



# **Renaissance der Weißen Lupine - Züchtungsforschung zur Verbesserung von Anthraknosetoleranz und Qualitätsparametern**

Institut für Pflanzenbau und Pflanzenzüchtung  
Dr. Grit Schwertfirm

---

# Situation der Weißen Lupine – Neue Sorten lassen den Anbau boomen

- Anbau der Weißen Lupine in Deutschland bisher nur begrenzt
- Hauptursache ist die hohe Anfälligkeit gegenüber der Pilzkrankheit Anthraknose (*Colletotrichum lupini*)
- Anbau der Weißen Lupine kam Mitte der 1990er Jahre fast zum Erliegen
- Züchtung von anthraknosetoleranten Sorten ermöglichen Wiederaanbau
- In 2019 erste anthraknosetolerante Sorten der Weißen Lupine zugelassen
- Weitere, neue Toleranzquellen identifizieren, um den Anbau der Weißen Lupine auch zukünftig zu sichern



# Forschungsprojekt LupiSMART

## Ziele

- Bereitstellung anthraknosetoleranter Linien für die Züchtung
- Identifizierung und Kombination toleranztragender Genomregionen
- Markerentwicklung für die Selektion anthraknosetoleranter Linien

## Vernetzung

- LfL (Freising IPZ1b, Ruhstorf IPZ4a)
- LL – Triesdorf
- JKI – Groß Lüsewitz

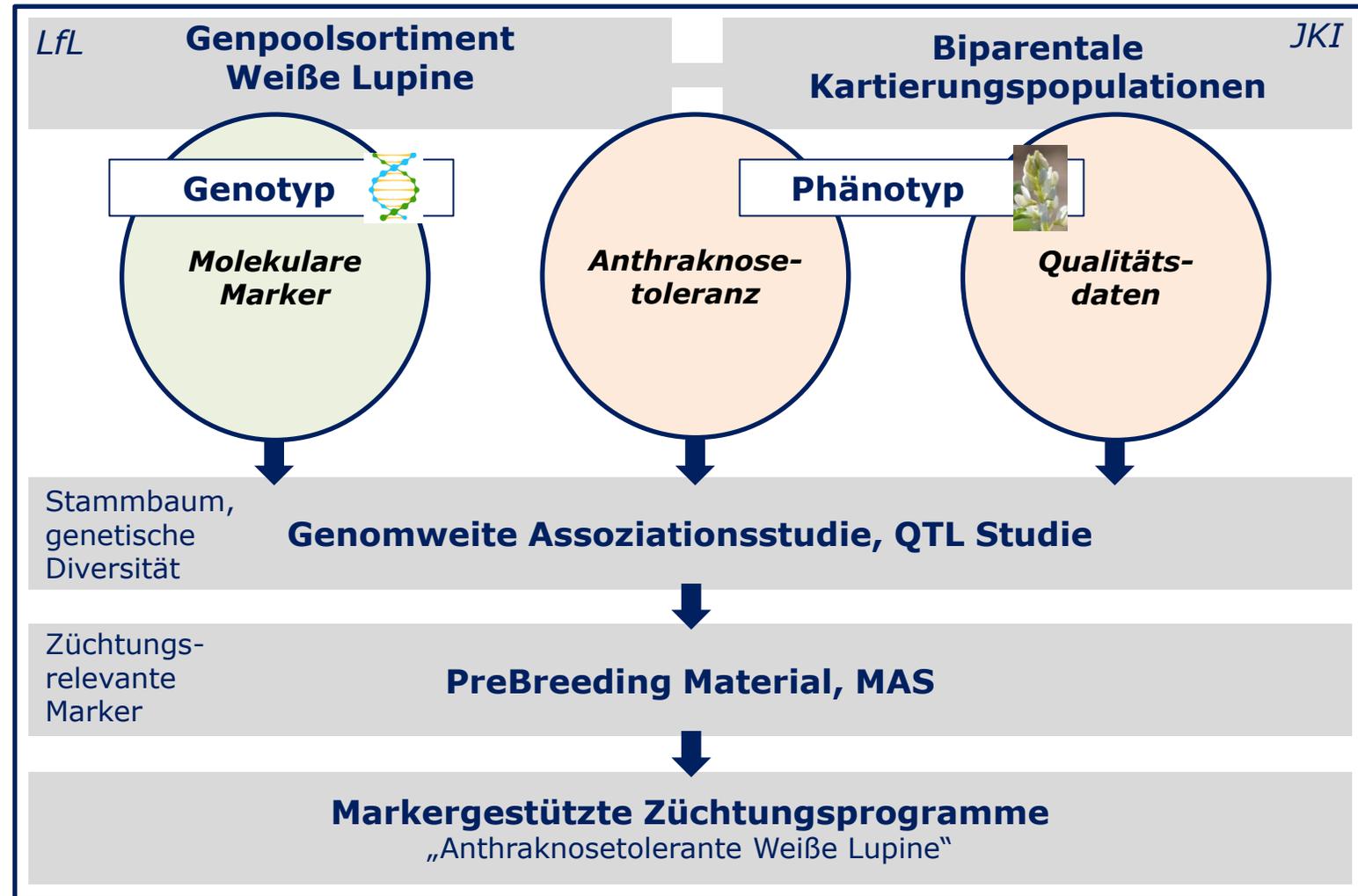
## Laufzeit

- 01.02.2020 - 30.04.2023

Gefördert durch:



aufgrund eines Beschlusses  
des Deutschen Bundestages





# Anthraknose in Bildern

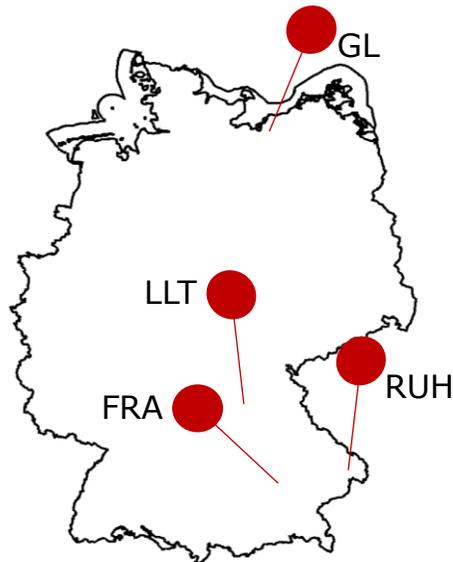




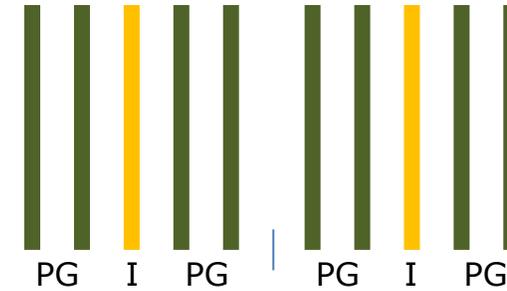
# Feldversuche – Standorte und Versuchsdesign

4 Standorte, 2 Jahre, je 2 Wiederholungen,  
randomisierte Versuchsanlage

- Groß Lüsewitz (GL): 252 Prüfglieder
- Triesdorf (LLT): 242 Prüfglieder
- Ruhstorf (RUH): 242 Prüfglieder
- Frankendorf (FRA): 242 Prüfglieder



Versuchsstandorte



Versuchsdesign

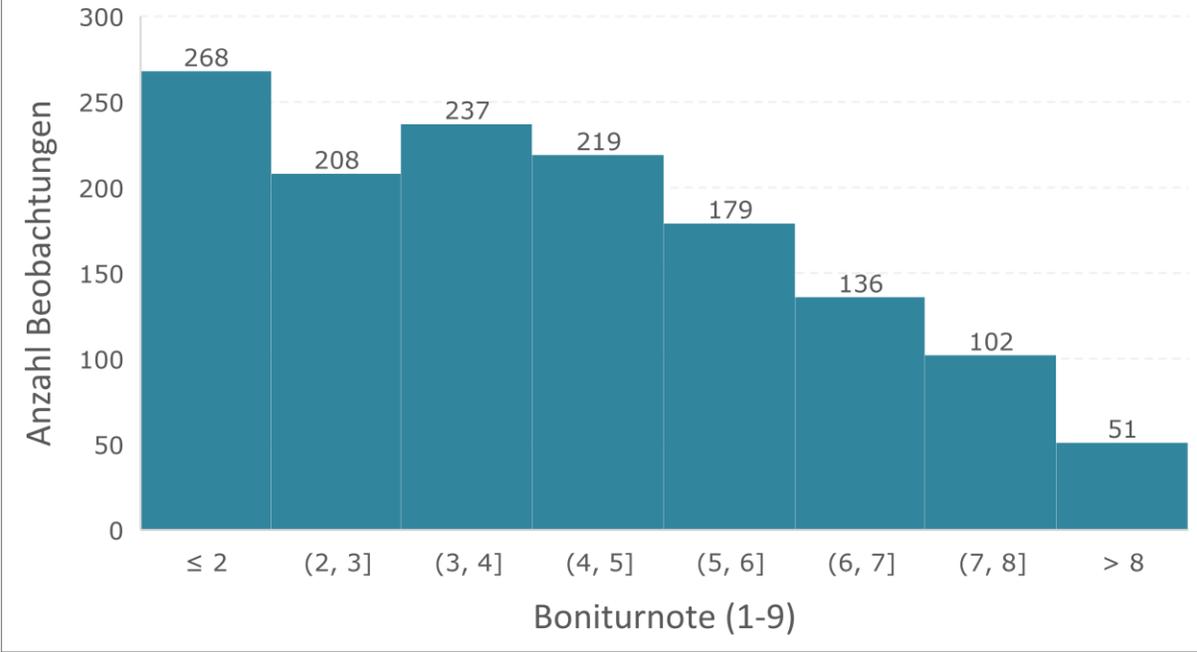


Versuchsfeld FRA 2021

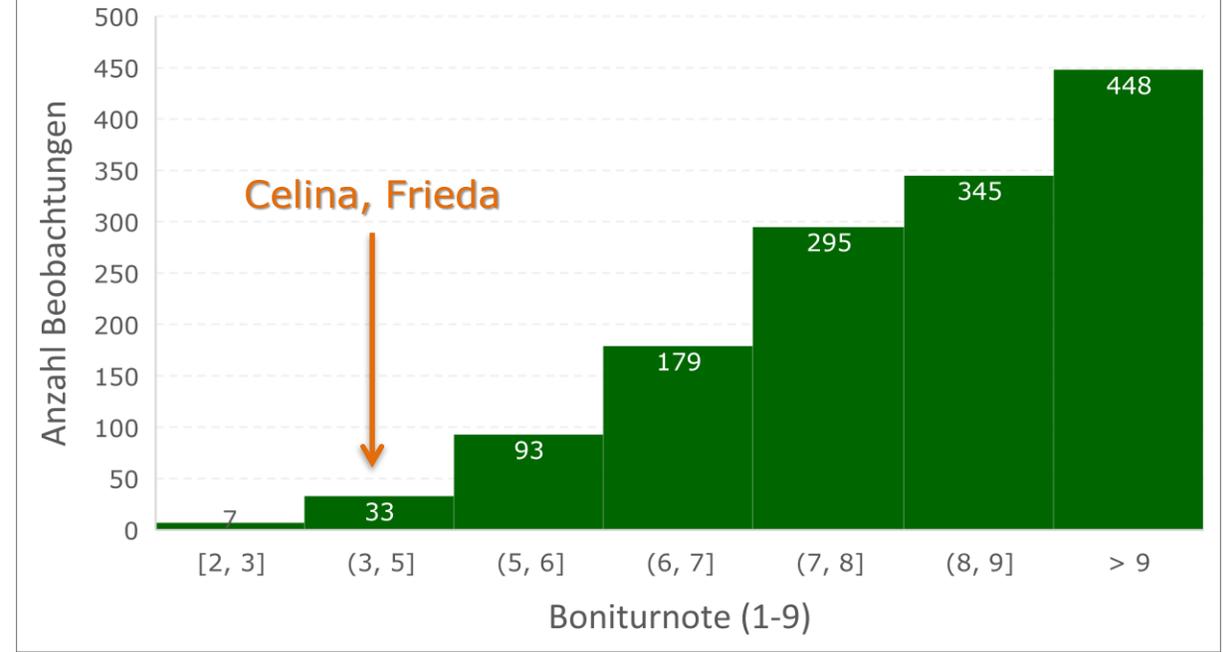


# Feldversuche – Vorläufige Ergebnisse

**Anthraknosetoleranz EC63 (4 Standorte, 2 Jahre)**



**Anthraknosetoleranz EC77 (4 Standorte, 2 Jahre)**





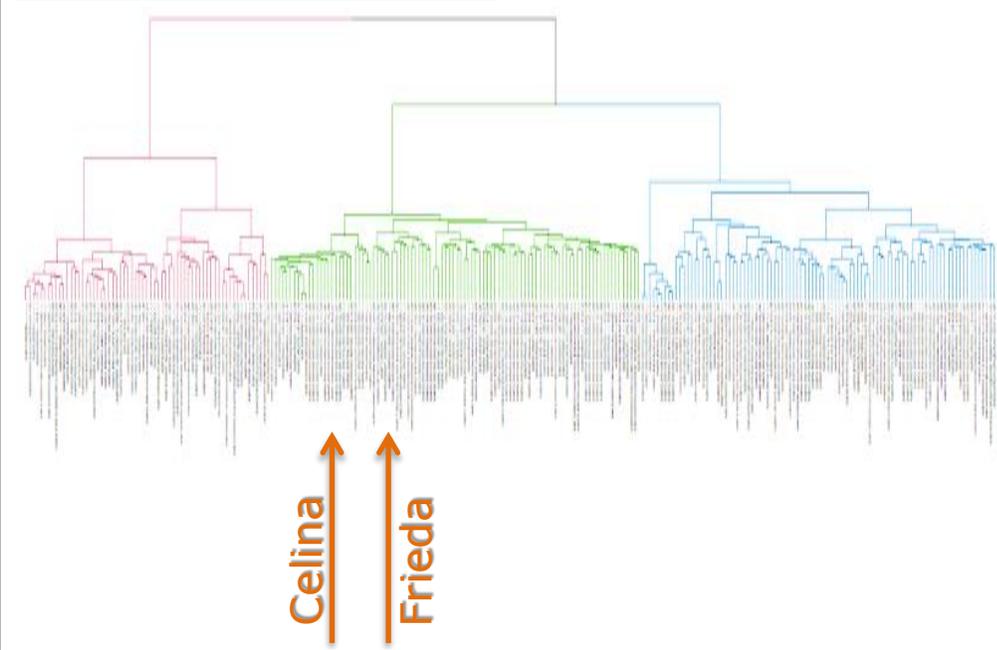
# Schaffung einer genomweiten Markerressource

- Genpoolsortiment bestehend aus Genbankakzessionen, Zuchtstämmen und Lupinensorten → Genotyping by sequencing (GBS)
- GBS Analyse resultiert in **6.479 SNPs** (Filterkriterien: 8 reads/SNP; 0.05 MAF; 66% Akzessionen, die den SNP zeigen)
- Aufzeigen genetischer Diversität, Verankerung entlang der Chromosomen

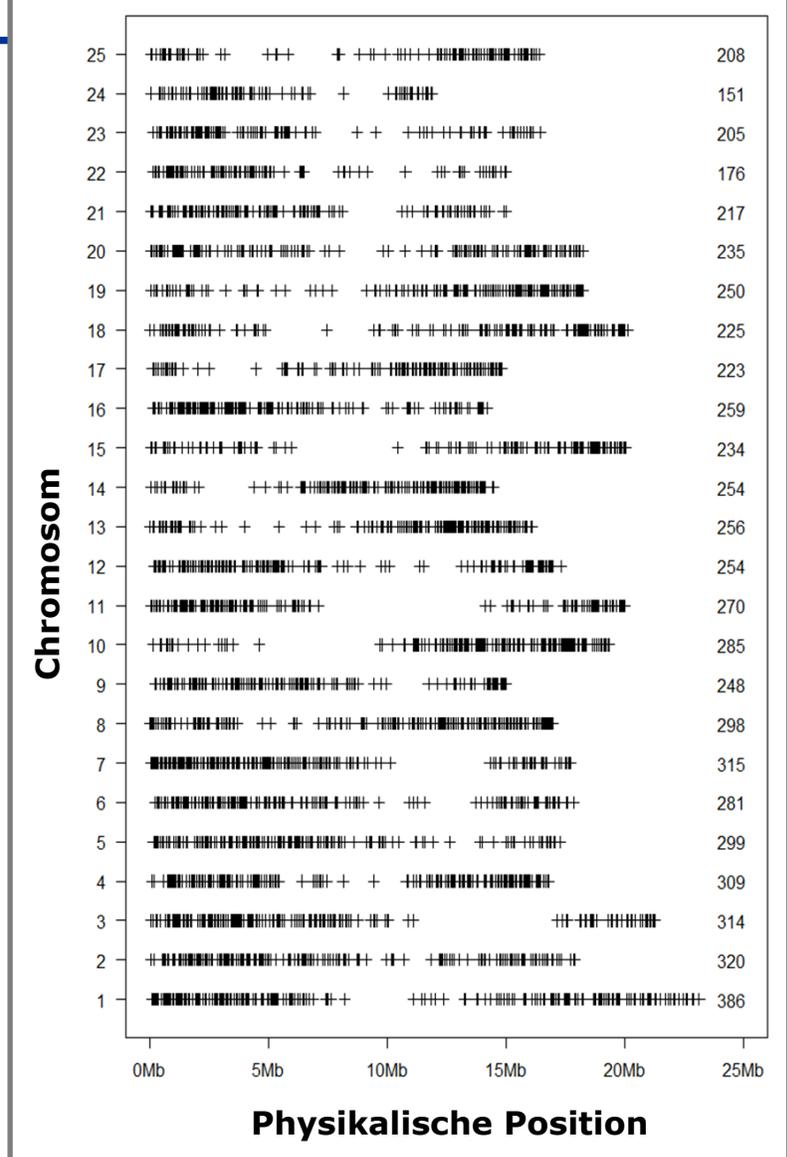
## Was ist ein SNP?

..AA**T**CGCAT..  
 ..AA**I**GGCAT..  
 ..AA**T**CGCAT..  
 :  
 ..AA**T**CGCAT..  
 ..AA**I**GGCAT..  
 ..AA**T**CGCAT..

## Genetischer Stammbaum

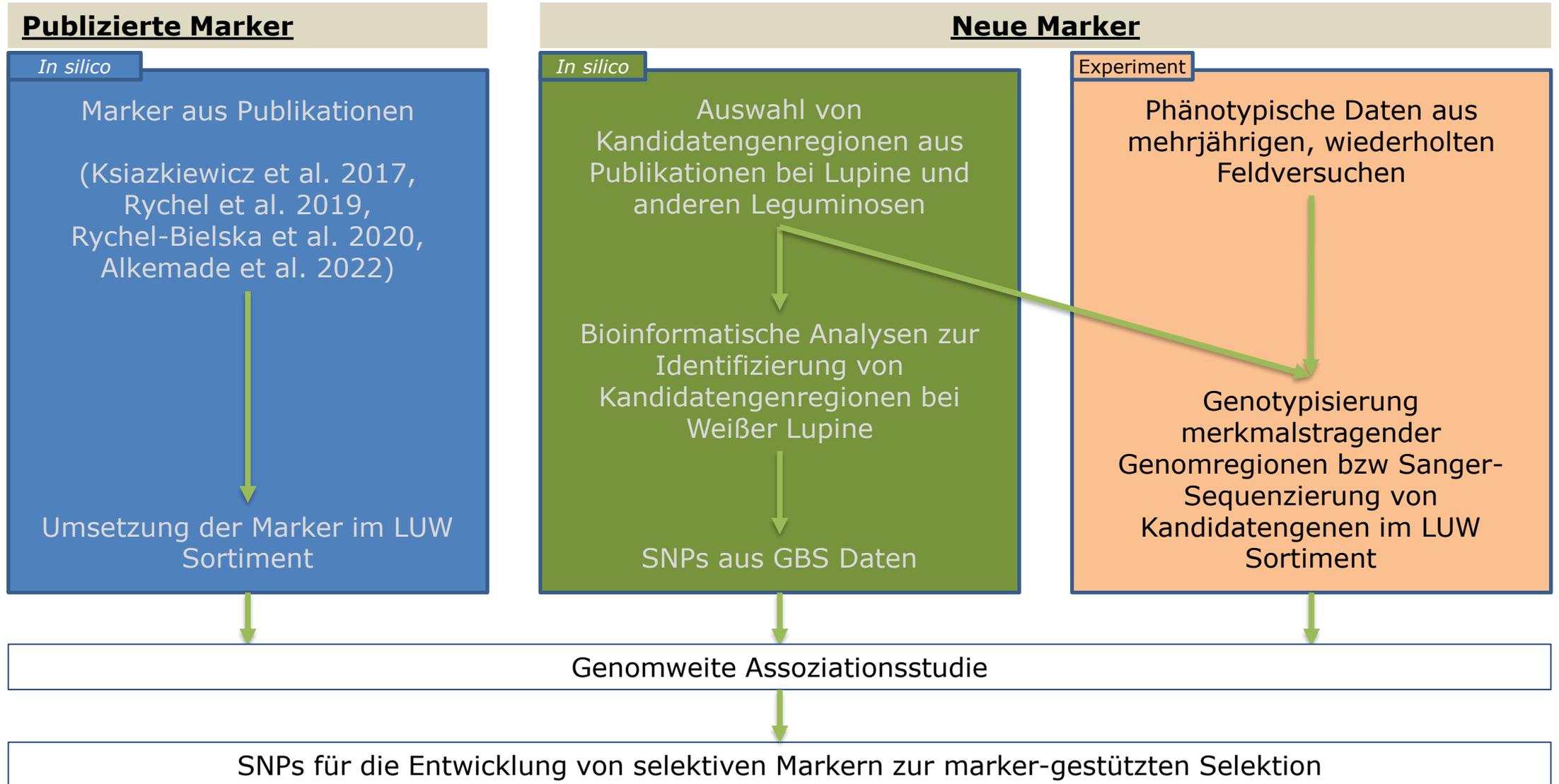


## Genom Weiße Lupine





# Merkmalspezifische Markerentwicklung





# Anthraknoseresistenz in *L. albus* (Rychel-Bielska et al. 2020, J Appl Genet)

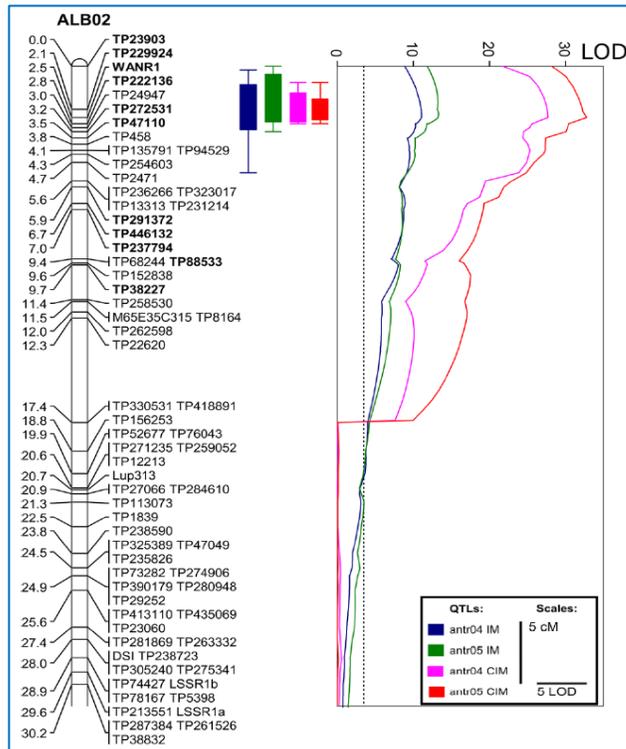
Journal of Applied Genetics  
https://doi.org/10.1007/s13353-020-00585-1

PLANT GENETICS • ORIGINAL PAPER



## Development of PCR-based markers and whole-genome selection model for anthracnose resistance in white lupin (*Lupinus albus* L.)

Sandra Rychel-Bielska<sup>1,2</sup> • Nelson Nazzicari<sup>3</sup> • Piotr Plewiński<sup>2</sup> • Wojciech Bielski<sup>2</sup> • Paolo Annicchiarico<sup>3</sup> • Michał Książkiewicz<sup>2</sup>



Name =>	Amiga	Feodora	Celina	TRI07007	Nährquell	Gela	Start	Neuland	Kiev	Kiev	Kiev	H <sub>2</sub> O
Gelspur =>	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12
Marker												
TP23903												
WANR1												
TP229924												
TP222136												
TP272531												
TP47110												
TP291372												
TP446132												
TP237794												
TP88533												
TP38227												

- ⇒ ALB02, Lalb\_Ch02:501106..1060973 (~560kb),
- ⇒ 6 / 11 Marker aus Publikation umsetzbar
- ⇒ 31 SNPs in GBS Daten (1 SNP/18kb)
- ⇒ 119 Gene in dieser genomischen Region





# Anthraknoseresistenz in *L. albus* (Rychel-Bielska et al. 2020, J Appl Genet)

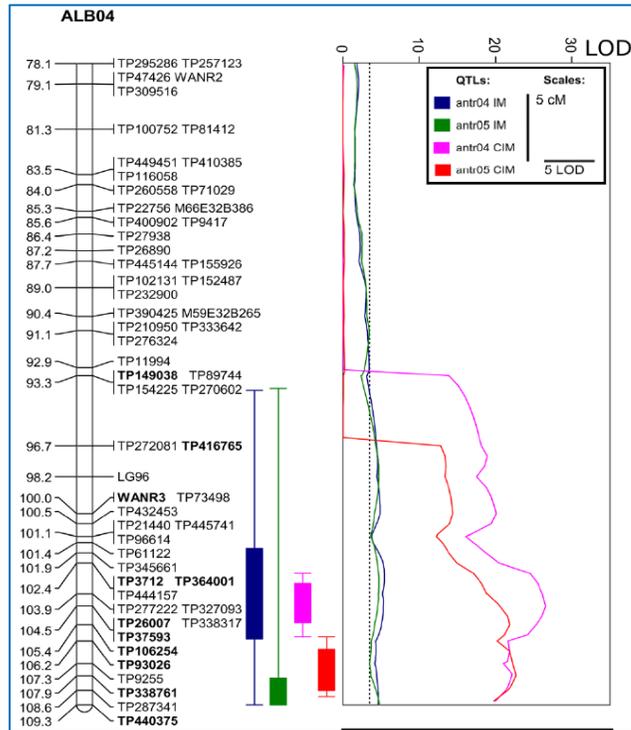
Journal of Applied Genetics  
https://doi.org/10.1007/s13353-020-00585-1

PLANT GENETICS • ORIGINAL PAPER



## Development of PCR-based markers and whole-genome selection model for anthracnose resistance in white lupin (*Lupinus albus* L.)

Sandra Rychel-Bielska<sup>1,2</sup> • Nelson Nazzicari<sup>3</sup> • Piotr Plewiński<sup>2</sup> • Wojciech Bielski<sup>2</sup> • Paolo Annicchiarico<sup>3</sup> • Michał Książkiewicz<sup>2</sup>



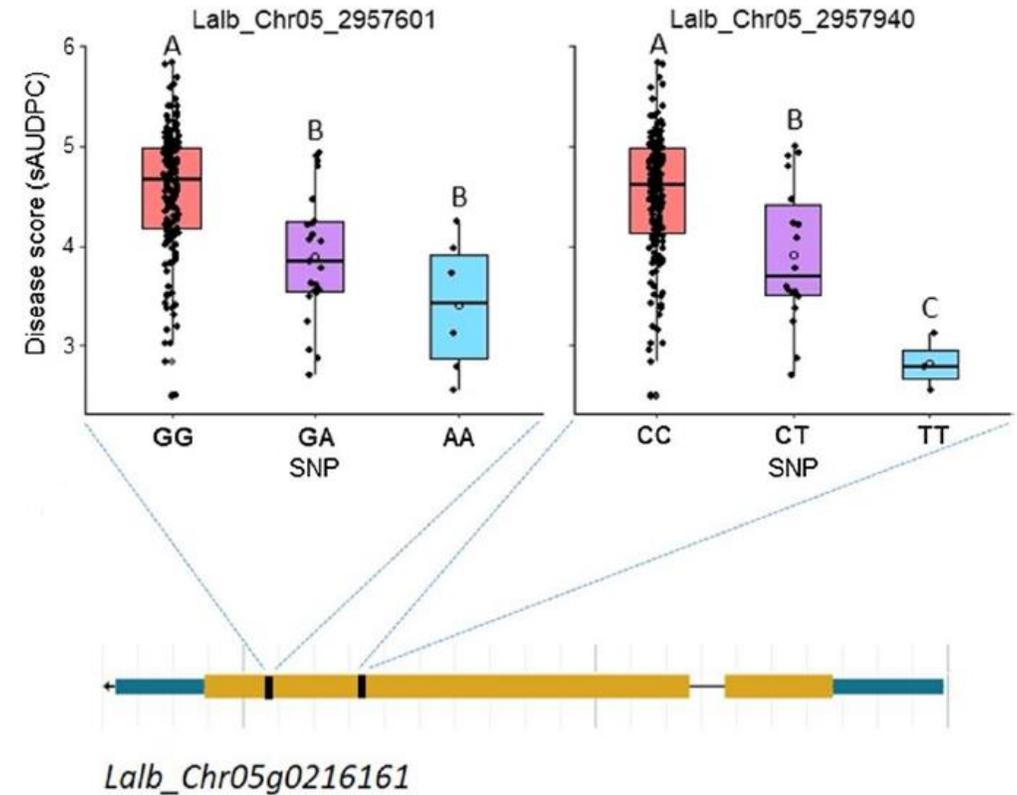
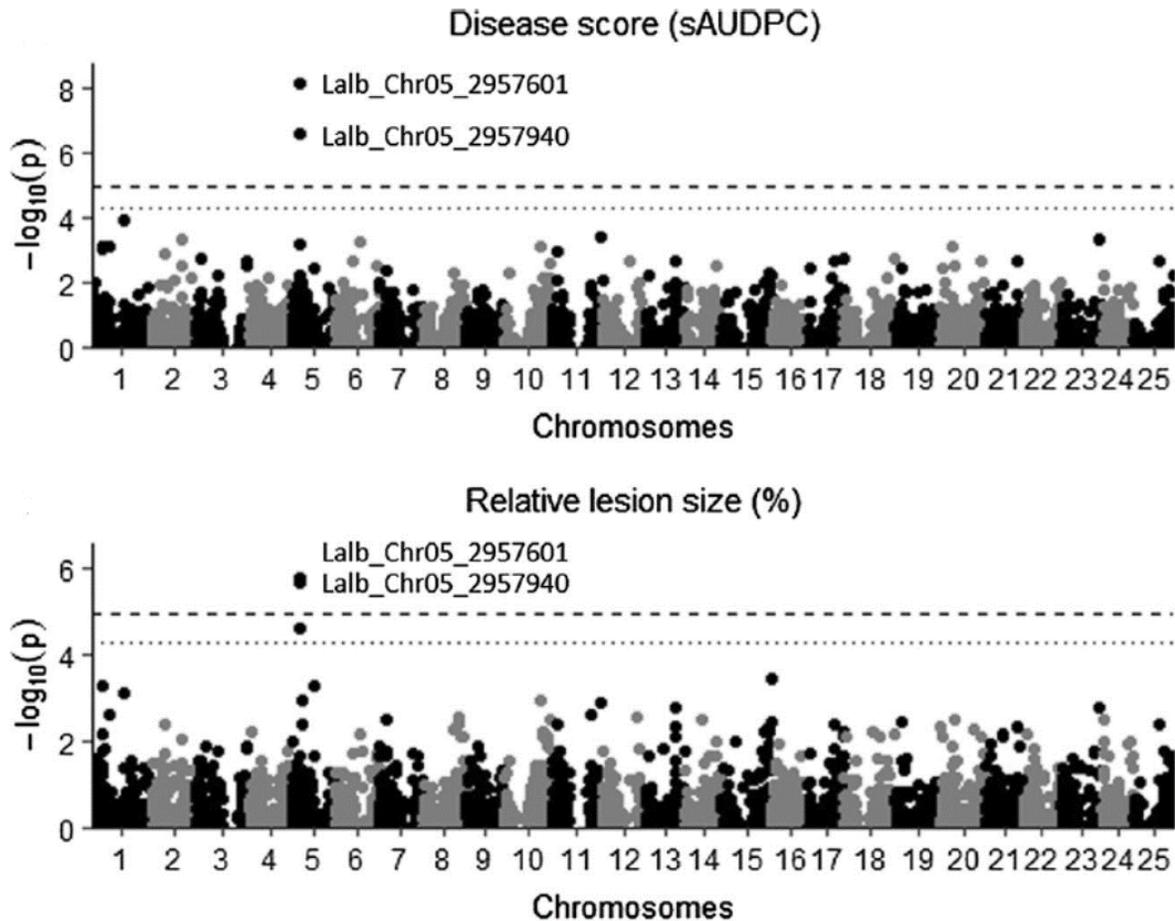
Name	Amiga	Feodora	Celina	TRI07007	Nährquell	Gela	Start	Neuland	Kiev	Kiev	Kiev	H2O
Gelspur =>	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12
Marker												
TP149038												
WANR3												
TP416765												
TP3712												
TP364001												
TP26007												
TP37593												
TP106254												
TP93026												
TP440375												
TP338761												

- ⇒ ALB04, *Lalb\_Chr04:15399106..16724572* (~1.3Mb)
- ⇒ 5 / 11 Markern aus Publikation umsetzbar
- ⇒ 40 SNPs in GBS Daten (1 SNP/33kb)
- ⇒ 175 Gene in dieser genomischer Region





# Anthraknoseresistenz in *L. albus* (Alkemade et al. 2022, Theor Appl Genet)

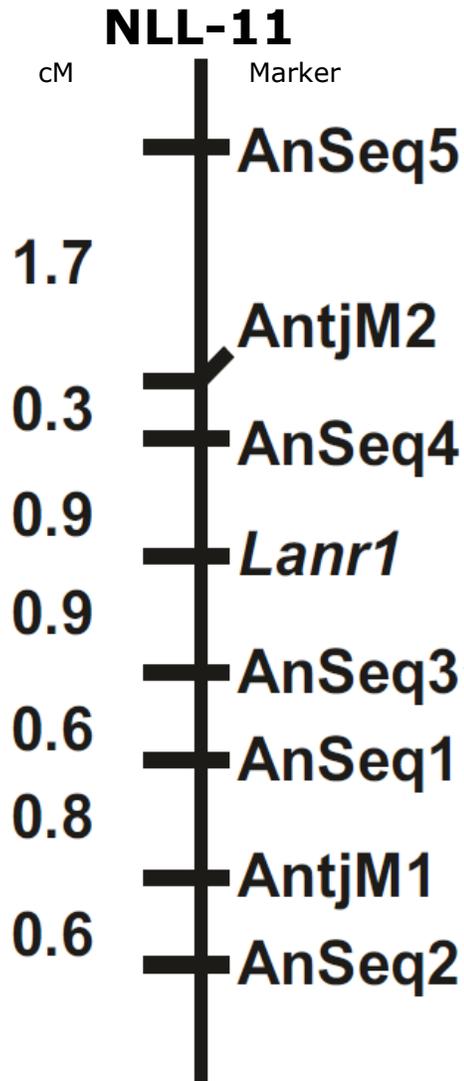


Kein SNP in den GBS Daten für dieses Gen

To do:  
Resequenzierung des Kandidatengens im LUW Sortiment



# Anthraknoseresistenz in *L. angustifolius* (Yang et al. 2012, BMC Genomics)



- AnSeq4 (Kandidatenmarker 13) und AnSeq3 (Kandidatenmarker 9) flankieren den *Lanr1* Locus
- 19 der 38 publizierten Kandidatenmarker liegen zwischen AnSeq4 und AnSeq3

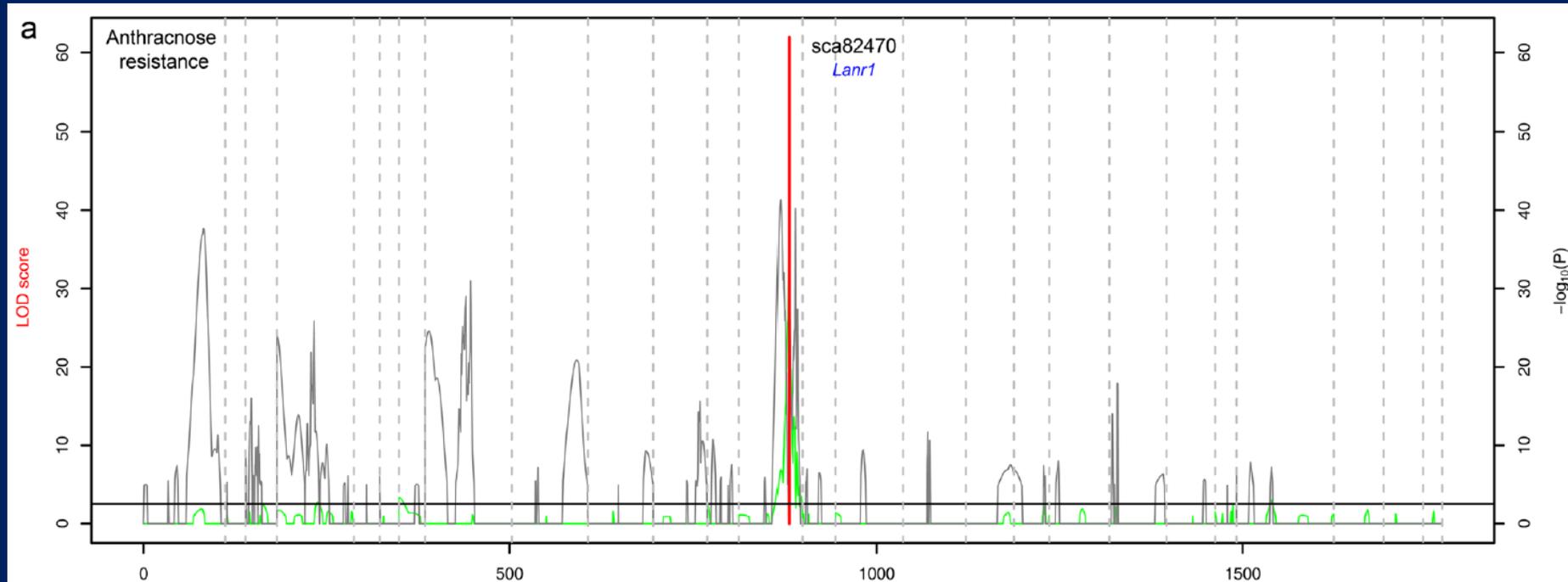
Kandidatenmarker	Chr	Position	Chr	Position
13	NLL-11	3336302	Lalb_Chr10	16501391
21	NLL-11	3476420	Lalb_Chr10	16386935
20	NLL-11	3476423	Lalb_Chr10	16386938
14	NLL-11	3495600	Lalb_Chr10	16367223
16	NLL-11	3727492	Lalb_Chr10	16215640
38	NLL-11	3736192	Lalb_Chr10	16207536
31	NLL-11	3749872	Lalb_Chr10	16194364
28	NLL-11	3763283	Lalb_Chr23	
29	NLL-11	3765875	Lalb_Chr10	16183009
23	NLL-11	3768389	Lalb_Chr10	16180804
1	NLL-11	3779435	Lalb_Chr10	16176557
25	NLL-11	3824718	Lalb_Chr10	16148101
36	NLL-11	3867293	Lalb_Chr10	16130288
2	NLL-11	3872719	Lalb_Chr10	16126197
8	NLL-11	3875180	Lalb_Chr10	16123957
32	NLL-11	4177400	Lalb_Chr10	15882906
4	NLL-11	4210198	Lalb_Chr11	
35	NLL-11	4244312	Lalb_Chr10	15842887
26	NLL-11	4282049	Lalb_Chr10	15818597
33	NLL-11	4282481	Lalb_Chr10	15818165
9	NLL-11	4312292	Lalb_Chr10	15801214

**0,97 Mb in Blauer Lupine**

**0,70 Mb in Weißer Lupine**



# Anthraknoseresistenz in *L. luteus* (Lichtin et al. 2020, Nat Scientific Reports)

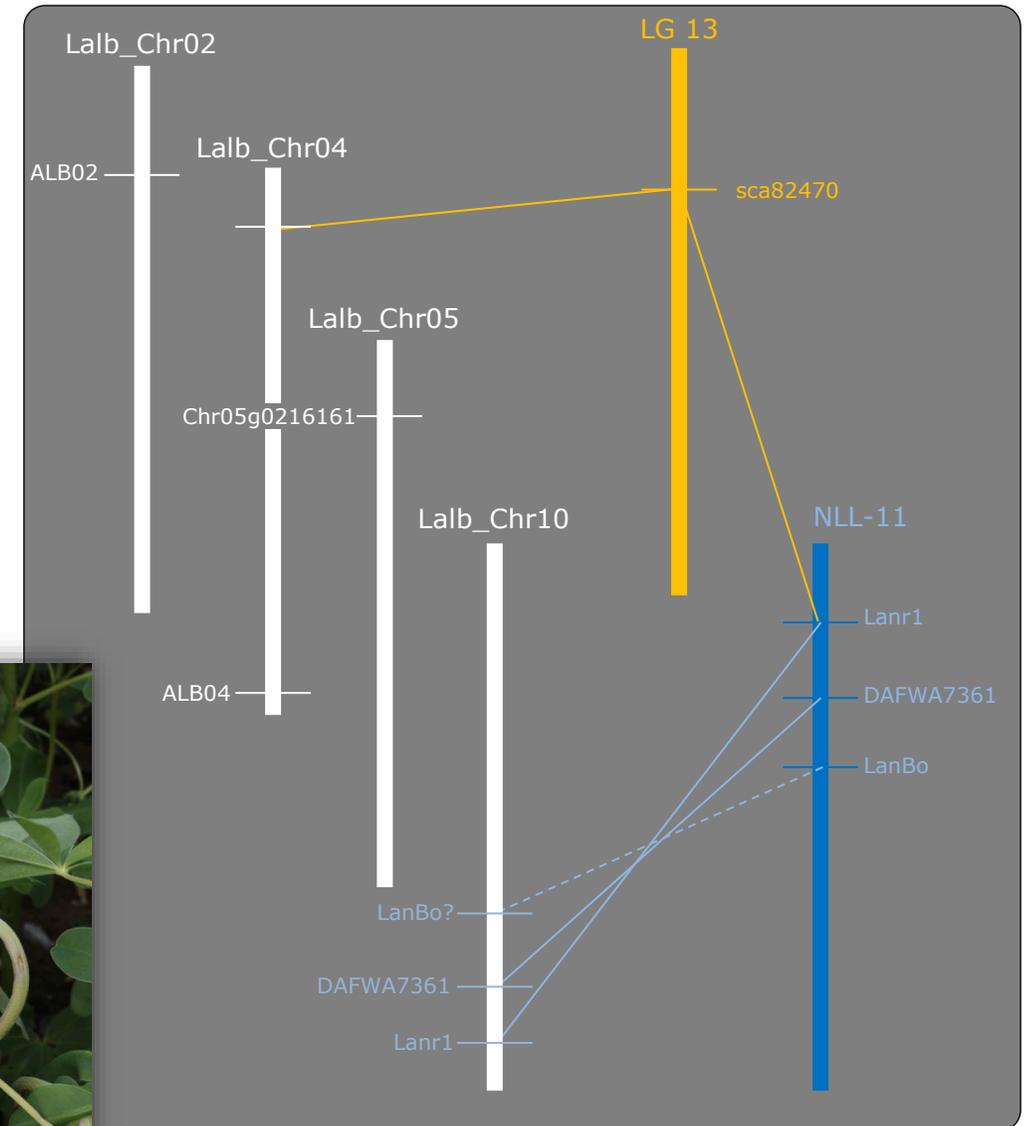


- QTLs für Anthraknoseresistenz in der  $F_2$  Kartierungspopulation bei *L. luteus*.
- Der Marker sca82480 liegt auf LG13 in gelber Lupine und flankiert das Kandidatengen *Lanr1*



# Anthraknose – Stand der Forschung bei Lupine

Spezies	Locus	Chromosom	Literaturquelle	# SNPs in GBS Daten
<i>L. albus</i>	<i>ALB02</i>	Lalb_Chr02	Rychel-Bielska et al. 2020, J Appl Genet	31
	<i>ALB04</i>	Lalb_Chr04	Rychel-Bielska et al. 2020, J Appl Genet	40
	<i>Chr05g0216161</i>	Lalb_Chr05	Alkemade et al. 2022, Theor Appl Genet	0
<i>L. angustifolius</i>	<i>Lanr1</i>	NLL-11	Yang et al. 2012, BMC Genomics	13
	<i>LanBo</i>	NLL-11	Fischer et al. 2015, Theor Appl Genet	
<i>L. luteus</i>	<i>sca82470</i>	LG 13	Lichtin et al. 2020, Nat Scientific Reports	



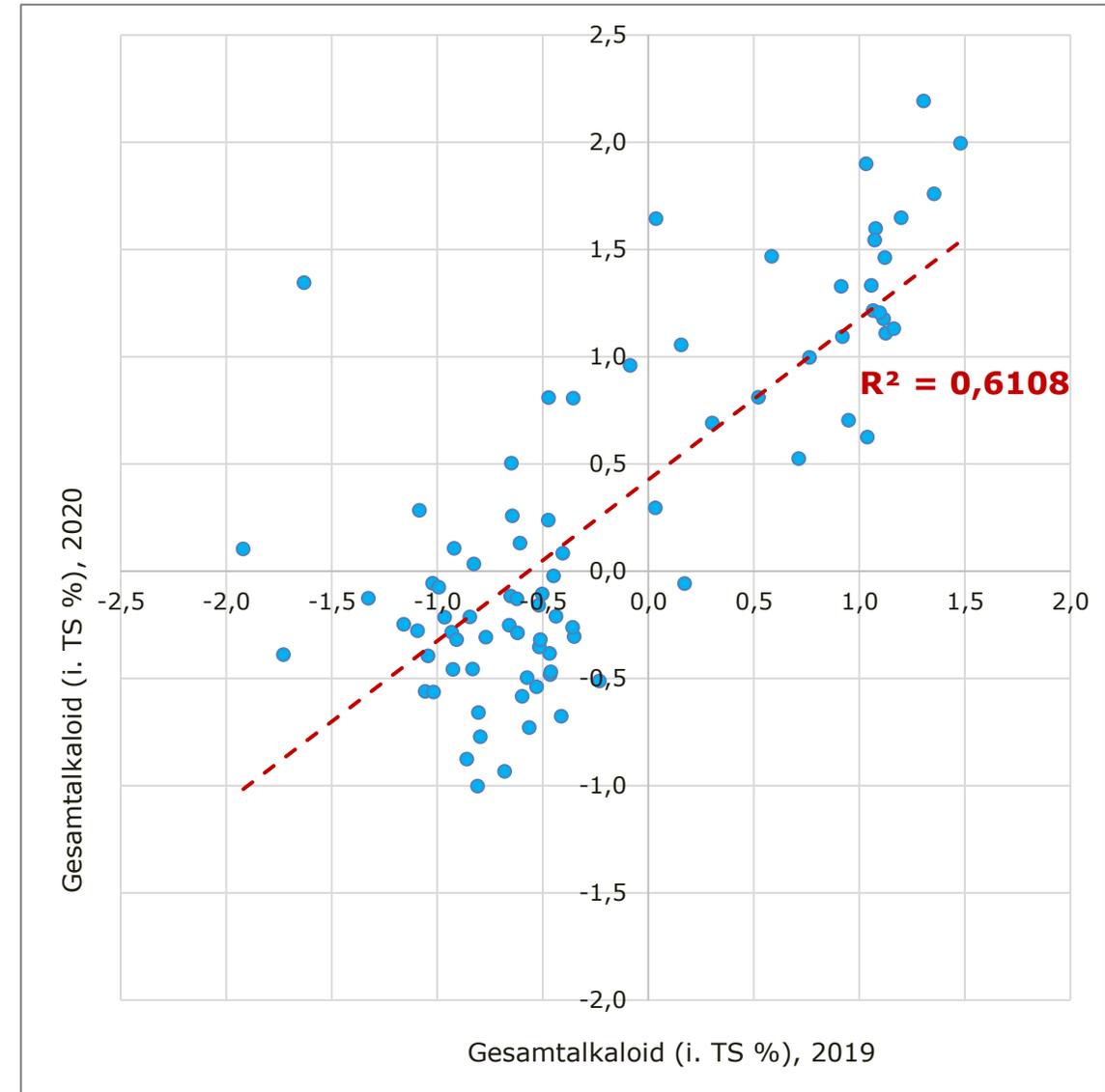


# Gesamt-Alkaloidgehalte im LUW-Sortiment

Aussaatvorbereitung durch Vermehrung im Zelt (2019, 2020)

Bestimmung von TM, Protein- und Alkaloidgehalt per zerstörungsfreier NIRS am Vermehrungsgut (2019, 2020)

Aussaat des Feldversuchs (2020, 2021)



# Zusammenfassung und Ausblick

---

## Zusammenfassung

- Erstellung einer Markerressource für Weiße Lupine
- Erhebung phänotypischer Daten zu Anthraknosetoleranz, Alkaloidgehalt und weiteren züchtungsrelevanten Merkmalen in mehrjährigen, wiederholten und randomisierten Feldversuchen

## Ausblick

- Verknüpfung von Phänotyp und Genotyp in einer genomweiten Assoziationsstudie zur Identifizierung merkmalsprägender Genomregionen und SNP-Marker
- Zusammenstellung von SNP-Arrays zur marker-gestützten Selektion von Kreuzungsnachkommen
- Aufbau eines Kreuzungsprogramms bei Weißer Lupine zur Pyramidisierung positiver Allele für Anthraknosetoleranz

# Vielen Dank!

## **JKI-Groß Lüsewitz**

Brigitte Ruge-Wehling  
Florian Haase

## **Landwirtschaftliche Lehranstalten Triesdorf**

Manuel Deyerler  
Markus Heinz

## **LfL, IPZ4a**

Christine Riedel  
Stefanie Gellan

## **LfL, IPZ1b**

Dr. Günther Schweizer  
Sandy Teichmann

## **LfL, IAB3a**

Andrea Winterling

## **LfL, IPZ3c**

Dorothea Hofmann



**LfL**