwhite und eines transgenen Derivats, das ein GNI1-RNAi-Konstrukt enthält. Eine verminderte GNI1-Expression führt zu einer höheren Anzahl an fruchtbaren Blütchen (F1-F6) und einer höheren Kornzahl pro Ährchen. Foto: Kazuhiko Sugimoto, Taiichi Ogawa

**Wissenschaftlicher Kontakt:**

Dr. Thorsten Schnurbusch  
Leibniz-Institut für Pflanzengenetik und Kulturpflanzenforschung (IPK) Gatersleben  
Tel.: +49 39482 5341,  
E-mail: [schnurbusch@ipk-gatersleben.de](mailto:schnurbusch@ipk-gatersleben.de)

**Medienkontakt:**

Regina Devrient  
Geschäftsstelle des Direktoriums | Öffentlichkeitsarbeit  
Tel. +49 039482 5837  
E-Mail: [devrient@ipk-gatersleben.de](mailto:devrient@ipk-gatersleben.de)