

## MaltBarOmics

Combining superior yield potential and malting quality by omics-based breeding strategies in winter barley

|                                 |   |                        |            |
|---------------------------------|---|------------------------|------------|
| <b>Programm / Ausschreibung</b> | Bridge, Bridge_NATS, Bridge_NATS 2019   | <b>Status</b>          | laufend    |
| <b>Projektstart</b>             | 09.01.2022  | <b>Projektende</b>     | 08.01.2026 |
| <b>Zeitraum</b>                 | 2022 - 2026   | <b>Projektlaufzeit</b> | 49 Monate  |
| <b>Keywords</b>                 | barley; malting quality; omics-based prediction; transcriptomics; barley yellow dwarf virus |                        |            |

### Projektbeschreibung

Gerste (*Hordeum vulgare* L.) ist die weltweit viertgrößte Getreideart und spielt eine essenzielle Rolle in der tierischen und menschlichen Ernährung sowie in der Brauindustrie. Der starke Anstieg der Weltbevölkerung in der letzten Dekade und die damit einhergehende verstärkte Nachfrage nach Gerstenprodukten verlangt nach Gerstensorten mit erhöhtem Ertragspotential und verbesserter Brauqualität. Die gleichzeitige Verbesserung von Kornertrag und Brauqualität stellt Züchter/innen allerdings vor eine große Herausforderung, da sich beide Merkmale durch eine kostspielige Erfassung und eine komplexe genetische Vererbung auszeichnen.

Der Kornertrag von Gerstensorten mit exzellenter Brauqualität ist derzeit deutlich geringer im Vergleich zu Futtergerste. Massive klimatische Veränderungen und damit einhergehende mildere Winter haben darüber hinaus viele Landwirte in den letzten Jahren dazu bewegt Sommergerste durch die ertragsstärkere Wintergerste in ihren Fruchtfolgen zu ersetzen. Da die Sommergerste allerdings traditionellerweise eine höhere Brauqualität besitzt, hat die gezielte Kreuzung zwischen Winter- und Sommertypen in vielen Gerstenzuchtprogrammen deutlich an Wichtigkeit gewonnen. Es ist des Weiteren zu erwarten, dass durch die genannten klimatischen Veränderungen das Auftreten von insektenübertragenden Krankheiten wie Gerstengelverzweigungsvirosen deutlich zunehmen, da die Verwendung von Insektiziden durch neue Vorschriften der Europäischen Kommission stark eingeschränkt wurde. Die Züchtung von resistenten/toleranten Gerstensorten ist somit die effizienteste und nachhaltigste Methode massiven Ertragsverlusten durch Krankheiten, wie dem Gerstengelverzweigungsvirus, vorzubeugen.

Ein Hauptziel von Gerstenzuchtprogrammen ist somit die Züchtung von Sorten die Kornertrag, Brauqualität und Krankheitsresistenz optimal vereinigen. Diese Aufgabe ist jedoch bei diesen quantitativ vererbten Merkmalen sehr herausfordernd, welche durch viele Gene kontrolliert werden und starken Umwelt- sowie agronomischen Einflüssen unterworfen sind. Im vorliegenden Projekt streben wir daher an diese Problematik mit Hilfe `omics`-basierender Züchtungsansätze aufzugreifen, um die genetische Verbesserung von Winterbraugerste maßgeblich zu beschleunigen. Zu diesem Zweck werden phänotypische Daten für Kornertrag, Brauqualität und Virusresistenz in mehrortigen Feldversuchen erhoben, und mit der Fülle von Daten, welche in einem praktischen Gerstenzuchtprogramm in den letzten Jahren erhoben wurden über neue statistische Methoden verknüpft zu werden. Durch die gezielte Zusammenführung von Stammbaumdaten sowie genomischen und transkriptomischen Informationen sollen die neu entwickelten `omics`-basierenden

Züchtungsansätze dazu dienen eine routinemäßige Selektion von krankheitsresistenten und ertragsstarken Winterbraugersten zu ermöglichen. Die erfolgreiche Durchführung des Projekts wird eine enge Zusammenarbeit zwischen dem Institut für Biotechnologie in der Pflanzenproduktion der Universität für Bodenkultur Wien und mehreren Partnern aus der Züchtungsindustrie gewährleistet.

## **Abstract**

Barley (*Hordeum vulgare* L.) is the fourth most produced cereal crop worldwide, and plays an essential role in human and animal nutrition as well as in the brewing industry. In recent decades the growing world population and consumption demanded an increased barley yield production that has to be combined with superior malting quality. Malting quality, as a principal factor in brewing, and grain yield have a complex genetic architecture and are expensive to measure rendering both of them challenging targets in barley breeding programs.

Current malting barley varieties suffer however from a lower grain yield in comparison to feeding barley. Massive changes in climate patterns and milder winters, have triggered farmers to more and more substitute spring barley, which is an initial source of malt, by winter barley. Hence, developing winter type malting barley via extensive crossing with spring barley is becoming a key objective in barley breeding programs. Longer periods of warm temperatures during autumn and winter are furthermore resulting in an increasing growth of pest populations. This leads to a higher frequency of virus-based diseases such as Barley yellow dwarf virus (BYDV), which is vector-transmitted by aphids. Since the common plant protection measure of neonicotinoid seed treatment was prohibited by new regulations from the European Commission, the most effective and sustainable approach to prevent yield losses by BYDV is the development of new resistant/tolerant varieties. The main goal for barley breeders is thus the simultaneous improvement of grain yield, malting quality and disease resistance to develop varieties that optimally pyramid the plethora of these agronomic characteristics. This poses a severe challenge to breeders due to the quantitative and multigenic inheritance of these traits, which are furthermore strongly influenced by different environmental and agronomical conditions. In this project, we aim to address this challenge by merging several omics-based breeding methods to accelerate the genetic improvement of winter malting barley. For this purpose, phenotypic data from multi-location grain yield, virus resistance, and micro-malting trials will serve as the basis to establish an omics-based breeding pipeline in an applied barley breeding program. This pipeline will facilitate a routine selection for virus resistance and superior yielding winter malting barley after completion of the project. The project will be carried out in a close collaborative work between the academic partner University of Natural Resources and Life Sciences Vienna (BOKU) and several industrial partners.

## **Projektkoordinator**

- Universität für Bodenkultur Wien

## **Projektpartner**

- Saatzucht Edelhof GmbH
- Land Niederösterreich
- Verein zur Förderung einer nachhaltigen und regionalen Pflanzenzüchtung