



Nutzung genetischer Ressourcen der Schmalblättrigen Lupine (*Lupinus angustifolius*) zur Sicherung der Alkaloidarmut für die Feed- und Foodverwendung

Florian Haase, Lucas Erdmann, Helge Fließ, Anne Zaar

Julius Kühn-Institut (JKI), Bundesforschungsinstitut für Kulturpflanzen
Institut für Züchtungsforschung an landwirtschaftlichen Kulturen (ZL)

Leguminosentage LFA MV, online, 10.-11.12.2025

Lupinenarten JKI-ZL



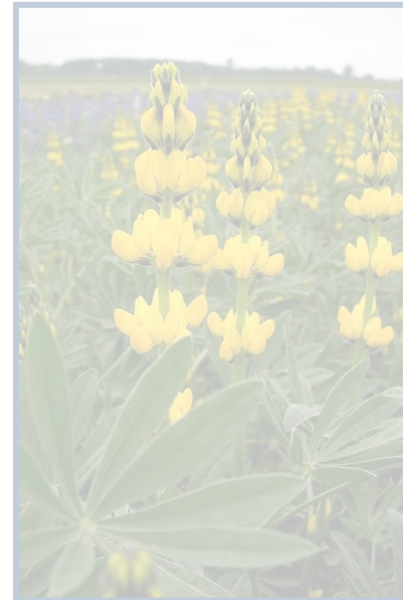
Blaue Lupine (LUB)
(*Lupinus angustifolius*)

pH: 5.0 – 6.8
Ertrag: 20 bis 45 dt/ha
Sorten: 9



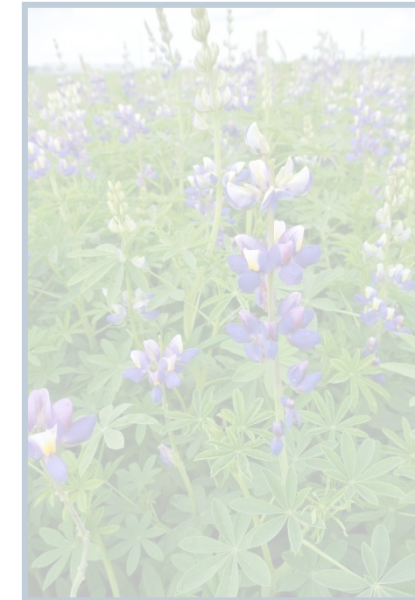
Weißer Lupine (LUW)
(*Lupinus albus*)

pH: 5.5 – 6.8
Ertrag: 20 bis 60 dt/ha
Sorten: 4



Gelber Lupine (LUG)
(*Lupinus luteus*)

pH: 4.6 – 6.0
Ertrag: 15 bis 20 dt/ha
Sorten: keine

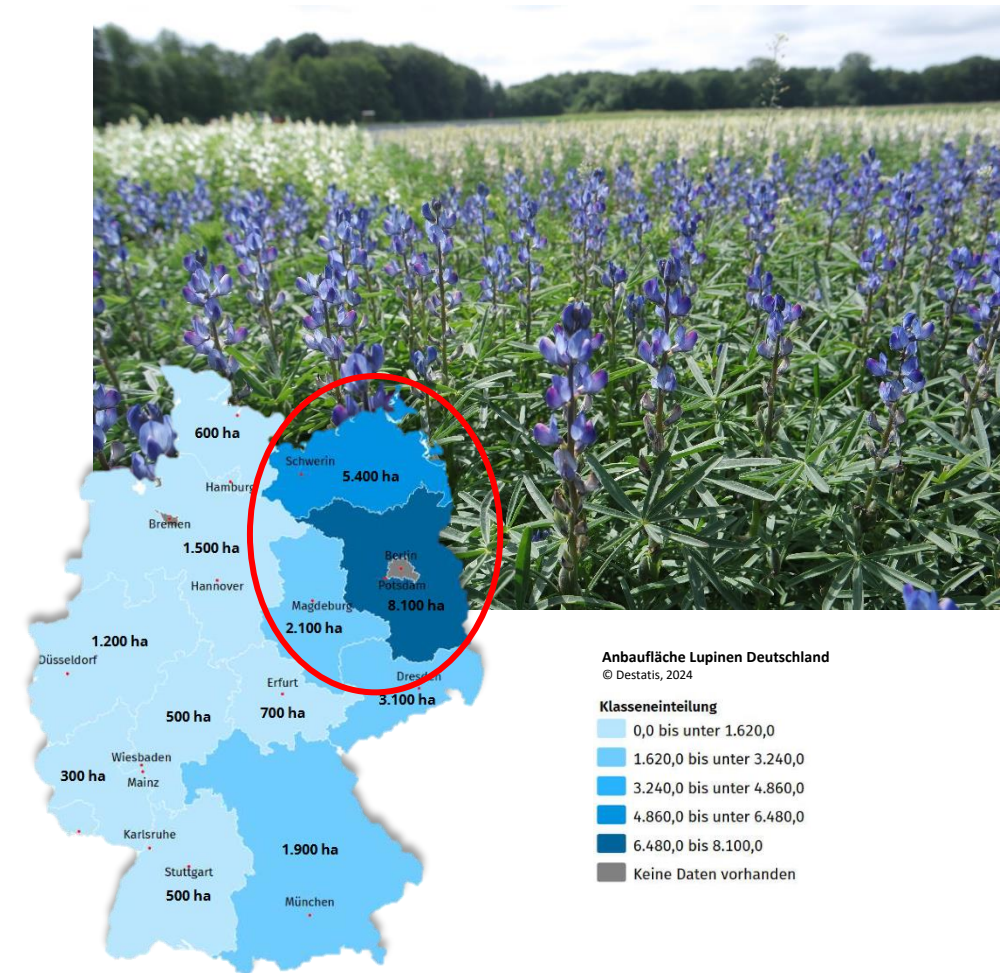


Andenlupine (LUA)
(*Lupinus mutabilis*)

pH: 5.0 – 6.8
Biomassennutzung
Sorten: keine

Schmalblättrigen Lupine (Syn. “Blaue Lupine”), *Lupinus angustifolius*

- meist angebaute Lupinenspezies in Deutschland
- Anbau:
 - geringe – mittlere Standortansprüche
 - frühe Abreife
 - niedrige pH-Werte
 - Kornertrag 20-45 dt/ha
- Proteingehalt: 27-34 % (alkaloidarme Sorten)
- Anthraknose-Resistenzgene (*Lanr1*, *LanrBo*) beschrieben & molekulare Marker in Zuchtprogrammen



- **Futtermittel:** Schwein, Rind, Geflügel
- **Lebensmittel:** Proteinmehle, -isolate, Fleischersatz, Kaffeeersatz
- **Nonfood:** biobasierte Kunst und Verbundwerkstoffe, Kosmetik, Pharma, Technische Proteine



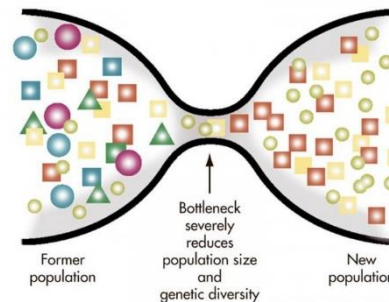
Herausforderung: Alkaloide

- **Chinolizidinalkaloide (QA)** sind toxische, sekundäre Stoffwechselprodukte in Lupinen
- **Vorkommen in allen Lupinenarten**
- **Richtwerte** für die Verwertung in Fütterung (**0,05%**), Humanernährung (**0,02%**)

Schmalblättrige Lupine (<i>Lupinus angustifolius</i>)	Weisse Lupine (<i>Lupinus albus</i>)	Gelbe Lupine (<i>Lupinus luteus</i>)
Lupanin Angustifolin 13-Hydroxylupanin Iso-Lupanin	Lupanin Albin Multiflorin 13-Hydroxylupanin	Lupinin Sparteine

- Süßlupinen sind das Ergebnis **züchterischer Selektion** (R. v. Sengbusch, 1930er)
- Schmalblättrige Lupine: *iucundus*, *esculentus*, *depressus*

➔ Begrenzung der genetischen Diversität
= **genetischer Flaschenhals**



Populationsgröße ▼

Allelvariabilität ▼

Adaptationspotenzial ▼

➤ **Limitierung für Züchtungsfortschritt**

Umweltstabilität des Alkaloidgehaltes

- Alkaloidgehalt ist genetisch verankert, kann jedoch umweltbedingt schwanken
- bei aktuellen „süßen“ *iuc*-Sorten kann es zu Richwertüberschreitungen kommen
- Stellungnahmen des Bundesinstitut für Risikobewertung (BfR):

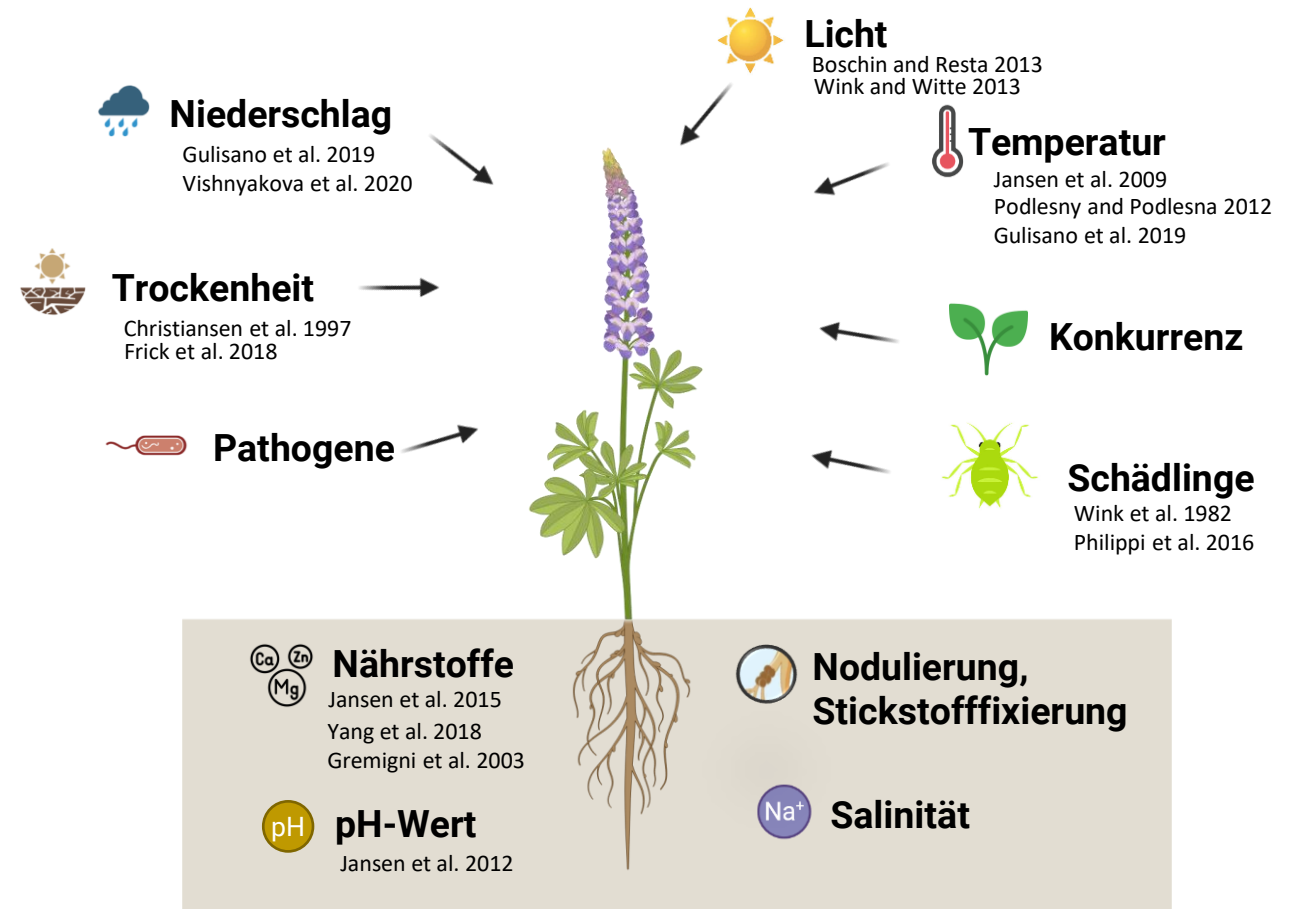
Bundesinstitut für Risikobewertung | Alkaloide und Allergien: Aktuelle Datenlage zu gesundheitlichen Risiken durch Lupinensamen in ...

Stellungnahmen 17.09.2025 / Stellungnahme Nr. 035/2025

Alkaloide und Allergien: Aktuelle Datenlage zu gesundheitlichen Risiken durch Lupinensamen in Lebensmitteln

Merken Artikel teilen URL kopieren

DOI <https://doi.org/10.17590/20250917-091537-0>



created with biorender.com

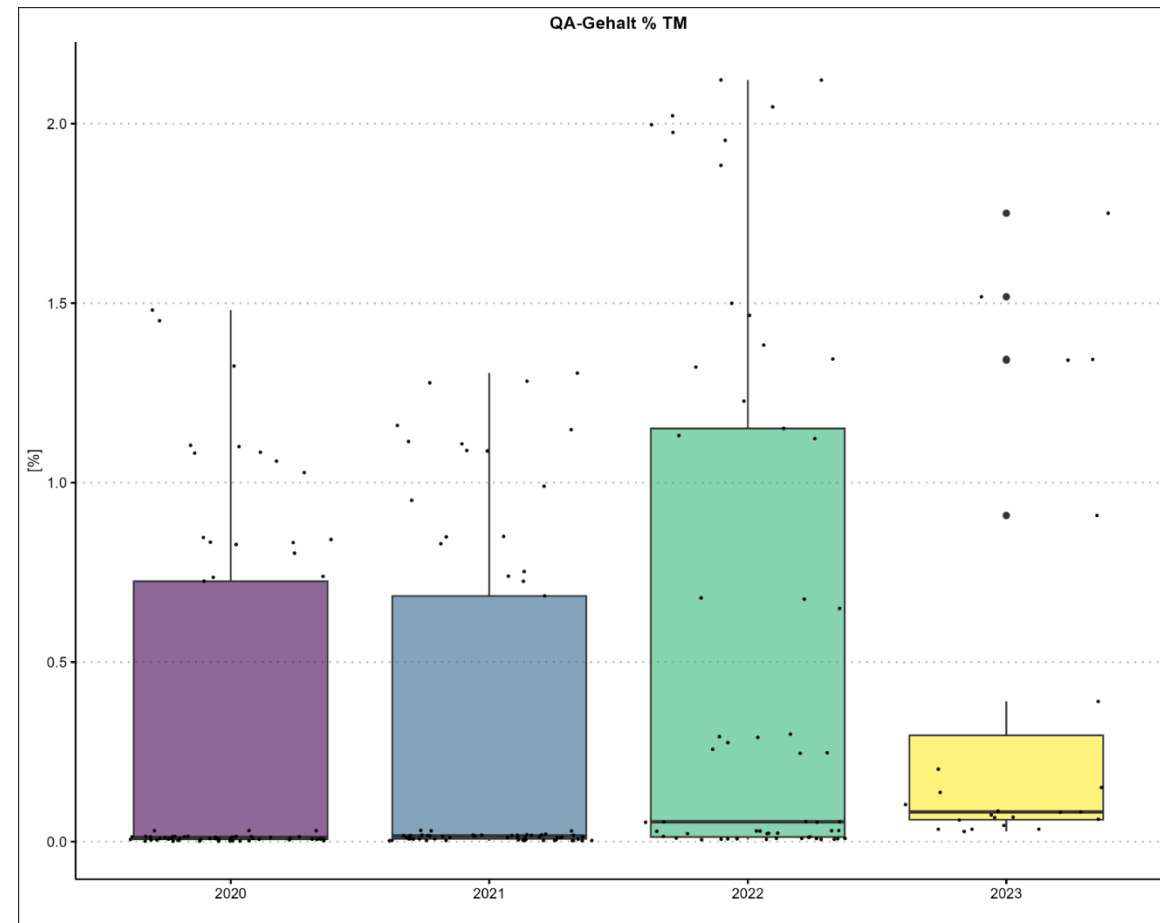
Forschungs- und Züchtungsziele

- Identifizierung und Nutzbarmachung bisher ungenutzter Allele; Gene für Alkaloidarmut in pflanzengenetischen Ressourcen (z.B. *depressus*, *esculentus*)
- Besseres Verständnis von Genen, die an der Alkaloidbiosynthese und Transport beteiligt sind
- Entwicklung molekularer Marker zur Selektion alkaloidarmer Pflanzen – Erschließung des “bitteren” Genpools
- Pyramidisierung “süßer” Genvarianten und Einkreuzung in züchterisch relevanten Hintergrund zur Erhöhung der Stabilität der Alkaloidarmut

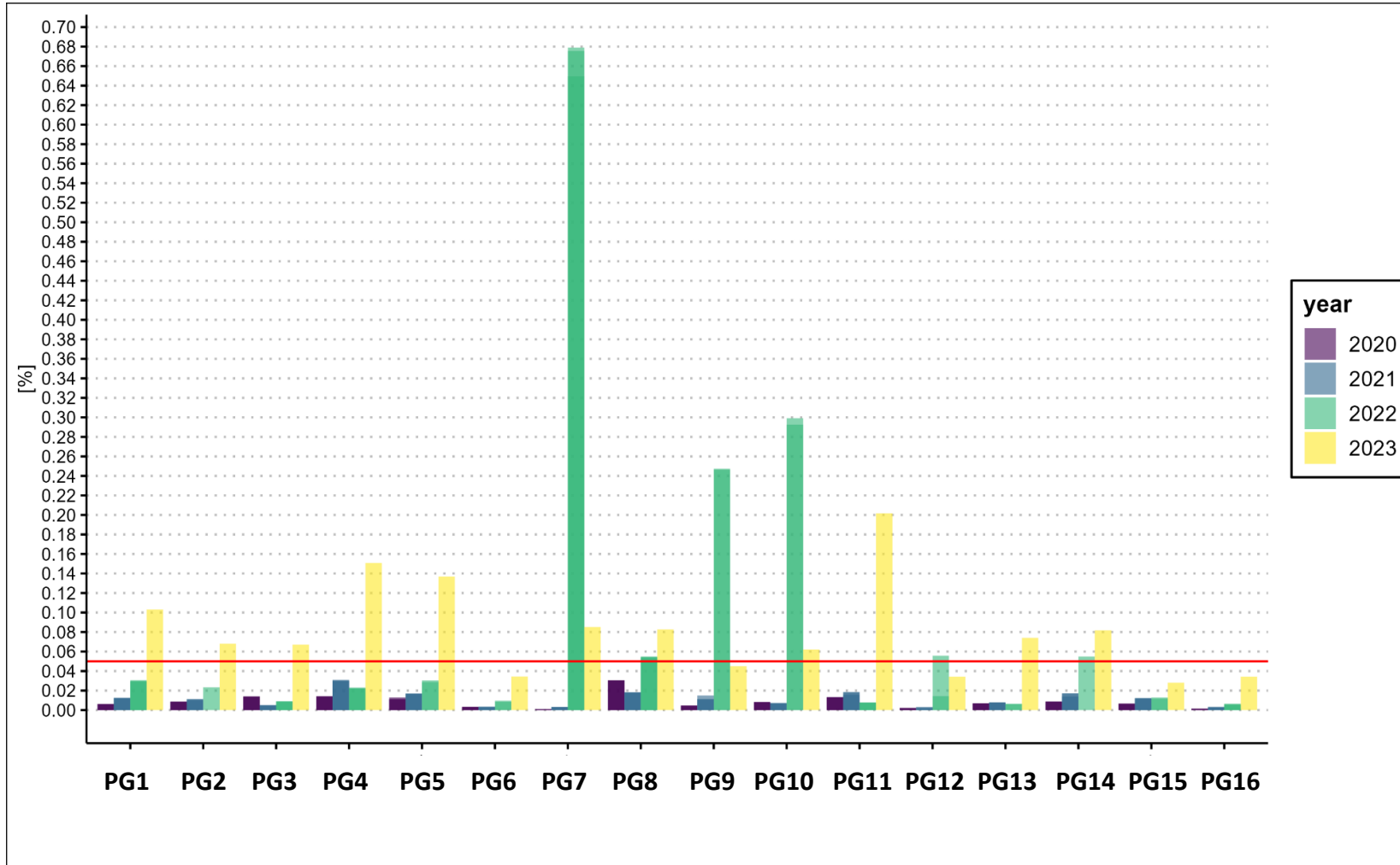
Vorversuche zur Alkaloidstabilität in pflanzengentischen Ressourcen

- Vorselektiertes Materialset (n=23)
- Feldanbau in Groß Lüsewitz, Mikroplots
- 4 Jahre (2020-2024)
- Alkaloidanalyse: GC-FID

2020	• normales Anbaujahr • gute Anbaubedingungen
2021	• kalt und Feuchtigkeit nach Aussaat • gefolgt von Trockenperiode • geringe Wuchshöhen, wenig Kornertrag
2022	• Anbau auf Öko-Fläche • Frühjahrstrockenheit • hoher Unkrautdruck • sehr geringe Wuchshöhen Pflanzen • kaum Ertragsbildung
2023	• ausgeprägte Frühjahrstrockenheit • schlechte Pflanzenentwicklung



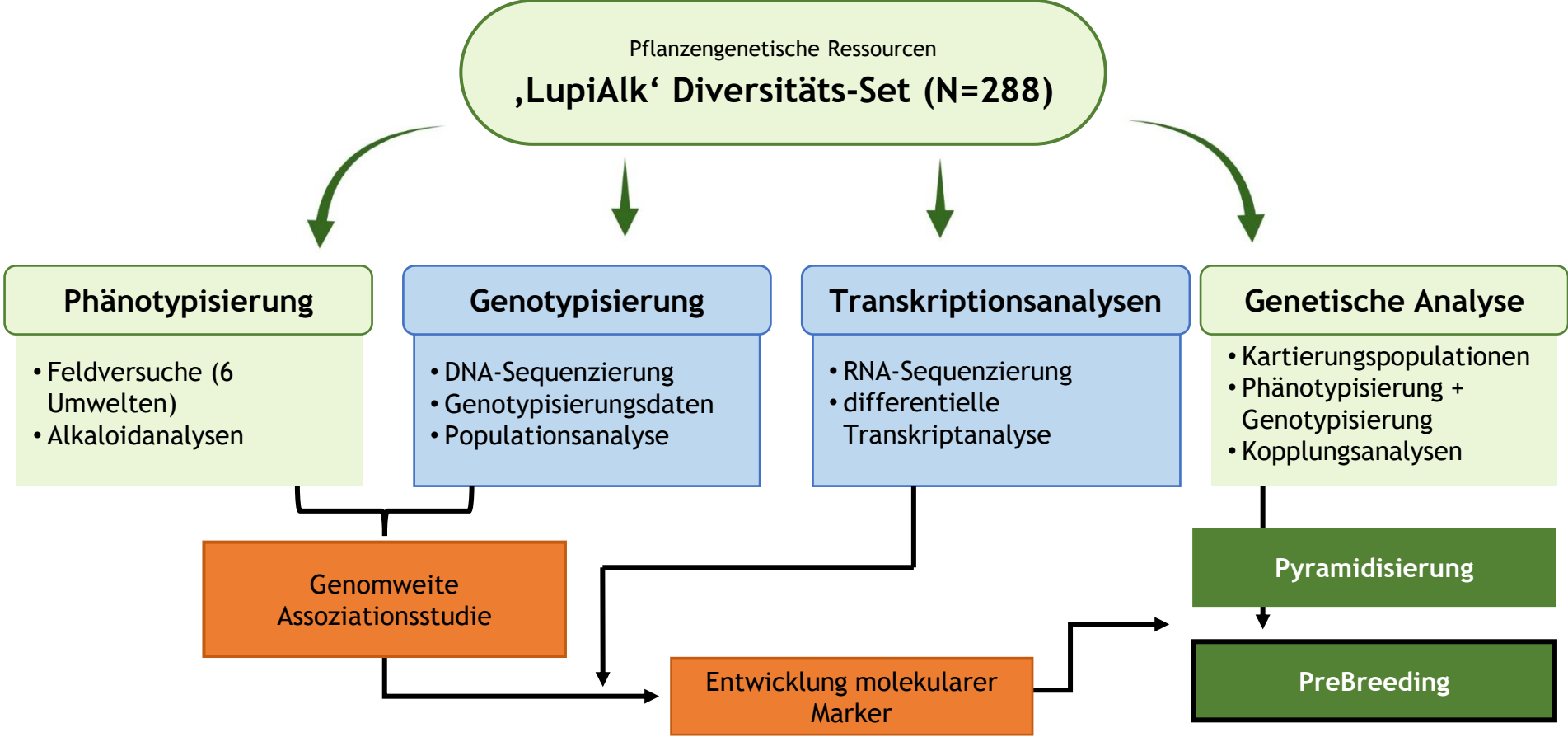
Vorversuche zur Alkaloidstabilität in *iucundus*-Genotypen



- genotypisiert mit iuc_RAP2-7 (*iucundus*)
- starke Schwankung in Umweltabhängigkeit; 2022, 2023 mit Frühjahrs-trockenheit
- Sorten überschreiten Richtwert von 0,05% (rote Linie) deutlich
- Sorten mit hoher QA-Stabilität auch unter Stressbedingungen

LupiAlk Projekt (2023-2026)

„Nutzung genetischer Ressourcen der Schmalblättrigen Lupine (*Lupinus angustifolius* L.) zur Sicherung der Alkaloidarmut für die Feed- und Foodverwendung“



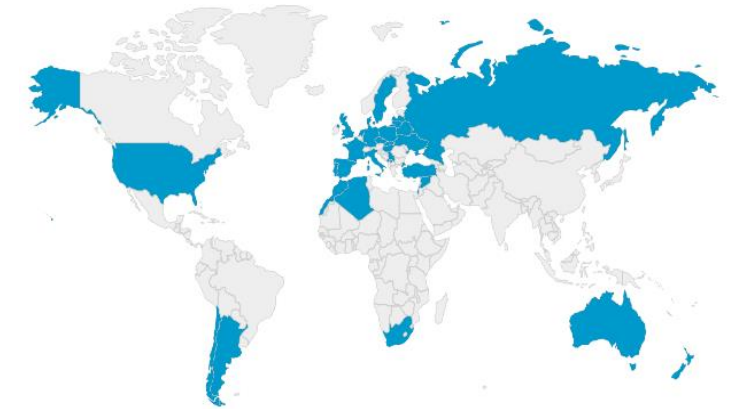
Gefördert durch:
 Bundesministerium für Landwirtschaft, Ernährung und Heimat

aufgrund eines Beschlusses des Deutschen Bundestages

Projekträger
 Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung

LupiAlk: Pflanzenmaterial

- Lupi-Alk Diversitätsset pflanzengenetischer Ressourcen
 - N = 288 *Lupinus angustifolius* Akzessionen unterschiedlicher geographischer Herkunft
 - Aktuelles Sortenmaterial, Genbankakzession, Zuchtlinien, Mutantenlinien
 - definierte Mutanten für niedrigen Alkaloidgehalt (*iucundus*, *esculentus*, *depressus*)



- Biparentale Kartierungspopulationen

Kreuzung mit definierten Mutanten:

- süß (*iuc*, *esc*, *dep*) x bitter
- süß x süß (*iuc* x *esc*, *iuc* x *dep*, *esc* x *dep*)

Herkunft	Anzahl
Genbankakzessionen	206
Sorten	63
Zucht- & Forschungslinien	19
Gesamt	288

LupiAlk: Phänotypisierung

Versuchsplanung:

- Isolierte Saatgutvermehrung (2023) für alle Standorte
- Zwei Jahre (2024, 2025) an drei Standorten
- RCBD-Anlage in 3 Wiederholungen
- Doppelreihen (Microplots)

Standorte:

- JKI Gross-Luesewitz (BP 40-47)
- Saatzucht Steinach Bocksee (BP 18)
- JKI Berlin Dahlem (BP 35)

Phänotypisierung:

- Vollblüte (BBCH64), Hülsenbildung (BBCH77), Gelbreife (BBCH87), Erntereife (BBCH90)
- Blütenfarbe
- Wuchstyp und Wuchshöhe
- Ertragsparameter (Kornertrag, Tausendkorngewicht)
- Proteingehalt (NIRS)
- Alkaloidgehalt und –zusammensetzung (GC-FID)

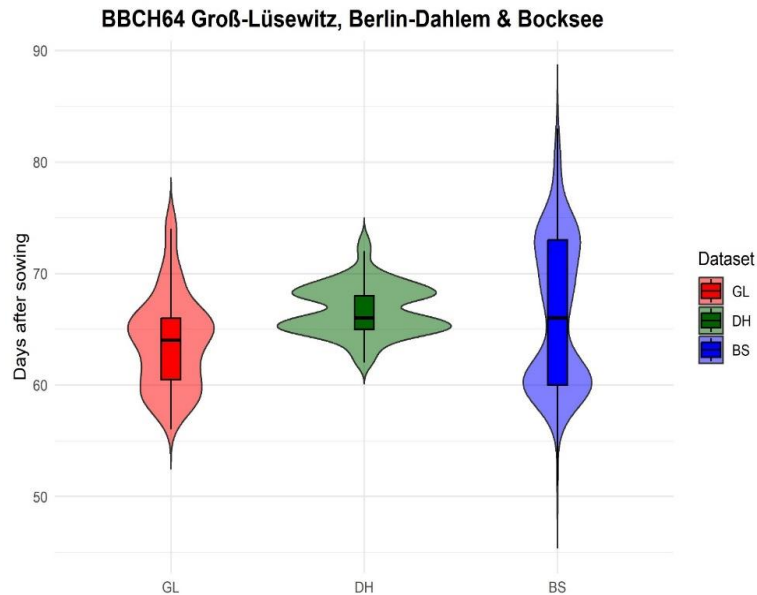


Variabilität pflanzengenetischer Ressourcen

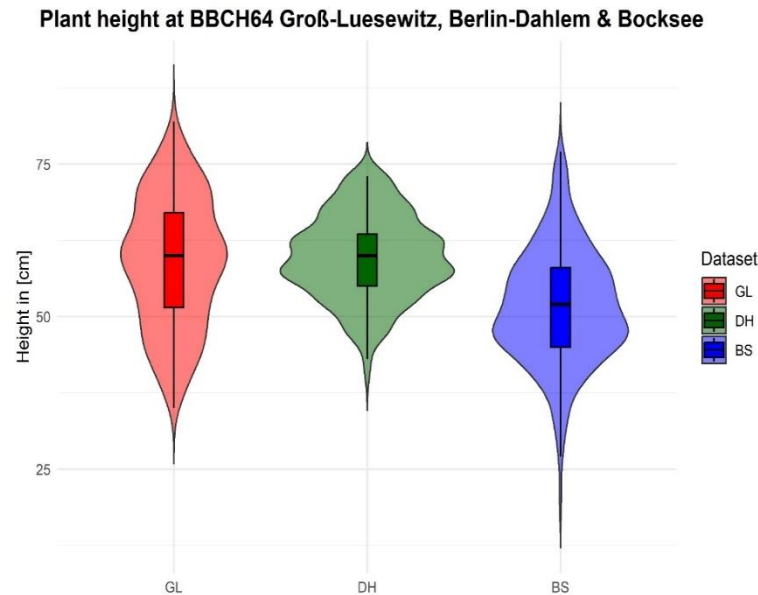


LupiAlk Versuchsanlage GL 2024

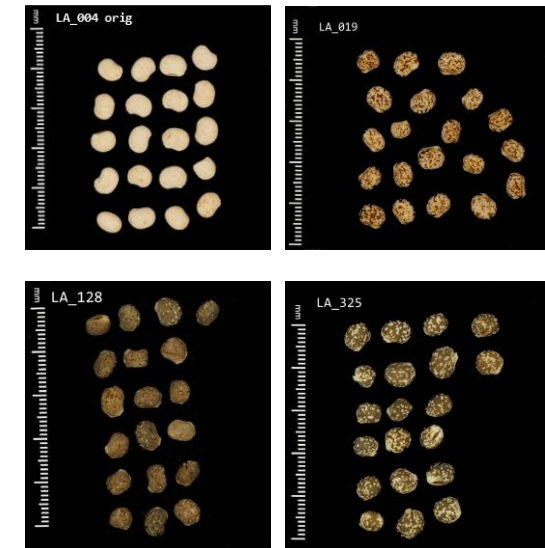
LupiAlk: Ergebnis Phänotypische Variabilität 2024



Variabilität Datum Vollblüte (BBCH64)



Variabilität Wuchshöhe



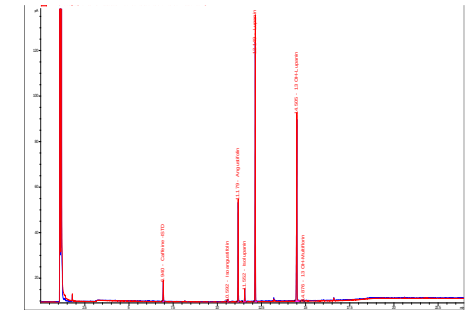
Variabilität Samenfarbe

➡ **Hohe phänotypische Variabilität innerhalb des Diversitätssets für diverse agronomische Merkmale**

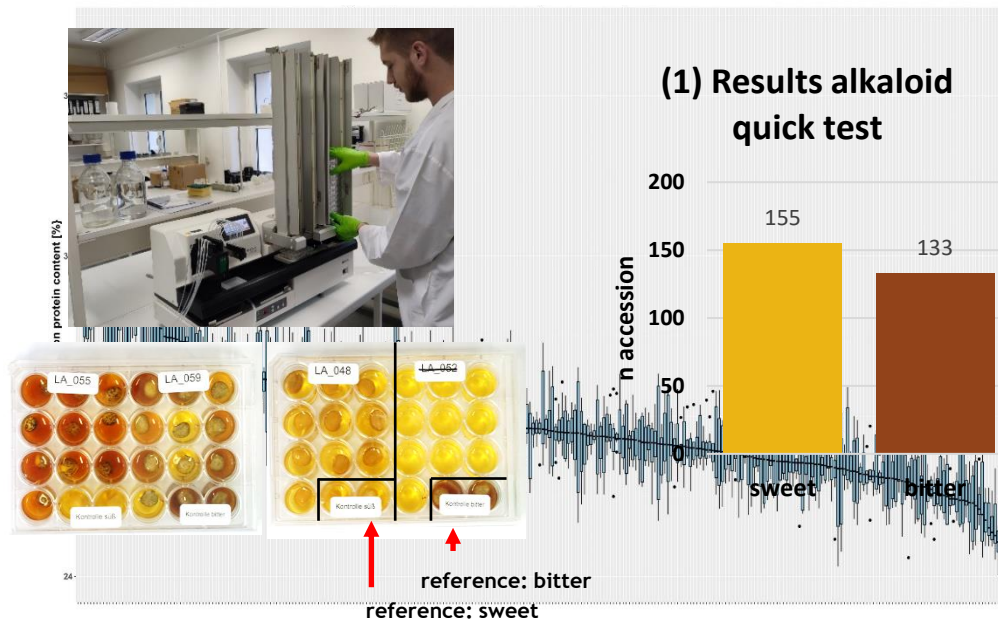
LupiAlk: Phänotypisierung Inhaltsstoffanalytik

Phänotypisierung

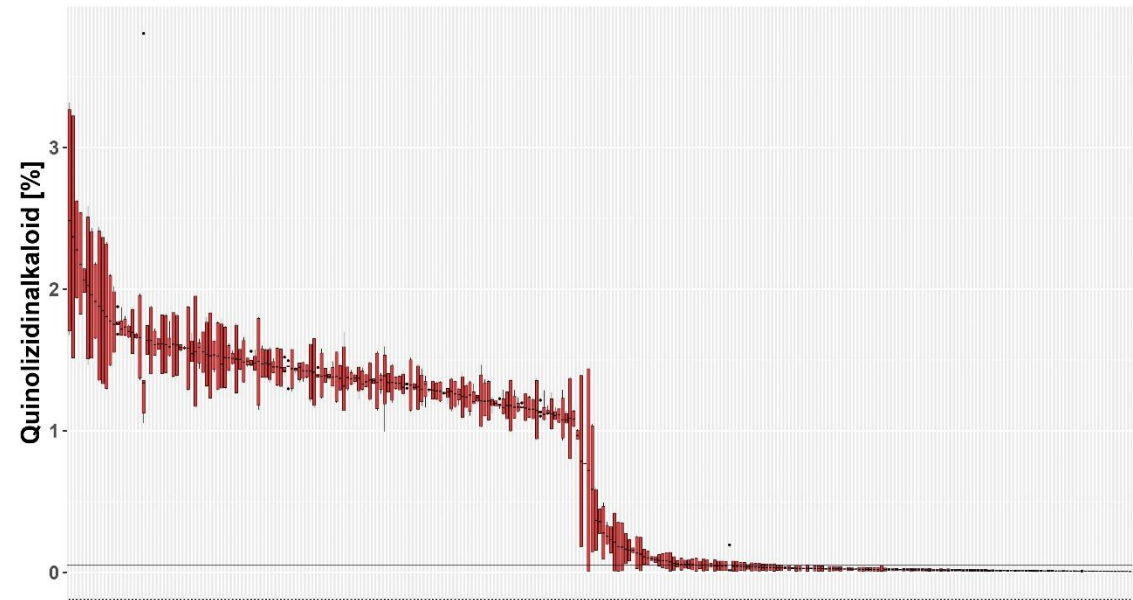
- Biochemische Analytik
 - Proteinvorhersage via NIRS
 - Alkaloidanalytik via (1) Schnelltest, (2) GC-MS FID

Chromatogramm, QA in *L.angustifolius*

Proteingehalte über 2 Umwelten 2024



(2) Alkaloidgehalte über 2 Umwelten 2024



LupiAlk: Genotypisierung

Markeranalysen:

- PCR-basierte Genotypisierung (N = 288) Genotypen
- *iucundus* Locus
- Domestizierungsmarker (Anthraknoseresistenz, Platzfestigkeit, Weichschaligkeit, etc.)

Transkriptomanalysen:

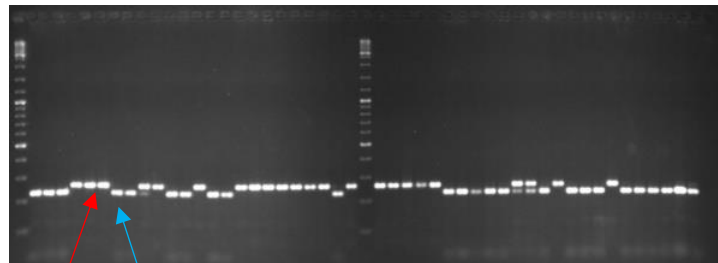
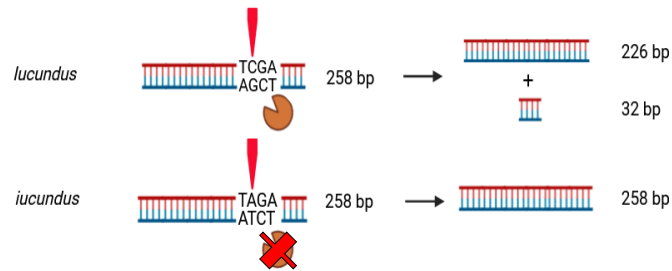
- RNA-Seq an definierten Genotypen
- Differentielle Transkriptanalyse (bitter vs. süß)

Genomsequenzierung:

- Whole Genome Sequenzierung (N=288)
- Identifikation SNPs, InDels etc.

LupiAlk: Genotypisierung Markeranalyse *iuc*

- Markerscreening (N=288) auf *iucundus* locus: RAP2-7-dCAPS (Kroc et al. 2019)

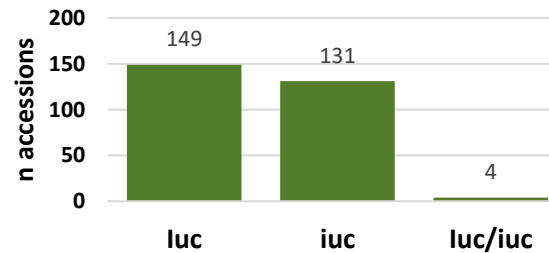


Mirabor
(258 bp)

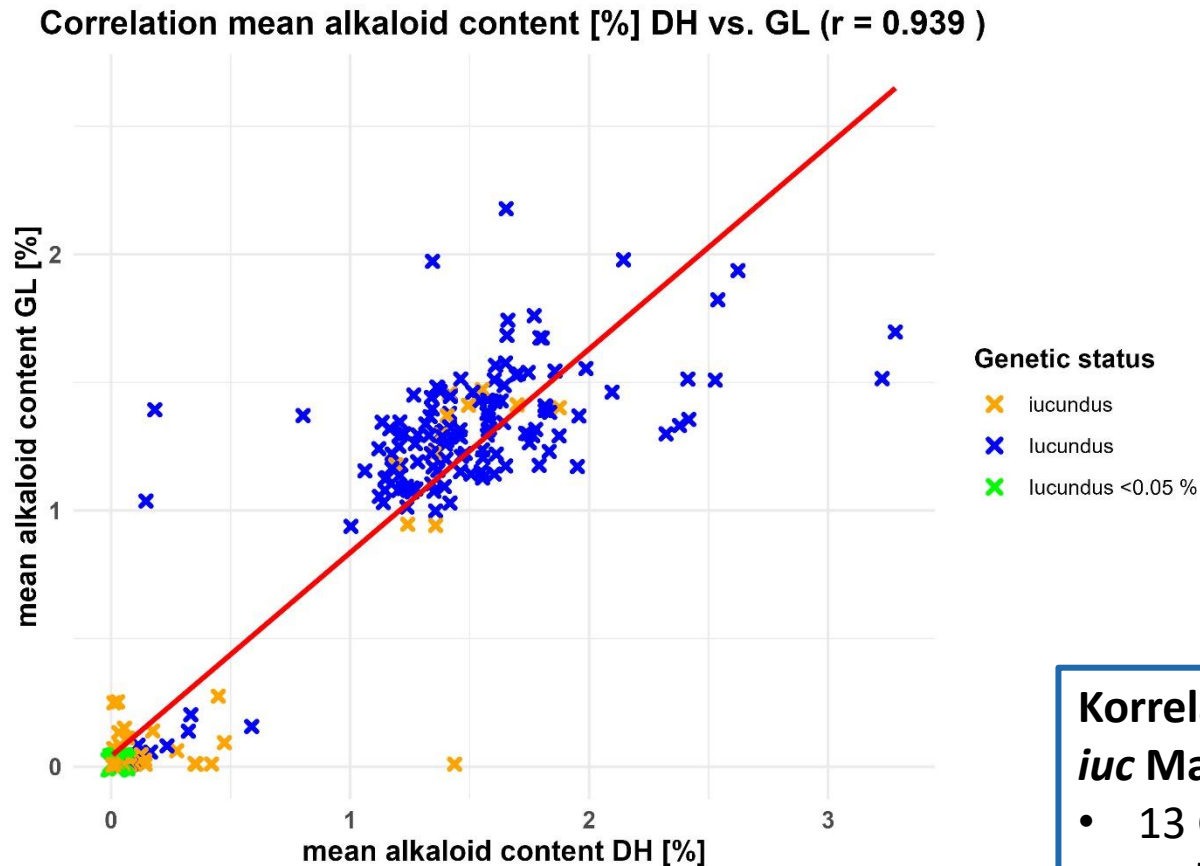
Oskar
(226 bp)

luc: 226 bp → bitter (or sweet)
iuc: 258 bp → sweet

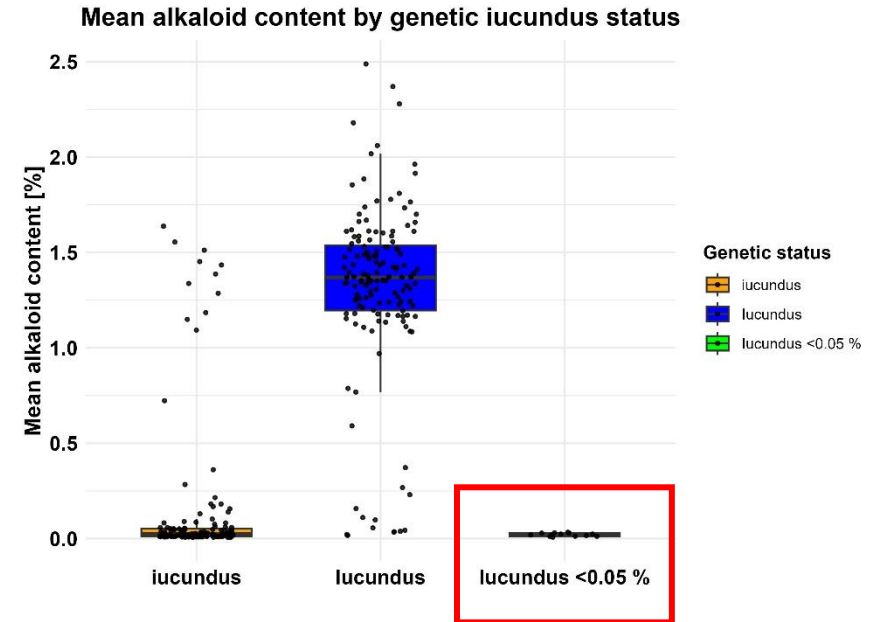
Distribution of *lucundus* and *iucundus*



LupiAlk: Korrelation Alkaloidanalytik & iuc-Genotypisierung



$H^2=0.963$



Korrelation Alkaloidanalytik & *iuc* Markerscreening

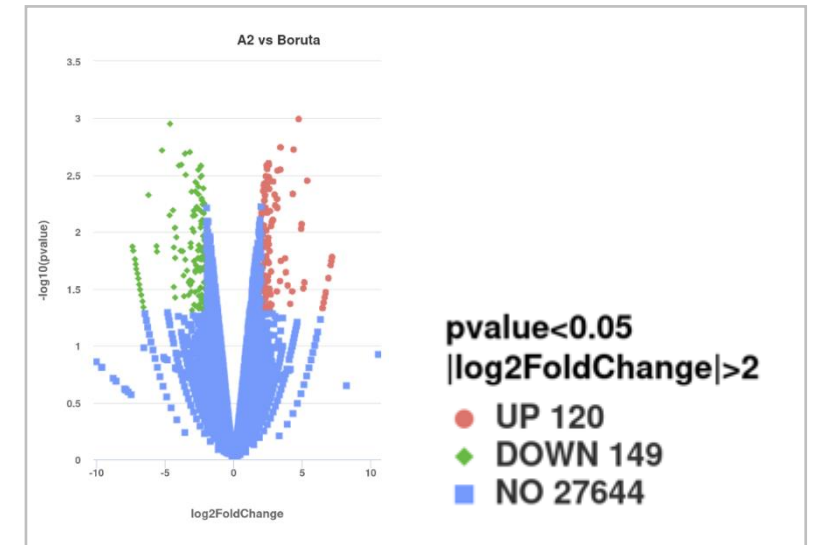
- 13 Genotypen
 - alkaloidarm (GC-MS)
 - kein *iuc*-Allel

Neue Allelvarianten für die Züchtung umweltstabil alkaloid- armer Schmalblättriger Lupine

LupiAlk: Transkriptom- und Genomsequenzierung

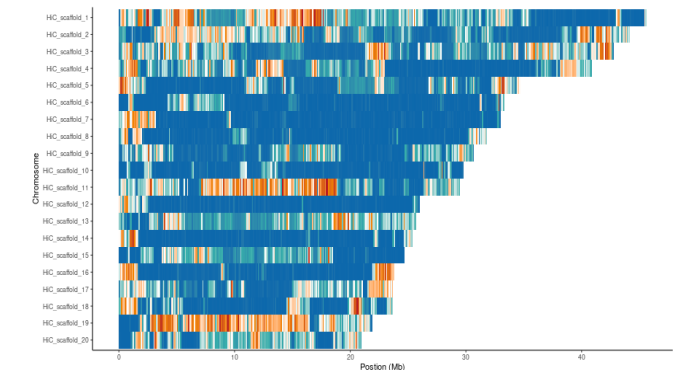
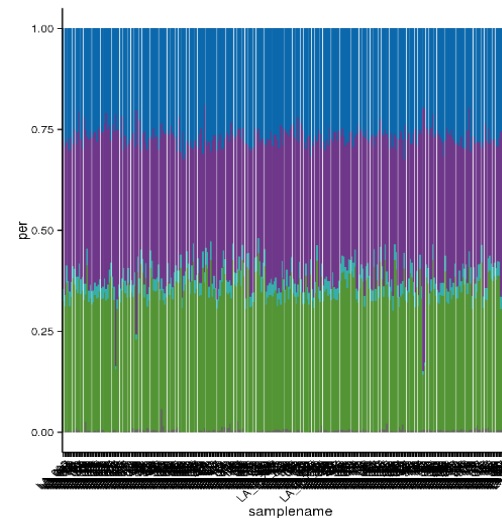
Transkriptomanalysen:

- Generierung von Expressionsprofilen definierter Genotypen
- Identifikation von differentiell exprimierten Transkripten („süß“ vs bitter)
- Funktionelle Annotation und Zuordnung zu Biosynthese-, Metabolismus- und Transportwegen



Genomsequenzierungen:

- Whole Genome Sequenzierung (N=288)
- Detektion von InDels, SNPs, Inversionen
- Ermittlung der Populationsstruktur

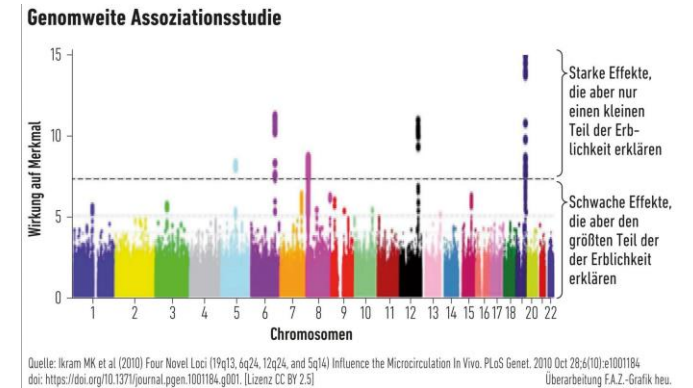


SNP- Verteilung und Dichte im Genotyp LA_023

LupiAlk: Ausblick

Genomweite Assoziationsstudie (GWAS)

- Assoziation der WGS-Daten mit GC-basierten Alkaloidwerten über sechs Umwelten
 - Identifikation signifikanter QTL für Alkaloidarmut und Markerentwicklung
- + Integration funktioneller Sequenzen (RNA-Seq)



Genetische Analysen spaltender Population

- Einsatz entwickelter Marker für genetische Kartierung in definierten Populationen
- Aufbau von Prebreedingmaterial
- Pyramidisierung von Genvarianten (*iuc* + *esc*, *iuc* + *dep*, *iuc* + *alk*⁻) für erhöhte Umweltstabilität



Zusammenfassung

- **Genetischer Flaschenhals**

heutige Sorten der Schmalblättrigen Lupine beruhen auf wenigen Mutationen (*iucundus*)

- **QA Synthese ist umweltempfindlich**

verschiedene Stressfaktoren wirken auf Regulation, Biosynthese & Transport

- **Umweltstabilität braucht neue Allelvarianten**

Genetik x Umwelt – bisher genutzte Low-QA-Allele nicht ausreichend

- **Züchtungsforschung zur Erweiterung der genetischen Basis**

neue, bisher ungenutzte Allele; Markerentwicklung; Pyramidisierung



Projekt LupiAlk legt Basis für die zukünftige Züchtung der Schmalblättrigen Lupine

neuartige Allelvarianten identifiziert; genomweite Datenlage; Einsatz in Kreuzungsprogrammen



Vielen Dank für die Aufmerksamkeit



Lucas Erdmann (PhD)
Anne Zaar
Helge Flüß



Regine Dieterich
Julian Broscheit
Ludwig Conradi

Technische Assistenz:
Carmen Leesch
Julian Bentin
Danny Franz
Mathis Ulrich
Anja Katzel
Kerstin Kadzban
Annegret Roy

Gefördert durch:



Bundesministerium
für Landwirtschaft, Ernährung
und Heimat

Projektträger



Bundesanstalt für
Landwirtschaft und Ernährung

aufgrund eines Beschlusses
des Deutschen Bundestages