SCIENTIFIC PANEL
ON RESPONSIBLE PLANT NUTRITION

Issue Brief 09 – September 2026

Gentechnische Strategien zur Verbesserung der Nährstoffnutzungseffizienz von Kulturpflanzen

by the Scientific Panel on Responsible Plant Nutrition

SCIENTIFIC PANEL
ON RESPONSIBLE PLANT NUTRITION

Content

3 Kernaussagen
6 Worum geht es?
7 Definition der Nährstoffnutzungseffizienz für die genetische Verbesserung
12 Schritte zur Züchtung von Sorten mit hoher Nährstoffnutzungseffizienz
15 Fallstudien zu Kulturpflanzen, deren Nährstoffnutzungseffizienz genetisch verbessert wurde
23 Wie erfolgreich war die Züchtung für eine höhere Nährstoffnutzungseffizienz?
25 Was kann getan werden?
30 Wer muss was tun?
31 Wie würde Erfolg aussehen?
30 Literatur
35 Autoren, Zitierung und Kontakt

SCIENTIFIC PANEL
ON RESPONSIBLE PLANT NUTRITION

Kernaussagen

Um die weltweite Pflanzenproduktion zu steigern, ohne die Umwelt zu schädigen, benötigen wir Strategien, die die Nährstoffnutzungseffizienz erhöhen und gleichzeitig Nährstoffverluste verringern.

Dies erfordert erhebliche Verbesserungen der Nährstoffnutzungseffizienz, die nur durch die Verknüpfung guter agronomischer Praktiken mit Fortschritten bei Düngemittel-technologien und genetischer Verbesserung erreicht werden können. Genetische Strategien und Pflanzenzüchtung bieten verschiedene Möglichkeiten, das Potenzial von Kulturpflanzen zu verbessern, Pflanzennährstoffe effizienter aufzunehmen oder zu nutzen (Abb. 1). Verschiedene Membranproteine, die als Transporter bezeichnet werden, sind an diesen Prozessen beteiligt. Folglich steht die Nährstoffnutzungseffizienz in direktem Zusammenhang mit den Eigenschaften dieser Transporter, darunter ihr Expressionslevel, ihre Gewebelokalisation, ihre Transportaktivität und weitere Merkmale.

In den vergangenen Jahren wurden zahlreiche Pflanzenmerkmale und Gene charakterisiert, die die molekularen Prozesse der Nährstoffaufnahme, des Transports, der Assimilierung und Remobilisierung steuern. Trotz dieser Fortschritte inder Forschung war die Züchtung nährstoffeffizienterer Pflanzensorten bislang nur begrenzt erfolgreich. Um dieses zu erreichen, müssen Forschung zur Pflanzengenetik, Pflanzenphysiologie, Züchtung und Agronomie besser miteinander verknüpft werden. Dazu gehören die Festlegung realistischer Ziele für die Pflanzenverbesserung und die gründliche Evaluierung vielversprechender Kandidatengene und Pflanzenlinien.

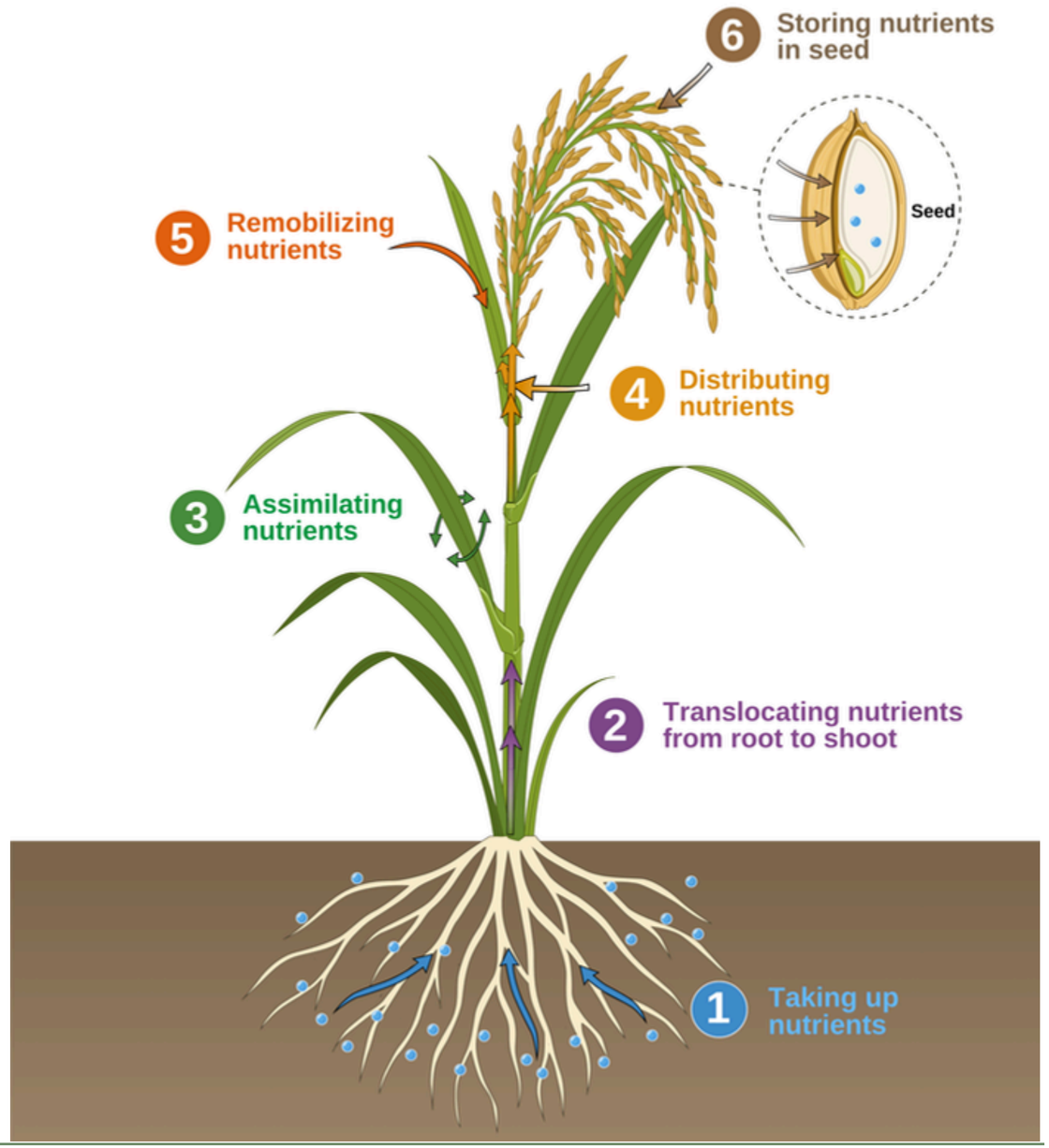


Abbildung 1. *Wichtige physiologische Prozesse, die Möglichkeiten bieten, die Nährstoffnutzungseffizienz von Kulturpflanzen genetisch zu verbessern. Pflanzen benötigen zahlreiche Mineralnährstoffe für Wachstum, Entwicklung und die Nährstoffzusammensetzung der Ernteprodukte. Nachdem diese Nährstoffe über die Wurzeln aus dem Boden aufgenommen wurden ①, werden sie von den Wurzeln in die Sprosse transportiert ②. Einige Nährstoffe wie Stickstoff (N), Phosphor (P) und Schwefel (S) werden anschließend in verschiedenen Geweben und Organen assimiliert ③, während andere entsprechend dem jeweiligen Bedarf in verschiedene Gewebe verteilt werden ④. Bestimmte Nährstoffe werden zudem von älteren in jüngere Gewebe remobilisiert ⑤. Schließlich werden Anteile aller Nährstoffe den Samen oder anderen zu erntenden Organen zugeführt ⑥.*

SCIENTIFIC PANEL
ON RESPONSIBLE PLANT NUTRITION

Glossar wichtiger Begriffe

Allel: Unterschiedliche Versionen oder Formen eines einzelnen Gens (z. B. bestimmt das Gen die Blütenfarbe, aber die Allele sind „rot“ oder „weiß“).

Gen: Die Grundeinheit der Vererbung, eine bestimmte DNA-Sequenz, die für ein bestimmtes Merkmal codiert.

Geneditierung oder Genomeditierung (CRISPR): Technologien, die es Forschenden ermöglichen, bestimmte DNA-Sequenzen im Genom eines Organismus präzise zu verändern, zu löschen oder hinzuzufügen. Anders als frühe gentechnische Verfahren, die genetisches Material zufällig in ein Wirtsgenom einfügen, zielt die Genomeditierung darauf ab, eine bestimmte Position zu verändern.

Genetisch veränderter Organismus: Ein Organismus, dessen DNA mithilfe gentechnischer Verfahren verändert wurde, häufig durch die Übertragung von Genen einer anderen Art (transgen).

Genom: Gesamtes genetisches Material oder vollständiger DNA-Satz eines Organismus.

Genotyp: Die spezifische genetische Ausstattung oder Kombination von Allelen eines einzelnen Organismus.

GWAS (Genome-Wide Association Study; genomweite Assoziationsstudie): Eine Forschungsmethode, mit der in einer großen Population Zusammenhänge zwischen bestimmten genetischen Variationen und Merkmalen ermittelt werden.

Locus: Die spezifische, feste Position eines Gens oder Markers auf einem Chromosom.

Markergestützte Züchtung (MAB): Ein beschleunigtes Züchtungsverfahren, bei dem molekulare (DNA-) Codes zur Selektion erwünschter Pflanzenmerkmale verwendet werden, anstatt auf die vollständige physische Reife der Pflanzen zu warten. Dieses Verfahren umfasst verschiedene moderne Züchtungsmethoden wie die markergestützte Selektion (MAS) und die markergestützte Rückkreuzung (MABC). Es beschleunigt die Entwicklung verbesserter Pflanzensorten erheblich.

Molekularer Marker: Eine bekannte, bestimmte DNA-Sequenz, die verwendet wird, um die Position eines mit einem erwünschten Merkmal verbundenen Gens zu identifizieren oder zu markieren.

QTL (Quantitative Trait Loci; quantitative Merkmalsloci): DNA-Regionen, die eng mit komplexen, messbaren Merkmalen wie Pflanzenhöhe oder Trockenheitstoleranz verknüpft sind, die von mehreren Genen gesteuert werden.

Phänotyp: Die beobachtbaren physischen oder biochemischen Merkmale eines Organismus, die aus der Wechselwirkung zwischen Genotyp und Umwelt hervorgehen.

Proteomik: Die groß angelegte, systematische Untersuchung des Proteoms, der Gesamtheit der von einem Organismus oder System produzierten oder veränderten Proteine. Da Proteine die wichtigsten funktionellen Akteure der Biologie sind, ist die Proteomik essentiell, um Pflanzenprozesse und ihre genetische Steuerung auf zellulärer Ebene zu verstehen.

SNP (Single Nucleotide Polymorphism; Einzelnukleotid-Polymorphismus): Variation in einer genetischen Sequenz, die nur einen der Grundbausteine – Adenin (A), Guanin (G), Thymin (T) oder Cytosin (C) – in einem Abschnitt eines DNA-Moleküls betrifft.

Transkriptomik: Die groß angelegte Studie des Transkriptoms, der Gesamtheit der in einer Zelle, einem Gewebe oder einem Organismus vorhandenen RNA-Moleküle. Sie zeigt, welche Gene ein- oder ausgeschaltet sind, und liefert dadurch eine dynamische Momentaufnahme der Zellfunktion und -gesundheit.

Transkriptionsfaktor: Ein Protein, das an DNA bindet, um die Genexpression über die Transkription zu regulieren: den Prozess, durch den der genetische Code mRNAs oder small RNAs erzeugt.

SCIENTIFIC PANEL
ON RESPONSIBLE PLANT NUTRITION

Worum geht es?

Nährstoffeinträge aus anorganischen und organischen Düngemitteln haben wesentlich zur Steigerung der Ernteerträge und globalen Ernährungssicherheit beigetragen.

Während der Einsatz von Düngemitteln weiterhin unerlässlich ist, um eine hohe Produktivität für eine wachsende Weltbevölkerung zu gewährleisten, kann ein übermäßiger Einsatz zu höheren Produktionskosten, Umweltverschmutzung, Verlust der biologischen Vielfalt oder einem häufigeren Auftreten von Pflanzenkrankheiten führen. Daher muss die wachsende Pflanzenproduktion mit einer deutlichen Steigerung der Nährstoffnutzungseffizienz (NUE) sowie einer Verringerung der Nährstoffverluste an die Umwelt einhergehen. Während der Anbausaison nehmen die meisten landwirtschaftlichen Kulturpflanzen nur 40–60 % des ausgebrachten Düngerstickstoffs (N), nur 10–20 % des ausgebrachten Phosphors (P) und 40–80 % des ausgebrachten Kaliums (K) auf. Diese Raten hängen jedoch von der Pflanzenart, den klimatischen Bedingungen, den Bodeneigenschaften und den Bewirtschaftungspraktiken ab (1–3). Es besteht allgemeiner Konsens darüber, dass eine höhere Aufnahme und Nutzung von Nährstoffen durch Kulturpflanzen integrierte Ansätze erfordert, die Verbesserungen standortspezifischer agronomischer Praktiken, Düngemitteltechnologien sowie Fortschritte in Genetik und Pflanzenzüchtung miteinander verbinden (4, 5).

Agronomische Verfahren und das Düngemittelmanagement zielen darauf ab, die Nährstoffversorgung in verschiedenen Wachstumsstadien mit dem Bedarf der Kulturpflanzen abzustimmen. Andere Maßnahmen können sich darauf konzentrieren, bestimmte Nährstoffverluste direkt zu verringern, etwa gasförmige N-Verluste wie Lachgas oder Ammoniak oder die Auswaschung von Nitrat (4). Maßnahmen wie die standortspezifische Umsetzung des 4R-Nährstoffmanagements (richtige Quelle, richtige Menge, richtiger Zeitpunkt, richtige Platzierung) (6) oder Düngemittel mit erhöhter Effizienz (z. B. Nitrifikations- und Ureasehemmer, Düngemittel mit kontrollierter Freisetzung) (7) sind die wichtigsten Mittel, um die N-Nutzungseffizienz zu verbessern und N-Verluste an die Umwelt zu verringern (1). Die Pflanzenzüchtung hingegen zielt darauf ab, das genetische Potenzial von Kulturpflanzen zu verbessern, Pflanzennährstoffe effizienter aufzunehmen oder zu nutzen (Abb. 1). Sie bietet damit zusätzliches Potenzial, die Nährstoffnutzungseffizienz bei gleichzeitiger Steigerung der Pflanzenproduktion zu erhöhen (8).

Dieser Issue Brief konzentriert sich auf Strategien zur Verbesserung des genetischen Potenzials der Nährstoffnutzungseffizienz von Kulturpflanzen, mit Schwerpunkt auf Stickstoff und anderen Makronährstoffen. Jüngste Fortschritte in der Genomik und Pflanzenwissenschaft sowie neue Züchtungstechnologien wie die Genomeditierung haben eine neue Welle des Optimismus hinsichtlich der genetischen Verbesserung der Nährstoffnutzungseffizienz von Kulturpflanzen ausgelöst (9–12). Hier bewerten wir die wichtigsten verfolgten Wege und ihr realistisches Potenzial und geben Empfehlungen dazu, wie diese Arbeit besser mit agronomischen Interventionen verknüpft werden kann. Reis dient als wichtigstes Beispiel, da die Genomforschung bei dieser Nahrungspflanze besonders rasch vorangeschritten ist. Ähnliche Schlussfolgerungen lassen sich jedoch wahrscheinlich auch für andere Kulturpflanzen ziehen.

SCIENTIFIC PANEL
ON RESPONSIBLE PLANT NUTRITION

Definition der Nährstoffnutzungseffizienz für die genetische Verbesserung

Je nach Zweck kann die Nährstoffnutzungseffizienz (NUE) in landwirtschaftlichen Systemen unterschiedlich definiert werden, darunter (i) Indikatoren für die Düngemitteleffizienz (z. B. partielle Faktorproduktivität, agronomische Effizienz, Rückgewinnungseffizienz des ausgebrachten Düngemittels), (ii) Pflanzenindikatoren (z. B. interne Effizienz, physiologische Effizienz, Nährstoffkonzentration, Nährstoffernteindex) und (iii) Systemindikatoren, die auf allen Nährstoffeinträgen und -austrägen eines Feldes, eines Betriebs oder einer anderen Ebene beruhen (1).

Hier konzentrieren wir uns auf jene Indikatoren, die für die Zielsetzung und Bewertung der genetischen Verbesserung der NUE relevant sind. Dabei ist zu beachten, dass in der Pflanzenwissenschaft die folgenden Begriffe häufig synonym verwendet werden:

- Total nutrient use efficiency (NtUE) = PFP
- Nutrient uptake efficiency (NUpE) = RE
- Nutrient utilization efficiency (NUtE) = IE

In diesem Issue Brief verwenden wir die zuvor eingeführten Begriffe und ihre Definitionen (1).

Partielle Faktorproduktivität: PFP = Y/F

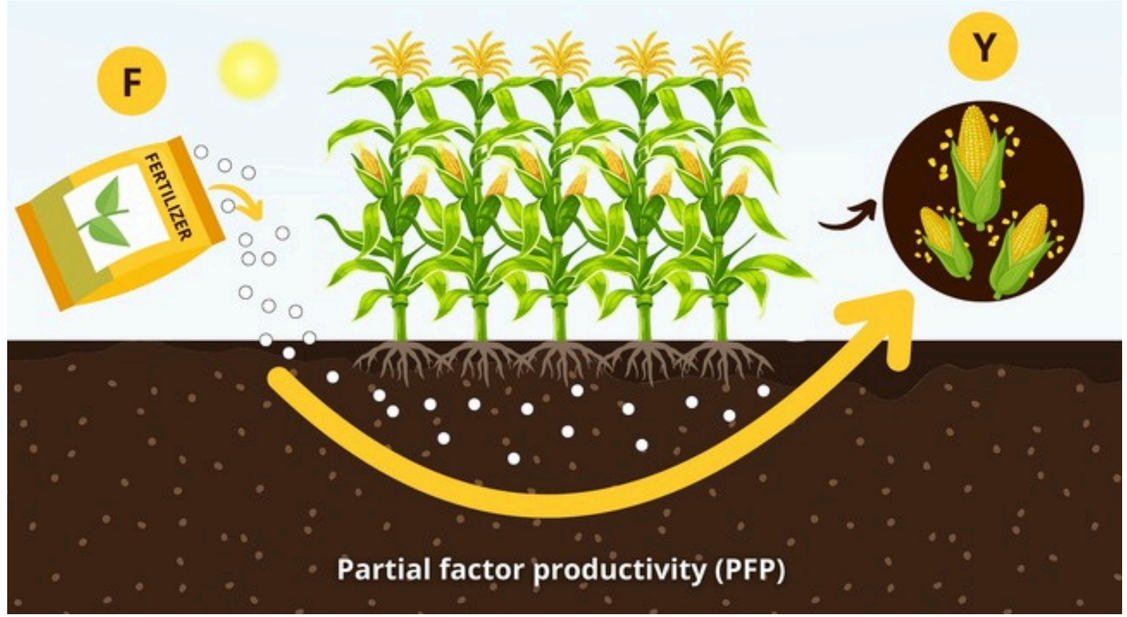
Rückgewinnungseffizienz des ausgebrachten Nährstoffs: RE = $(U-U_0)/F$

Interne Effizienz der aufgenommenen Nährstoffe: IE = Y/U

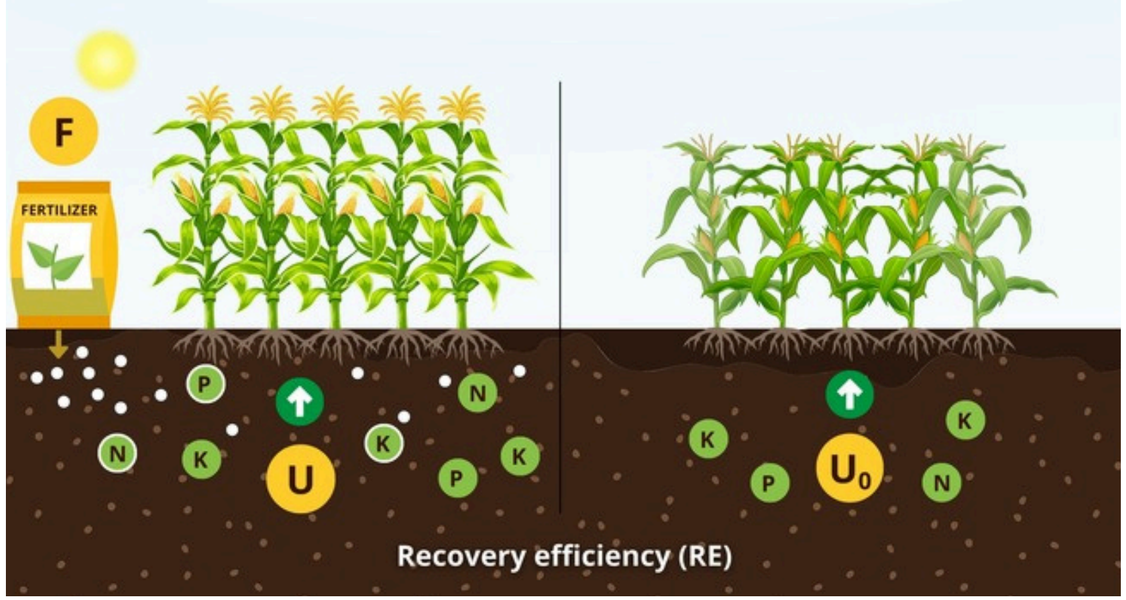
Nährstofferntеindex : NHI = U_R/U

wobei

- Y = Ernteertrag (kg/ha)
- F = Menge des ausgebrachten Nährstoffs (z. B. Düngemittel) (kg/ha)
- U = Nährstoffaufnahme bei Nährstoffausbringung (kg/ha)
- U_0 = Nährstoffaufnahme ohne Nährstoffausbringung (kg/ha)
- U_R = Nährstoffmenge im Ernteprodukt (z. B. Korn, kg/ha).

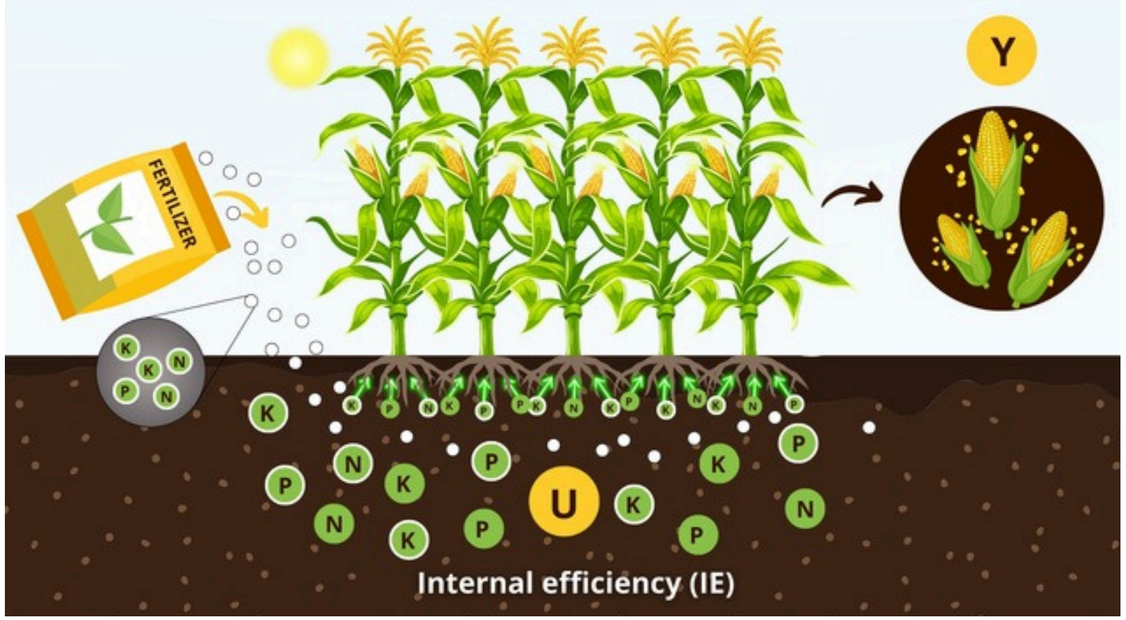


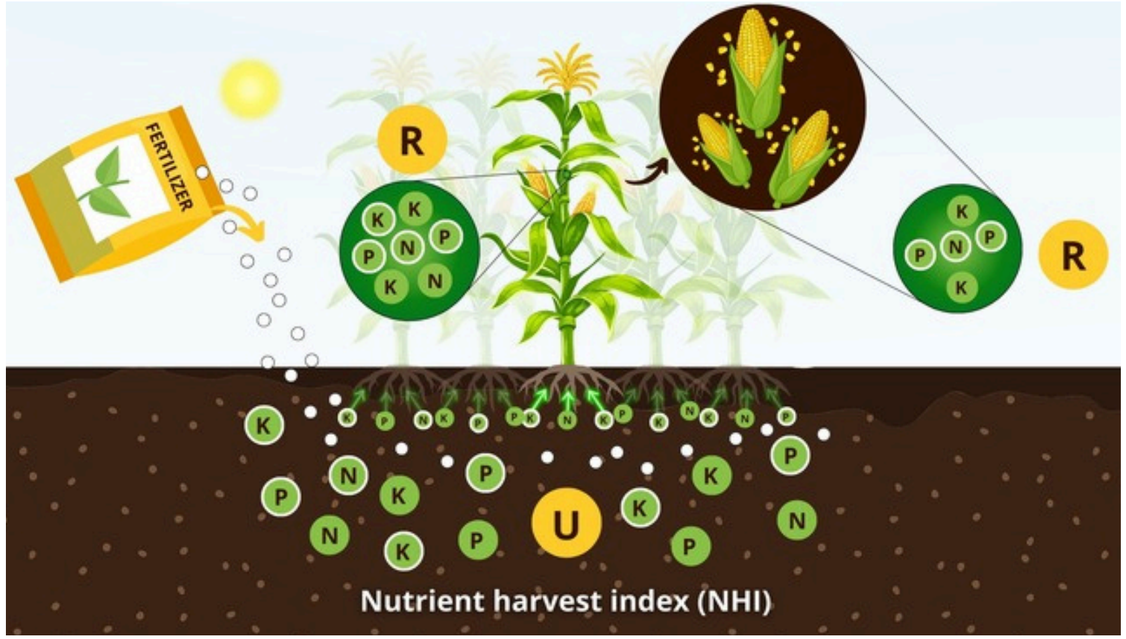
Die partielle Faktorproduktivität (PFP) des ausgebrachten Nährstoffs bezeichnet den Ernteertrag je Einheit des als Düngemittel ausgebrachten Nährstoffs (z. B. kg Korn je kg ausgebrachtem N). Für landwirtschaftliche Betriebe ist die PFP ein robuster und wirtschaftlich aussagekräftiger Indikator, der die Beiträge der Nährstoffversorgung aus dem Boden und anderen standorteigenen Ressourcen mit der Effizienz der über Düngemittel zugesetzten Nährstoffe verknüpft (1). Aus Sicht der Pflanzenverbesserung ist sie ein integrierender Begriff, der sowohl RE als auch IE widerspiegelt (siehe unten). Neben Boden, agronomischen Praktiken und Düngemittelmanagement wird die PFP auch von vielen Pflanzenprozessen beeinflusst, darunter Nährstoffaufnahme, Verlagerung von der Wurzel in den Spross, Assimilation, Verteilung und Remobilisierung (Abb. 1). Die Komplexität dieser Prozesse deutet darauf hin, dass eine Veränderung eines einzelnen Gens – innerhalb desselben genetischen Hintergrunds – wahrscheinlich nicht zu großen Verbesserungen der PFP führt, es sei denn, solche Veränderungen zielen auf Transkriptionsfaktoren ab, die mehrere an der Nährstoffaufnahme oder internen Nutzung beteiligte Gene steuern.



Die **Rückgewinnungseffizienz (RE)** des ausgebrachten Nährstoffs oder Nährstoffaufnahmeeffizienz ist definiert als das Verhältnis der Zunahme des in der oberirdischen Pflanzenbiomasse angesammelten Nährstoffs je Einheit des als Düngemittel ausgebrachten Nährstoffs. Sie drückt aus, wie viel des ausgebrachten Düngemittels die Kulturpflanze aufnimmt oder „zurückgewinnt“. Die RE wird durch Faktoren wie Wurzelarchitektur, Nährstofftransporter einschließlich ihrer Affinität zu Nährstoffen, Häufigkeit, Aktivität und Regulation, Wurzelexsudate und das Rhizosphärenmikrobiom, Bewirtschaftungspraktiken, Düngemittelart und -anwendung, Bodeneigenschaften und Klima beeinflusst (1).

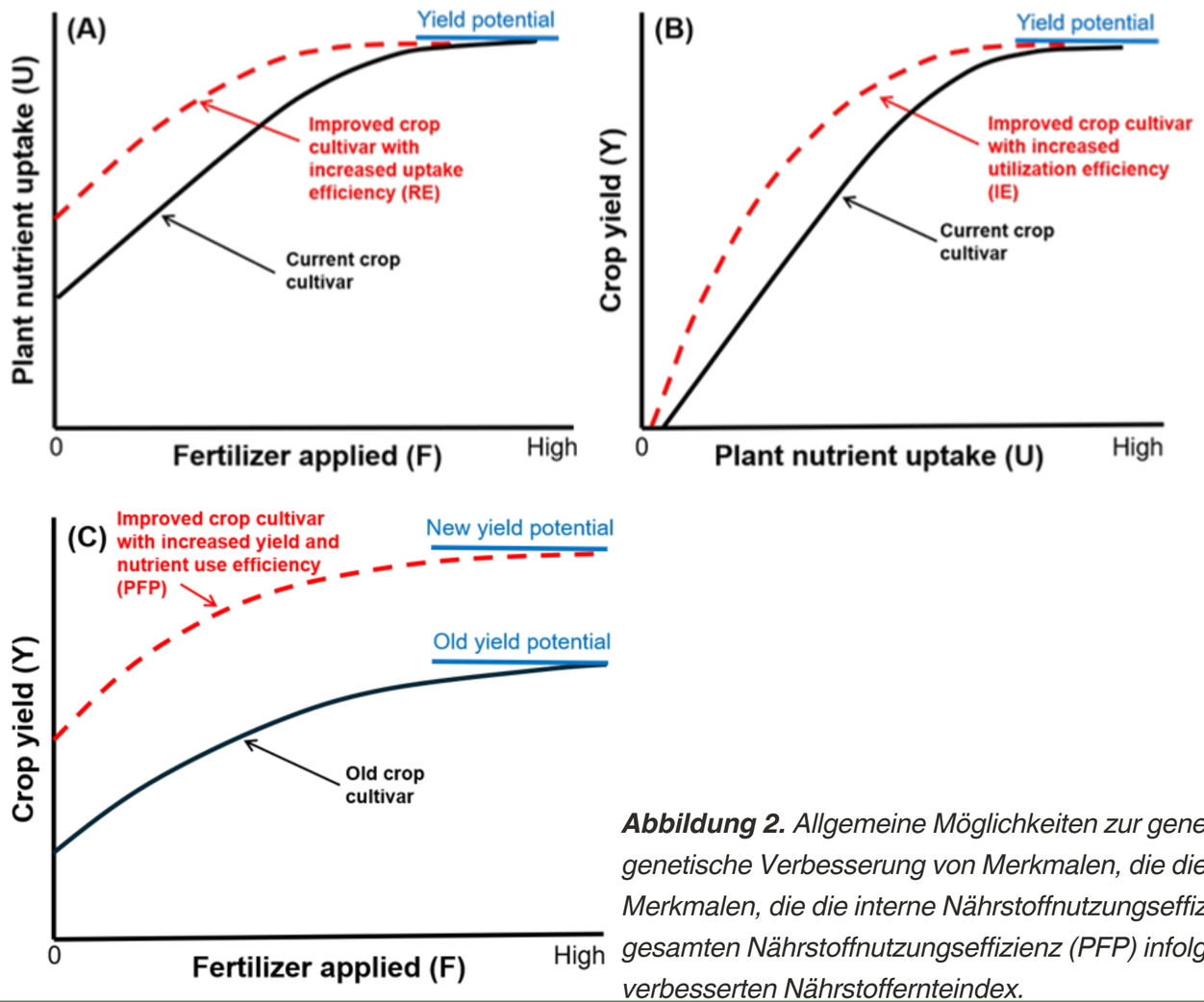
Die **interne Effizienz (IE)** eines Pflanzennährstoffs, auch Nährstoffnutzungseffizienz genannt, wird berechnet, indem der Ernteertrag durch die Gesamtmenge der in der Pflanze beziehungsweise in der oberirdischen Biomasse angesammelten Nährstoffe geteilt wird. Sie drückt die Fähigkeit einer Pflanze aus, Nährstoffe aus allen Quellen, darunter Boden und Düngemittel, in wirtschaftlichen Ertrag umzuwandeln. Die IE wird durch Nährstoffassimilation, Verlagerung von der Wurzel in den Spross, Speicherung und Remobilisierung in Pflanzen bestimmt. Diese Prozesse hängen wiederum vom Genotyp, etwa Pflanzenart, Sorte und genetischem Ertragspotenzial, von der Umwelt und von der Bewirtschaftung ab (1). Eine niedrige IE kann beispielsweise auch durch eine unzureichende interne Nährstoffumwandlung infolge anderer Stressfaktoren wie Nährstoffmangel, Trockenheit, Hitze oder Krankheiten verursacht werden.





Der **Nährstoffernteindex (NHI)** ist definiert als der Anteil des Nährstoffs im geernteten Pflanzenprodukt im Verhältnis zur gesamten Nährstoffmenge in der oberirdischen Pflanzenbiomasse. Ein NHI von 0,6 bedeutet beispielsweise, dass zum Zeitpunkt der Erntereife 60 % des in die oberirdische Biomasse aufgenommenen Nährstoffs dem Korn zugeführt wurden. Somit verbleiben 40 % in Stängeln, Blättern und anderen Pflanzenteilen. Der NHI ist ein nützlicher Indikator für die Pflanzenzüchtung, da er unmittelbar mit Prozessen der Nährstoffverteilung, -speicherung und -remobilisierung zusammenhängt (Abb. 1). Er spiegelt zudem die Nährstoffmenge in Lebens- und Futtermitteln als geernteten Pflanzenprodukten sowie die Nährstoffmenge wider, die als Ernterückstände in den Boden zurückgeführt wird (1).

Für eine bestimmte Pflanzensorte wird das erreichbare Ertragspotenzial durch ihre allgemeinen genetischen Merkmale und das Klima während der Anbausaison bestimmt. Die zentrale nährstoffbezogene Herausforderung für Genetiker und Züchtungsfachleute besteht darin, gut angepasste Pflanzensorten so zu verbessern, dass sie (i) eine höhere Nährstoffaufnahmeeffizienz aufweisen (hohe RE, d. h. Verschiebung der Kurve in Abb. 2A nach links) und/oder (ii) einen geringeren internen Nährstoffbedarf je Ertragseinheit haben (hohe IE, d. h. Verschiebung der Kurve in Abb. 2B nach links). Dies kann durch die Veränderung von Pflanzenmerkmalen erreicht werden, die mit der Nährstoffaufnahme (RE) verbunden sind, oder durch die genetische Verbesserung von Merkmalen, die die Nährstoffverlagerung, -remobilisierung oder -speicherung (IE) verbessern. Diese Interventionen dürfen jedoch weder den Ernteertrag noch die agronomische Eignung, Toleranz gegenüber abiotischem oder biotischem Stress oder die gewünschte Qualität des Ernteprodukts beeinträchtigen.



Seit der Zeit der „Grünen Revolution“ (1950er- bis 1970er-Jahre) konnten das Ertragspotenzial und der Ernteindex – bei Getreide der Anteil der oberirdischen Biomasse im Korn – bei wichtigen Nahrungspflanzen enorm gesteigert werden. Dazu war die Züchtung auf Merkmale wie geringe Pflanzenhöhe (z. B. bei Weizen, Reis und Gerste), aufrechteren Wuchs, Anpassung an höhere Bestandesdichten, größere Sink-Kapazität und kürzere Wachstumsdauer erforderlich. Die daraus hervorgegangenen halbzwergigen Phänotypen haben einen höheren Ernteindex, sind lagerresistenter und lassen sich effizienter ernten (13). Zudem reagieren sie stärker auf Düngemittel.

Jeder derartige Quantensprung beim Ertragspotenzial führt zu einer Steigerung der gesamten NUE beziehungsweise PFP, wie in Abbildung 2C dargestellt, also zu mehr Korn je Einheit des ausgebrachten Nährstoffs. Diese PFP-Steigerung beruht auf einer Kombination aus erhöhtem NHI, erhöhter RE und erhöhter IE, auch wenn deren jeweilige Anteile variieren können. Moderne Pflanzensorten wurden jedoch bereits auf ein hohes Ertragspotenzial gezüchtet, während weitere Steigerungen des Ertragspotenzials wahrscheinlich eher moderat ausfallen werden (14). Einige Verbesserungen bei Ertragspotenzial und NHI sind weiterhin möglich, doch die größte Herausforderung besteht nun darin, RE und IE genetisch zu verbessern und sicherzustellen, dass die agronomischen Praktiken angepasst werden, um solche Fortschritte zu nutzen.

Abbildung 2. *Allgemeine Möglichkeiten zur genetischen Verbesserung der Nährstoffnutzungseffizienz von Kulturpflanzen: A: genetische Verbesserung von Merkmalen, die die Nährstoffaufnahmeeffizienz (RE) erhöhen, B: genetische Verbesserung von Merkmalen, die die interne Nährstoffnutzungseffizienz (IE) erhöhen, C: genetische Verbesserung des Ertragspotenzials und der gesamten Nährstoffnutzungseffizienz (PFP) infolge einer verbesserten Aufnahme- und Nutzungseffizienz sowie eines verbesserten Nährstoffernteindex.*

SCIENTIFIC PANEL
ON RESPONSIBLE PLANT NUTRITION

Drei zentrale Schritte zur Züchtung von Pflanzen mit hoher Nährstoffnutzungseffizienz

Für die Entwicklung von Pflanzensorten mit verbesserter Nährstoffnutzungseffizienz gibt es mindestens drei allgemeine Schritte:

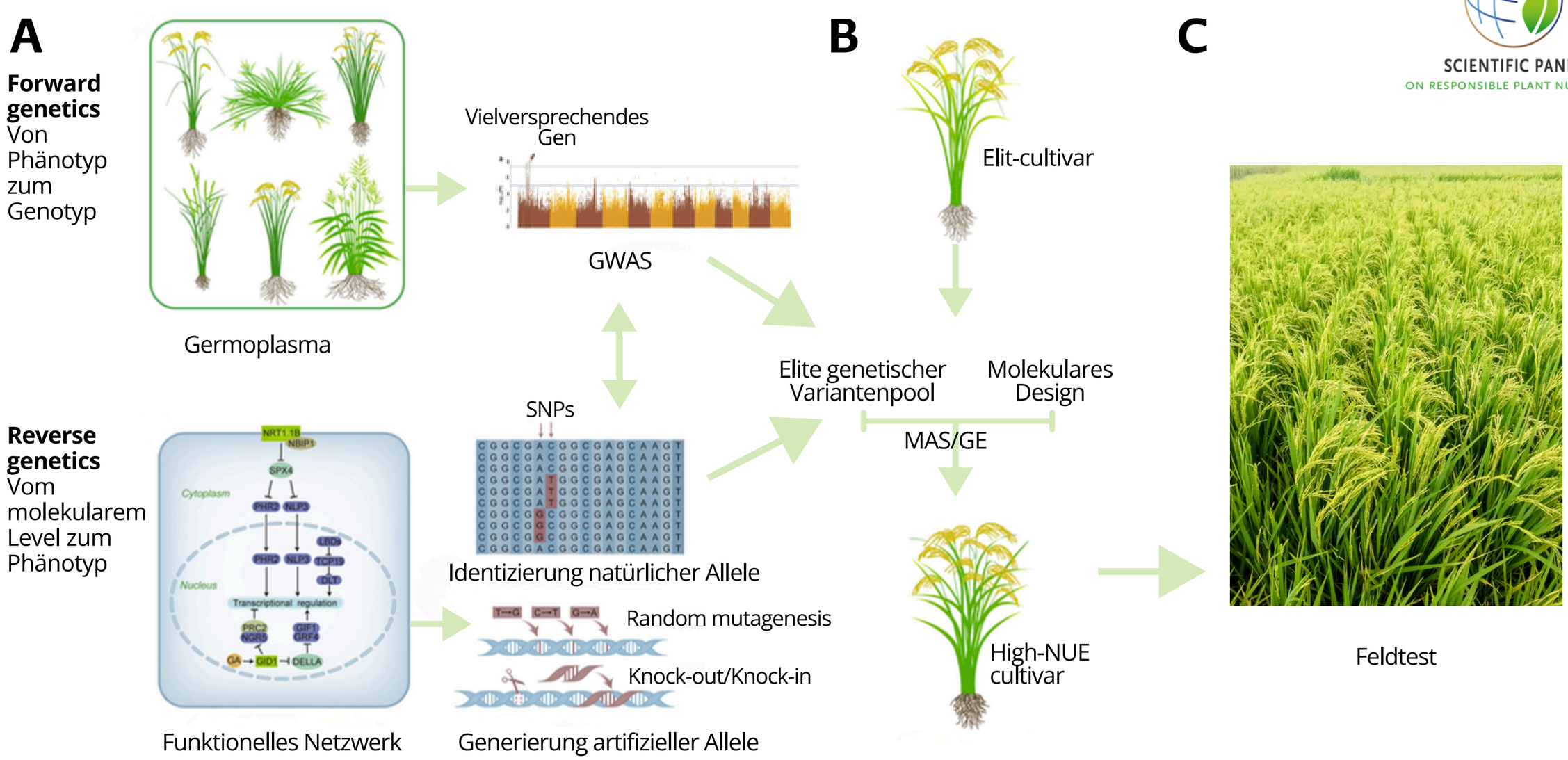


Abbildung 3. *Drei Schritte zur Züchtung von Sorten mit hoher Nährstoffnutzungseffizienz. A: Identifizierung von Genen/Allelen mit hoher RE und/oder IE, B: Introgression vorteilhafter Gene/Allele in Elitesorten mithilfe molekularer markergestützter Selektion oder Genomeditierung, C: Feldprüfung unter unterschiedlichen Bedingungen. Verändert nach (15).*

1. Identifizierung nützlicher Gene/Allele für eine höhere Nährstoffaufnahme- und/oder -nutzungseffizienz

Moderne Züchtungsprogramme haben vor allem auf hohe Erträge bei reichlicher Düngerversorgung selektiert, wodurch viele wertvolle NUE-bezogene Gene/Allele verloren gingen. Durch das Screening vielfältiger genetischer Ressourcen (z. B. verschiedener in Genbanken aufbewahrter Akzessionen, bestehender Zuchtlinien, eigens erzeugter Populationen und wilder Verwandter) können mithilfe von Ansätzen wie der Kartierung quantitativer Merkmalsloci (QTL), genomweiten Assoziationsstudien (GWAS), markergestützter Kartierung, Transkriptomik und Proteomik überlegene NUE-Allele identifiziert werden (Abb. 3A). Auch die reverse Genetik, also der Weg vom Genotyp zum Phänotyp, kann genutzt werden, um Gene zu identifizieren, die für die NUE wichtig sind (Abb. 3). Dieser Ansatz ist besonders nützlich, wenn Erkenntnisse aus der Forschung an Modellpflanzenarten wie Reis oder Arabidopsis thaliana auf andere Kulturpflanzenarten übertragen werden.

2. Einführung identifizierter Gene/Allele in Elitesorten

Sobald überlegene Gene oder Allele identifiziert wurden, können sie in leistungsstarke Elitesorten eingebracht werden, die an lokale Bedingungen und Märkte angepasst sind (Abb. 3B). Dies kann erreicht werden durch:

- Gentechnik: Überexpression, Ausschalten von Zielgenen oder Genomeditierung
- Markergestützte Züchtung (MAB)

Technologien zur Genomeditierung ermöglichen die präzise Veränderung NUE-bezogener Gene und können dadurch den Züchtungsfortschritt beschleunigen. Transgene Ansätze stehen jedoch vor Herausforderungen hinsichtlich der öffentlichen Akzeptanz. MAB ist zwar schneller als die konventionelle Züchtung, erfordert aber dennoch mehrere Generationen, um stabile Linien mit den gewünschten Merkmalen zu züchten.

3. Feldbewertung

Gründliche Feldprüfungen sind unerlässlich, um Verbesserungen der NUE (Abb. 3C) und, abhängig von der angestrebten genetischen Veränderung, ihrer Komponenten wie Aufnahme- oder Nutzungseffizienz zu bestätigen. Die Bewertungen sollten an mehreren Standorten, über mehrere Anbausaisons und bei unterschiedlichen Düngemittelmengen durchgeführt werden, um eine robuste Leistung sicherzustellen. Unter diesen unterschiedlichen Bedingungen müssen genaue Messungen und NUE-Berechnungen vorgenommen werden.

SCIENTIFIC PANEL
ON RESPONSIBLE PLANT NUTRITION

Fallstudien zu Kulturpflanzen, deren Nährstoffnutzungseffizienz genetisch verbessert wurde

1. Stickstoffnutzungseffizienz

Zur Verbesserung der N-Nutzungseffizienz wurde umfangreich geforscht, insbesondere bei Reis, einem Grundnahrungsmittel für die Hälfte der Weltbevölkerung (15). Feldforschungen haben erhebliche genetische Unterschiede zwischen Reisunterarten gezeigt. So ergaben Feldversuche in der chinesischen Provinz Zhejiang, dass *japonica*-Reis eine durchschnittliche IE von 53 kg Korn/kg aufgenommenem N aufwies, während Hybriden aus *japonica* × *indica*-Reis im Durchschnitt eine IE von 67 kg Korn/kg N erreichten (16). Die entscheidende Frage ist jedoch, ob die N-Nutzungseffizienz innerhalb der einzelnen Unterarten und bei weitverbreiteten Reissorten gesteigert werden kann.

Das Screening von Reissorten auf N-Nutzungseffizienz hat eine lange Geschichte (17), wobei viele Studien natürliche genetische Variationen nutzten. Forschungen in den 1980er- und 1990er-Jahren zeigten bedeutende genetische Unterschiede (18), darunter Reissorten oder Zuchtlinien, die agronomisch überlegen und stickstoffeffizient waren (19). Solche Sortenunterschiede bei RE, IE oder NHI waren bei niedrigen Boden-N-Gehalten größer und nahmen mit steigender Düngemittelzugabe ab. Obwohl diese frühen Ergebnisse als vielversprechend galten, hatten sie kaum Einfluss auf die Reiszüchtung. Bereits damals wurde auch die Möglichkeit diskutiert, Gene für die symbiotische Stickstofffixierung in Reis einzubringen (17) – eine Forschungslinie, die bis heute fortgeführt wird. Später wurden transgene Ansätze erprobt, etwa die gewebespezifische Expression von Alanin-Aminotransferase, einem Enzym mit einer Schlüsselrolle im Kohlenstoff- und Stickstoffstoffwechsel von Pflanzen (20), jedoch ohne kommerziellen Züchtungserfolg.

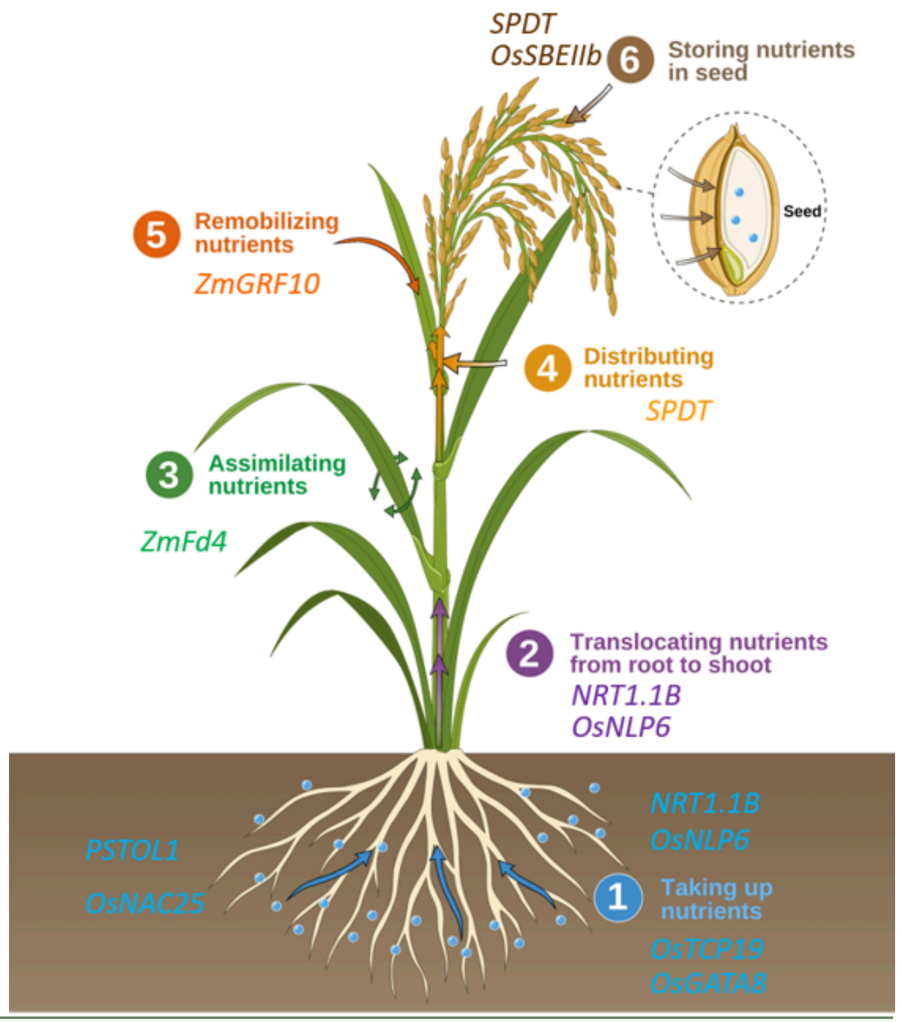


Abbildung 4. *Beispiele für Gene, die die Nährstoffnutzungseffizienz erhöhen, sowie ihre angestrebten Zielprozesse in der Pflanze, wie in diesem Issue Brief erörtert.* ***Stickstoff****:* NRT1.1B *(Eliteallel* NRT1.1B-*indic) (22),* OsTCP19 *(*OsTCP19-*H) (23),* OsGATA8 *(*OsGATA8-*H) (24),* OsNLP6 *(*OsNlP6-^{hap11}*) (25),* ZmFd4 *(*ZmFd4^{Hap1}*) (26),* OsSBEIIb *(Stärke und Protein) (27),* ***Phosphor****:* PSTOL1 *(Überexpression) (28),* SPDT *(Funktionsverlust) (29),* ZmGRF10 *(*ZmGRF10^{hap2}*) (30),* ***Kalium****:* OsNAC25 *(*OsNAC25 ^{Hap1}*) (31).*

In den vergangenen Jahren haben rasche Fortschritte bei pflanzenwissenschaftlichen Methoden (21), darunter Genomanalysen und funktionelle Charakterisierung, die Möglichkeiten erheblich verbessert, bestimmte Gene oder ganze, von mehreren Genen gesteuerte Pflanzenmerkmale zu entdecken und zu verändern. Im Folgenden werden einige Beispiele erörtert, die über unterschiedliche Wirkmechanismen nachweislich die N-Nutzungseffizienz erhöhen (Abb. 4). Ihre Wirkungen auf die N-Nutzungseffizienz und den Kornertrag unterscheiden sich je nach Zielgen, Nährstoffausbringungsmenge und weiteren Faktoren.

Erhöhte Aufnahme und Verlagerung von Nitrat von der Wurzel in den Spross bei Reis

Der asiatische Kulturreis umfasst zwei Hauptunterarten, indica und japonica. Indica-Sorten weisen im Allgemeinen eine höhere Nitrat (NO_3^-)-Aufnahme und N-Aufnahmeeffizienz auf als Japonica-Sorten. Hu et al. (22) entdeckten, dass dieser Unterschied auf allelische Variation im Nitrattransportergen *NRT1.1B* (*OsNPF6.5*) zurückzuführen ist. Im Vergleich zum *Japonica*-Allel von *NRT1.1B* ist das Indica-Allel bei der Aufnahme und der Verlagerung von Nitrat von der Wurzel in den Spross effizienter. Es zeigt zudem eine stärkere transkriptionelle Hochregulation nitratresponsiver Gene. Die Einführung des *Indica*-Allels von *NRT1.1B* in Japonica-Sorten durch Züchtung oder transgene Ansätze erhöhte in Feldversuchen bei unterschiedlichen Stickstoffausbringungsmengen den Kornertrag und die RE deutlich.

Starke Bestockung bei niedrigem N-Angebot in Reis

Ein weiterer Durchbruch gelang mit der Entdeckung von *OsTCP19*, das einen Transkriptionsfaktor codiert, der die Bestockung in Abhängigkeit von der Stickstoffverfügbarkeit negativ reguliert (23). Eine Erhöhung der Stickstoffausbringungsmenge fördert bei Reis im Allgemeinen die Bestockung, doch die Reaktion unterscheidet sich zwischen Reissorten. Die Bestockungsreaktion auf eine Erhöhung der Stickstoffmenge von niedrig (50 kg N/ha) auf mittel/hoch (150 kg N/ha) ist ein nützlicher Indikator für die N-Nutzungseffizienz. Mit diesem Index identifizierten Liu et al. (23) einen Locus mit starkem Einfluss auf die Bestockungsreaktion auf Stickstoff und klonierten anschließend das ursächliche Gen *OsTCP19*. Reissorten mit einer starken Bestockungsreaktion auf Stickstoff besitzen das als *OsTCP19*-H bezeichnete Allel *OsTCP19*, das weniger stark auf Stickstoff reagiert und daher die Bestockung weniger unterdrücken kann. Reissorten ohne diese Insertion/ Deletion im Promotor von *OsTCP19* zeigten dagegen eine stärkere Reaktion der Genexpression und damit eine stärkere Unterdrückung der Bestockung.

SCIENTIFIC PANEL
ON RESPONSIBLE PLANT NUTRITION

Bemerkenswerterweise haben moderne ertragreiche Reissorten das Allel *OsTCP19*-H weitgehend verloren, wahrscheinlich infolge der Selektion von Varianten mit nur wenigen Bestockungstrieben, da zu viele unproduktive Bestockungstriebe bei hohen Stickstoffmengen den Kornertrag verringern. Daher bilden moderne ertragreiche Reissorten bei niedrigen bis mittleren Stickstoffmengen nicht genügend Bestockungstriebe, was zu einer relativ niedrigen N-Nutzungseffizienz führt. Als das Allel *OsTCP19*-H wieder in Elitesorten eingeführt wurde, stiegen Kornertrag und NUE bei niedrigen bis mittleren Stickstoffmengen deutlich.

Koordination von N-Aufnahme und Bestockung bei Reis

Wu et al. (24) erweiterten die Erkenntnisse zu den Regulationsmechanismen von Stickstoff und identifizierten *OsGATA8*, das einen Transkriptionsfaktor codiert, der sowohl die Stickstoffaufnahme als auch die Bestockung reguliert. OsGATA8 ist ein negativer Regulator des Ammoniumtransportergens *OsAMT3.2* sowie von *OsTCP19*, dessen Genprodukt die Ammoniumaufnahme unterdrückt und die Bestockung fördert. Reissorten oder isogene Linien mit einem Allel von *OsGATA8*, das eine Deletion im Promotor trägt – In den vergangenen Jahren haben rasche Fortschritte bei pflanzenwissenschaftlichen Methoden (21), darunter Genomanalysen und funktionelle Charakterisierung, die Möglichkeiten erheblich verbessert, bestimmte Gene oder ganze, von mehreren Genen gesteuerte Pflanzenmerkmale zu entdecken und zu verändern. Im Folgenden werden einige Beispiele erörtert, die über unterschiedliche Wirkmechanismen nachweislich die N-Nutzungseffizienz erhöhen (Abb. 4). Ihre Wirkungen auf die N-Nutzungseffizienz und den Kornertrag unterscheiden sich je nach Zielgen, Nährstoffausbringungsmenge und weiteren Faktoren.

Ein Transkriptionsfaktor als zentraler Regulator der N-Nutzungseffizienz bei Reis

Neuere Arbeiten an Reis zeigten, dass *OsNLP6*, das einen Transkriptionsfaktor der NIN-like-Proteine (NLP) codiert, mit der N-Nutzungseffizienz verbunden war (25). NIN-like-Proteine sind zentrale Regulatoren der Nitrat-Signalübertragung, der NUE und der biologischen Stickstofffixierung (32). OsNLP6 reguliert die Aufnahme und die Verlagerung von Nitrat von der Wurzel in den Spross, nicht jedoch die von Ammonium. Anders als *OsTCP-19* und *OsGATA8* ist das Genprodukt von *OsNLP6* somit ein positiver Regulator der N-Nutzungseffizienz. Ein Eliteallel, *DF114*^{Hap11}, mit höherer Expression von *OsNLP6* wurde identifiziert und hauptsächlich in Indica-Reissorten aus Südostasien gefunden. Die Einführung von *OsNLP6*^{HapII} in Japonica-Reis führte bei niedrigen und höheren N-Ausbringungsmengen zu einer gesteigerten N-Aufnahmeeffizienz und einem höheren Kornertrag (Abb. 5), jedoch zu keiner Verbesserung der internen Nutzungseffizienz (nicht gezeigt).

Verbesserung der Nitratassimilation bei Mais

Bei Mais wurde festgestellt, dass *ZmFd4*, das ein Ferredoxinprotein codiert, wesentlich zur natürlichen Variation der Nitratkonzentration im Spross beiträgt (26). ZmFd4 interagiert mit Nitritreduktasen in Chloroplasten und steigert deren enzymatische Aktivität für eine effiziente Nitratassimilation. Maislinien, in denen *ZmFd4* ausgeschaltet war, zeigten unter stickstoffbegrenzten Bedingungen (0 oder 34,5 kg N/ha) eine höhere Nitratassimilation und einen höheren Kornertrag. Bei normalen Stickstoffausbringungsmengen (138 kg N/ha) trat jedoch keine Wirkung auf.

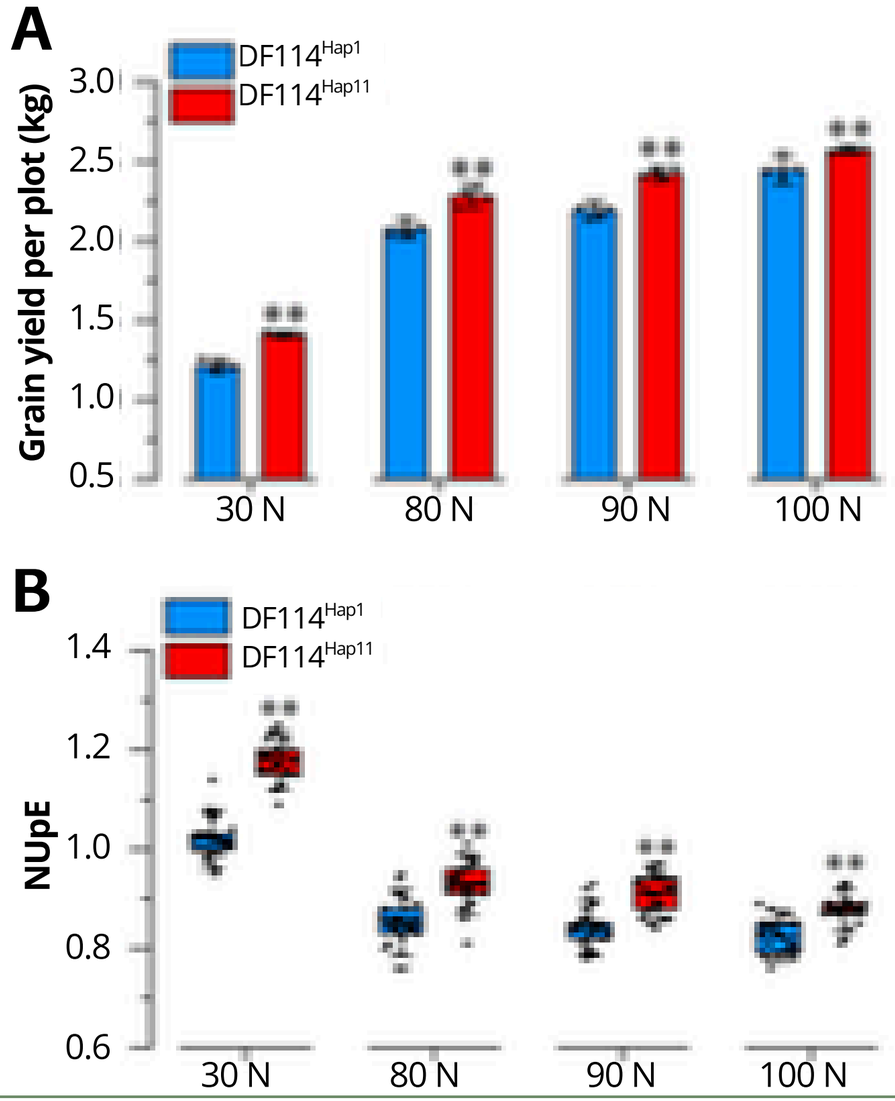


Abbildung 5. *Wirkung der Introgression des Eliteallels OsNLP6 (DF114*^{Hap11}*) auf den Kornertrag (A) und die N-Aufnahmeeffizienz (B) von Reis bei unterschiedlichen N-Ausbringungsmengen. Übernommen aus Xin et al. (25).*

Duale Regulation der N- und P-Nutzung bei Weizen

Bei Weizen identifizierten Liu et al. (33) *TaTCP6*, das einen Transkriptionsfaktor codiert, der sowohl die Nitrataufnahme/-nutzung als auch Reaktionen auf Phosphormangel verbessert. Das Genprodukt von *TaTCP6* aktiviert Gene der Stickstoffnutzung und interagiert mit *TaPHR2*, das einen zentralen Regulator der Phosphataufnahme codiert, wodurch die Phosphornutzungseffizienz verbessert wird. Die Überexpression von *TaTCP6* in Weizen erhöhte den Kornertrag und unterstreicht seine doppelte Rolle bei der Optimierung der N- und P-Nutzung.

Erhöhung des Proteingehalts in Getreide

In jüngerer Zeit wird die Verbesserung sowohl der Menge als auch der Qualität von Getreideprotein zunehmend als Möglichkeit erkannt, die menschliche Gesundheit zu fördern und zugleich die Abhängigkeit von umweltintensiven tierischen Lebensmitteln zu verringern (34). Für die Brotherstellung benötigt Weizen beispielsweise einen hohen Proteingehalt, insbesondere in Umgebungen mit sinkendem N-Einsatz (35). Der Proteingehalt ist gewöhnlich negativ mit Stärkeeinlagerung und Kornertrag korreliert. Mehrere Gene beeinflussen den Proteingehalt des Korns erheblich und es gibt zunehmend Hinweise darauf, dass der negative Zusammenhang zwischen Proteingehalt und Kornertrag überwunden werden kann (35). Beim Reis spielt beispielsweise das Stärkeverzweigungsenzym IIb OsSBEIIb eine Schlüsselrolle bei der Bestimmung der Amylopektinstruktur und der Stärkeverdaulichkeit. Kor et al. (27) editierten OsSBEIIb in der *Indica*-Sorte IR64, wodurch resistente Stärke und der Proteingehalt des Korns um bis zu 10 % zunahmen. Diese Zunahmen führten jedoch auch zu einer schlechteren Verzehrqualität und einigen agronomischen Zielkonflikten. Daher ist weitere Forschung erforderlich, um die angestrebten Ziele überzeugend zu erreichen. Insgesamt sind genetische Strategien zur Erhöhung des Kornproteins bei Getreide jedoch ein wichtiger Weg für die Pflanzenzüchtung (35), der auch zu einem erhöhten NHI, einer erhöhten IE und einer erhöhten PFP des Düngerstickstoffs führen könnte.

2. Phosphornutzungseffizienz

Aufgrund der starken Fixierung von Phosphat im Boden ist die Rückgewinnungseffizienz von P-Düngemitteln typischerweise niedrig (10–20 %), abhängig von Bodentyp und weiteren Faktoren (2). Deshalb zielen genetische Verbesserungsstrategien darauf ab, die P-Aufnahmeeffizienz zu erhöhen, die Remobilisierung des im Boden gespeicherten P zu verbessern und den P-Gehalt im Korn zu senken (12).

Verbesserung des frühen Wurzelwachstums bei Reis und anderen Getreidearten

Gamuyao et al. (28) identifizierten *PSTOL1* (Phosphorus Starvation Tolerance 1), ein Gen, das in modernen Reissorten fehlt, aber in phosphoreffizienten, lokal angepassten traditionellen Sorten vorhanden ist. Die Überexpression von *PSTOL1* in Elitereis verbesserte den Kornertrag in phosphorarmen Böden deutlich, indem sie das frühe Wurzelwachstum förderte und den Pflanzen dadurch Zugang zu mehr Phosphor und anderen Nährstoffen verschaffte.

Die Funktion von *PSTOL1* in Reis inspirierte seine Anwendung in Weizen. Milner et al. (36) überexprimierten das Reisgen *OsPSTOL1* in Weizen und verbesserten dadurch die Erträge sowohl unter phosphatarmen als auch unter stickstoffarmen Bedingungen, was auf einen breiten Nutzen bei Getreide hinweist.

SCIENTIFIC PANEL
ON RESPONSIBLE PLANT NUTRITION

Verbesserung der Phosphorremobilisierung in Mais

Kulturpflanzen können bestimmte Nährstoffe, darunter N und P, aus alternden oder ausgereiften vegetativen Geweben in sich entwickelnde Organe wie junge Blätter und Körner remobilisieren und dadurch die interne Nährstoffnutzungseffizienz erhöhen. Bei Mais reguliert das Genprodukt von *ZmGRF10* beispielsweise Gene negativ, die am Abbau organisch phosphorhaltiger Substrate beteiligt sind (30). Folglich erhöht das Ausschalten dieses Gens die Toleranz gegenüber niedrigen P-Bedingungen, indem es die interne P-Remobilisierung fördert. In einigen Maissorten führten Einzelnukleotid-Polymorphismen (SNPs) in der Promotorregion von *ZmGRF10* zu einer verringerten Transkriptionsaktivität, ohne die Genfunktion zu verändern. Diese Befunde machen diesen Locus zu einem vielversprechenden Ziel für die Züchtung von Sorten mit höherer Phosphornutzungseffizienz.

Veränderung der Phosphorverteilung in das Korn

Bei Getreide wird der Großteil des aufgenommenen N und P letztlich den Samen zugeführt. Bei Süßgräsern wie Reis vermitteln in den Knoten exprimierte Transporter diese Verteilung. Yamaji et al. (29) zeigten, dass *SPDT*, ein Gen, das einen Phosphattransporter codiert, eine Schlüsselrolle bei der Zufuhr von P in Reiskörner spielt. Unter P-begrenzten Bedingungen beeinträchtigte das Ausschalten von SPDT das Wachstum sich entwickelnder Gewebe. Bei normaler oder hoher P-Versorgung verringerte die Störung dieses Gens jedoch die P-Zufuhr in das Korn, wodurch dessen Phytatgehalt um 20–30 % sank. Da die Anwendung von P-Düngemitteln für die Aufrechter-haltung hoher Korn-erträge unerlässlich ist, bietet das Ausschalten von *SPDT* einen doppelten Nutzen des niedrigeren Phytatgehalts: Es (i) verbessert die biologische Verfügbarkeit von Eisen (Fe) und Zink (Zn) für die menschliche Ernährung und (ii) mindert Risiken der Umweltverschmutzung, ins-besondere die Eutrophierung von Gewässern (37). Da außerdem mehr P im Stroh verbleibt, könnte dieser Ansatz den Bedarf an frischen P-Düngemitteln indirekt senken, wenn das Stroh in den Boden zurückgeführt wird. Daher wurde *SPDT* als Ziel für die Züchtung phytatarmer Reissorten identifiziert.

3. Kaliumnutzungseffizienz

Der interne Kaliumbedarf von Kulturpflanzen variiert stark zwischen Pflanzenarten (Abb. 6), Sorten und Ertragsniveaus (38). Dies liegt vor allem daran, dass sich die Zusammensetzung der Ernteprodukte unterscheidet und Kalium sowohl spezifische als auch unspezifische physiologische Funktionen erfüllt. Einige davon können auch durch andere Mineralelemente wie Natrium ersetzt werden.

Obwohl sich ein großer Teil der Forschung auf K-Transport und Signalübertragung in Pflanzen konzentriert hat, wurde der Züchtung auf K-Nutzungseffizienz weniger Aufmerksamkeit gewidmet (39). Die Veränderung der Wurzelarchitektur zusammen mit K-Transport und -Verteilung innerhalb der Pflanze kann die K-Nutzungseffizienz potenziell verbessern (40). Solche Sorten sollten K beispielsweise effizienter aufnehmen, verteilen, absorbieren und nutzen, insbesondere in Böden mit niedrigeren K-Gehalten (39). Genotypen mit höherer IE hingegen könnten mehr K aus älteren in jüngere Gewebe umverteilen und die vakuoläre K-Konzentration senken, während sie in metabolisch aktiven subzellulären Kompartimenten eine angemessene K-Konzentration aufrechterhalten (41).

Verbesserung der Kaliumaufnahme bei Reis

Kalium ist ein wichtiger Nährstoff für Reis, begrenzt die Reiserträge in Asien aber zunehmend (42). Im Gegensatz zu Stickstoff weisen *Japonica*-Reissorten typischerweise eine höhere Toleranz gegenüber niedrigem K-Angebot auf als Indica-Sorten. Wang et al. (31) identifizierten *OsNAC25*, das einen Transkriptionsfaktor codiert, der die Expression von Genen reguliert, die an der K-Aufnahme beteiligt sind. Das *Japonica*-Allel von *OsNAC25* erhöhte die K-Akkumulation unter Bedingungen mit niedrigem K-Gehalt im Boden. Die Einführung dieses Allels in eine Indica-Reissorte verbesserte Pflanzenwachstum und K-Aufnahme unter K-Mangelbedingungen und zeigte damit sein Potenzial für die Züchtung K-effizienter Kulturpflanzen.

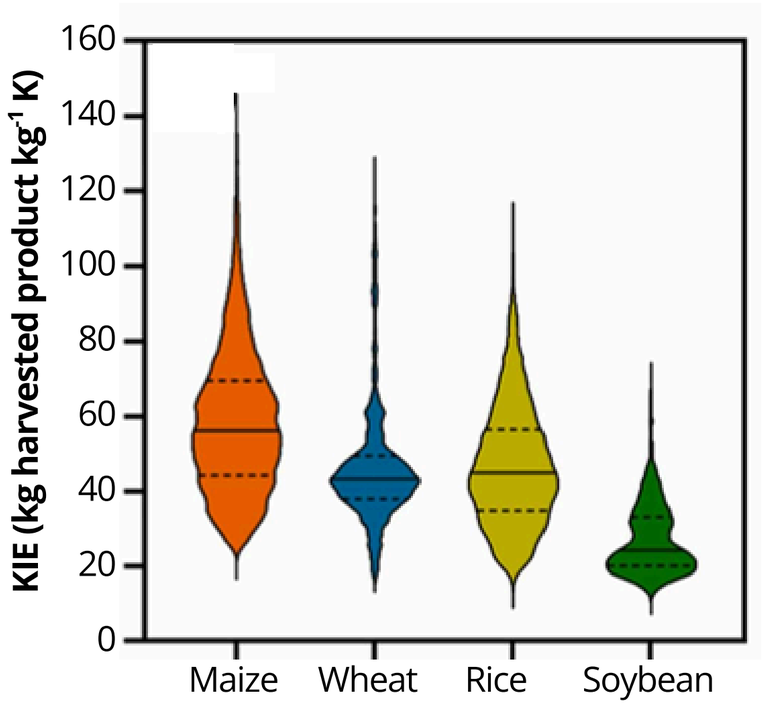


Abbildung 6. *Variation der internen Kaliumeffizienz (KIE, erzeugte Kornmenge je Einheit K-Aufnahme) bei Mais, Weizen, Reis und Sojabohne. Die horizontalen Linien innerhalb der Violinen zeigen den Median (durchgezogene Linie) sowie das 25. und 75. Perzentil (gestrichelte Linien). Angepasst nach Carciochi et al. (38).*

SCIENTIFIC PANEL
ON RESPONSIBLE PLANT NUTRITION

Wie erfolgreich war die Züchtung für eine höhere Nährstoffnutzungseffizienz?

Trotz großer Fortschritte in der molekulargenetischen Forschung verlief die Züchtung neuer Pflanzensorten mit direkten Verbesserungen der Nährstoffnutzungseffizienz insgesamt langsam. Dies liegt beispielsweise vor allem an der Schwierigkeit, auf N-Nutzungseffizienz zu züchten. Bei der genetischen Steuerung müssen die komplexen physiologischen und metabolischen Faktoren berücksichtigt werden, die die N-Aufnahme aus dem Boden sowie die N-Nutzungseffizienz und -Verteilung innerhalb der Pflanze beeinflussen (Abb. 1). An diesen Prozessen sind zahlreiche biochemische Wege und Rückkopplungsmechanismen beteiligt, die sehr empfindlich auf Umweltbedingungen reagieren und daher von vielen Genen gesteuert werden (43, 44).

Obwohl Konsens darüber besteht, dass die NUE durch Züchtung erhöht werden muss, war sie im Allgemeinen kein Hauptziel spezieller Züchtungsprogramme. Durch die Selektion auf Ertrag wurde die NUE bei vielen Kulturpflanzen jedoch indirekt verbessert (43, 45). So war der Einsatz von Genen für geringere Pflanzenhöhe und Halbzwergwuchs ein entscheidender Bestandteil der „Grünen Revolution“. Die Verbesserung des Ertragspotenzials von Weizen beruhte somit auf einem höheren Ernteindex, höherer Lagerresistenz und höherer Düngemittelnutzungseffizienz (46).

Auch die Maiszüchtung in Nordamerika führte zu einem Anstieg des Stickstoff-NHI von 58 % im Jahr 1946 auf 69 % im Jahr 2015 (47). Mehrere Studien in Mexiko und Frankreich haben moderate züchterische Verbesserungen der N-Nutzungseffizienz von Weizen gezeigt (43). Bei Raps erhöhte die Züchtung die N-Nutzungseffizienz moderner Sorten, einschließlich der N-Aufnahmeeffizienz bei hohen N-Gehalten (48). In Japan zeigte die großkörnige Reissorte Akita 63 ebenfalls eine überlegene N-Aufnahme- und -Nutzungseffizienz (49).

In jüngerer Zeit haben mehrere Saatgutunternehmen in China damit begonnen, neue Reishybriden gezielt mit einigen der Gene für N-Nutzungseffizienz zu züchten (Abbildung 4). Das Gen OsTCP19 wurde bereits in etwa 30 Hybridreissorten eingebracht, die auf mehreren Millionen Hektar angebaut wurden. Stickstoffdüngungsversuche mit solchen Hybriden zeigten unter mittleren und hohen N-Bedingungen eine Steigerung der partiellen Faktorproduktivität von Stickstoff um etwa 13–15 %. Andere Züchtungsversuche konzentrieren sich auch auf die Optimierung des Gens OsGATA8, doch wurden bislang keine Sorten freigegeben. Dies sind einige der ersten Beispiele dafür, dass neu entdeckte Gene zur Verbesserung der N-Nutzungseffizienz in der kommerziellen Pflanzenzüchtung eingesetzt werden, und sie weisen auf ein erhebliches nutzbares Potenzial hin.

Was kann getan werden?

In den vergangenen Jahrzehnten wurde in vielen wissenschaftlichen Publikationen behauptet, dass die Veränderung eines oder mehrerer Gene zu erheblichen Steigerungen von Ernteertrag, Nährstoffnutzungseffizienz oder anderen Ergebnissen führen könne. Obwohl diese Forschungsprojekte wichtige Erkenntnisse zur Molekularbiologie und Genentdeckung geliefert haben, wachsen die Bedenken, dass viele dieser Behauptungen übertrieben sind und nicht auf gründlichen Feldprüfungen beruhen (50). Viele Studien basierten auf Topfversuchen mit nur begrenzter Feldbewertung oder wurden nicht im richtigen genetischen Hintergrund durchgeführt. Pflanzennährstoffe und NUE werden zudem häufig falsch gemessen und berechnet.

Realistische Ziele und Erwartungen

Es besteht eindeutig Spielraum, Nährstoffaufnahme und -nutzung von Kulturpflanzen genetisch zu verbessern und dabei die biologischen Grenzen des Nährstoffbedarfs der Pflanzen zu berücksichtigen (51). Dennoch könnten selbst moderate Steigerungen von RE und/oder IE um 5–10 % oder eine Kombination aus beiden große Wirkungen haben. Diese hypothetischen und dennoch realistischen Szenarien könnten wie folgt aussehen:

- **Basislinie:** Der durchschnittliche Reisertrag in verschiedenen Anbauregionen und Anbausaisons Asiens beträgt etwa 5.200 kg/ha. Im Durchschnitt bringen landwirtschaftliche Betriebe etwa 100 kg N/ha als Düngemittel aus. Die N-Aufnahme der Kulturpflanzen beträgt etwa 87 kg N/ha, bei einer Rückgewinnungseffizienz des Düngerstickstoffs (RE) von etwa 40 %, einer internen Effizienz (IE) von etwa 60 kg Korn/kg aufgenommenem N und einem durchschnittlichen Stickstoffernteindex (NHI) von 60 % (3, 52).
- **Szenario A:** Steigerung der RE um 10 %: Die Züchtung auf Merkmale der N-Aufnahme durch die Wurzeln könnte die N-Aufnahmeeffizienz um 10 % verbessern (von 40 auf 44 %), ohne Ertrag und IE (oder NHI) zu verändern. Für dasselbe Ertragsniveau wären dadurch 17 kg N/ha weniger Düngerstickstoff erforderlich und die PFP würde gegenüber der Basislinie um 20 % von 52 auf 62 kg Korn/kg Düngerstickstoff steigen. In ganz Asien könnten jährlich rund 2,5 Millionen Tonnen Düngerstickstoff eingespart werden.
- **Szenario B:** Steigerung der IE um 10 %: Die Züchtung auf Merkmale, die N-Verteilung, -Remobilisierung oder -Speicherung im Korn erhöhen, könnte die N-Nutzungseffizienz um 10 % verbessern (von 60 auf 66 kg Korn/kg N-Aufnahme), ohne Ertrag und RE zu verändern. Dadurch wären 28 kg N/ha weniger Düngerstickstoff erforderlich und die PFP würde gegenüber der Basislinie um 39 % von 52 auf 72 kg Korn/kg Düngerstickstoff steigen. In ganz Asien könnten 4,2 Millionen Tonnen Düngerstickstoff eingespart werden, ohne die Reisproduktion zu verringern.

Die Szenarien A und B zeigen das allgemeine Potenzial genetischer Verbesserungen. Ein verbreitetes Missverständnis ist jedoch, dass das Ziel einer Verbesserung der NUE darin bestehe, die Düngemittelausbringung und damit Kosten und Treibhausgasemissionen zu senken. Die eigentliche Herausforderung besteht allerdings darin, die erzeugte Kornmenge pro Einheit des ausgebrachten Nährstoffs zu steigern und gleichzeitig den Kornertrag zu erhöhen, um mehr Nahrung für eine wachsende Bevölkerung zu produzieren. Für die Nährstoffe in den Ernteprodukten bestehen Mindestanforderungen. Höhere Erträge erfordern daher einen größeren Nährstoffeintrag – hauptsächlich aus Düngemitteln –, jedoch bei höherer Aufnahme- und Nutzungseffizienz durch die Pflanze. Szenario C bildet diesen Fall ab:

- **Szenario C:** Steigerung von Kornertrag, RE und IE um jeweils 10 %: Genetische Verbesserung und bessere agronomische Praktiken könnten gemeinsam sowohl RE als auch IE um jeweils 10 % verbessern und zugleich den Ertrag um 10 % steigern (von 5,2 auf 5,7 t/ha). Dies würde zu einer besseren N-Aufnahme und -Nutzung führen, die Ernährungssicherheit unterstützen und gegenüber der Basislinie 17 kg N/ha weniger Düngerstickstoff erfordern, während die PFP um 32 % steigt (von 52 auf 69 kg Korn/kg Düngerstickstoff).

Tabelle 1. Theoretische Szenarien als Ergebnisse genetischer Verbesserungsstrategien, wie im Text beschrieben.

Szenario	Ertrag (t/ha)	RE (%)	IE (kg grain/kg N)	Fertilizer N (kg/ha)	PFP (kg grain/kg N)	N gespart (Mt/yr)
Basisline	5.2	40	60	100	52	
A	5.2	44	60	83	62	2.5
B	5.2	40	66	72	72	4.2
C	5.7	44	66	83	69	2.5

Genentdeckung: Charakterisierung überlegener Allele von wilden Pflanzentypen und Landsorten

Die meisten bislang gefundenen NUE-verbessernden Gene (Allele) werden unter nährstoffarmen Bedingungen induziert, wahrscheinlich weil sie sich entwickelt haben, um das Überleben bei Nährstoffknappheit zu fördern. Viele von ihnen werden bei hohem Nährstoffangebot unwirksam, was darauf hindeutet, dass der hohe Düngemitteleinsatz in der modernen Landwirtschaft ihre NUE-verbessernden Funktionen überdecken kann (53). Dadurch entsteht ein Zielkonflikt zwischen hohen Erträgen und einer höheren NUE. Allele wie OsGAT8-H, die die NUE über ein breites Spektrum der Nährstoffversorgung verbessern können, sind besonders nützlich.

Die moderne Züchtung hat hohe Erträge bei hohen Nährstoffeinträgen priorisiert. Daher könnten einige Gene oder Allele, die mit einer hohen NUE zusammenhängen, während moderner Züchtungsprozesse verloren gegangen sein. Um diese Merkmale wiederzugewinnen, sollten wilde Pflanzentypen und traditionelle Landsorten, die möglicherweise unerschlossene genetische Vielfalt beherbergen, auf überlegene NUE-Allele untersucht werden. Moderne genomische Verfahren wie GWAS und Pangenomanalysen können solche NUE-assoziierten Gene/Allele identifizieren (Abb. 3). Dabei ist zu beachten, dass vor der Zucht eine funktionelle Validierung unerlässlich ist. Nicht alle an Nährstoffaufnahme, -Verlagerung, -Verteilung oder -Umverteilung beteiligten Gene sind geeignete Ziele. Vorrang sollten jene Gene erhalten, deren agronomischer Wert unter verschiedenen realistischen Produktionsbedingungen nachgewiesen wurde. Dafür sind effiziente Screeningstrategien außerhalb der Versuchsstation sowie robustere Daten zur Umweltcharakterisierung erforderlich, um Bewertungen der Wechselwirkungen zwischen Genotyp × Umwelt × Management zu ermöglichen.

Gezielte Züchtung

Die Pflanzenzüchtung hat sich hin zu datengestützten, gezielten Züchtungsstrategien mit vielfältiger Produktgestaltung und -entwicklung verlagert. Diese nutzen häufig moderne Werkzeuge und Technologien wie Genomeditierung, genomische Selektion, Speed Breeding und umweltspezifische Feldprüfungen, um den genetischen Fortschritt zu beschleunigen und Pflanzensorten durch wirksame Saatgutsysteme rasch zu ersetzen (54). Die neue Ära ist von intelligenten Technologien geprägt, das durch Fortschritte in Genomik und künstlicher Intelligenz (KI) unterstützt wird (55). Eine solche genomikgestützte Züchtung beruht auf neuen Ansätzen, die die gezielte Veränderung allelischer Variation zur Schaffung neuer Vielfalt beschleunigen und deren rasche und effiziente Einbindung in Programme zur Pflanzenverbesserung erleichtern (56).

Ertragssteigerung bleibt dabei das wichtigste Züchtungsziel. Es ist unwahrscheinlich, dass NUE-Merkmale an sich unabhängig vom Ertrag kommerziell tragfähig wären (57). NUE-bezogene Merkmale sollten jedoch systematischer in Züchtungsprofile für eine optimale Produktplatzierung aufgenommen werden, insbesondere bei Kulturpflanzen und Anbausystemen, in denen erhebliche Fortschritte erzielt werden könnten. Vielversprechende Kandidatengene/-allele sollten mittels markergestützter Selektion oder Genomeditierungsverfahren wie CRISPR-Cas9 in Elitesorten introgressiert werden. Die daraus hervorgehenden Linien sollten in den angestrebten Marktsegmenten und lokalen Umwelten gründlich geprüft werden. Außerdem sind längerfristige Studien erforderlich, um agronomische Leistung und Nachhaltigkeit unter spezifischen Bewirtschaftungsbedingungen zu bewerten. Dazu gehört die ordnungsgemäße Messung von NUE-Indikatoren, um zu quantifizieren, welchen Beitrag genetische Verbesserungen und agronomische Praktiken zur Steigerung der NUE leisten.

Genpyramidung für die Effizienz mehrerer Nährstoffe

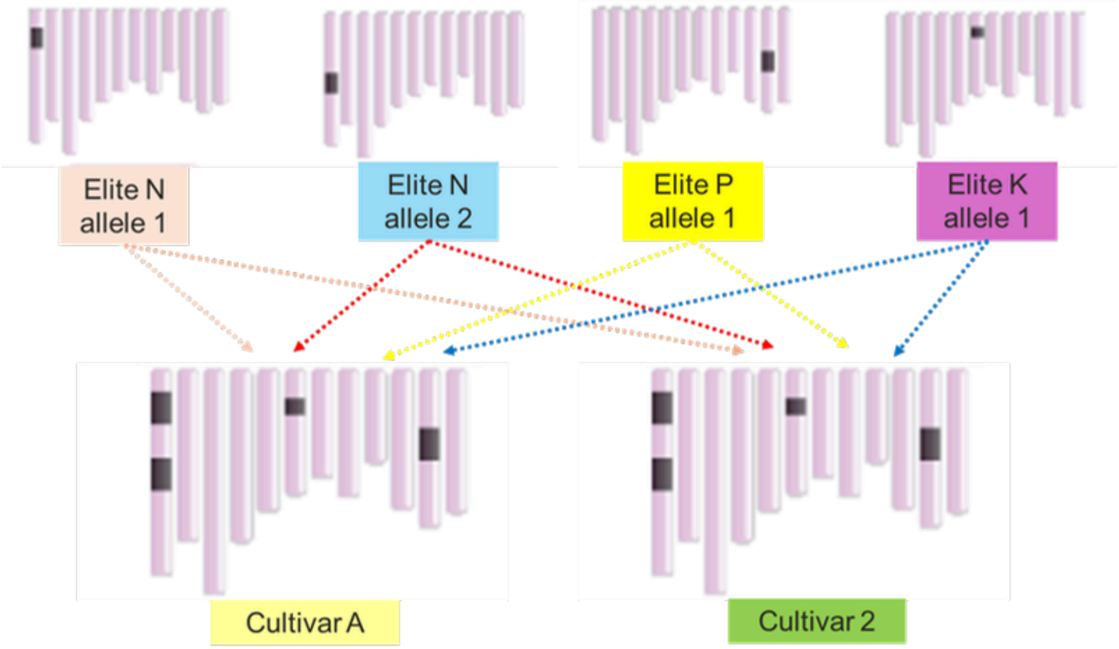
Die aktuelle Forschung konzentriert sich weitgehend auf die Effizienz einzelner Nährstoffe wie N oder P. Kulturpflanzen leiden jedoch häufig gleichzeitig unter mehreren Nährstoffmängeln, wobei unterschiedliche Nährstoffe jeweils eigene Mechanismen der Nährstoffnutzungseffizienz umfassen. Die Pyramidung von Genen – die gleichzeitige Selektion auf und/oder Einführung von mehreren Genen während der Pflanzenzüchtung – für N-, P- und K-Effizienz könnte Sorten mit breit angelegten Strategien zur Optimierung der Nährstoffnutzung hervorbringen (Abb. 7). Nach unserem Kenntnisstand wurde hierzu bislang wenig geforscht. Das tatsächliche Potenzial solcher Strategien bleibt daher abzuwarten.

Ausweitung der Forschung über Reis hinaus

Während sich viele NUE-Studien auf Reis konzentriert haben, sollte die Forschung ihren Schwerpunkt auf andere wichtige Kulturpflanzen wie Weizen, Mais, Gerste, Sorghum, Ölsaaten, Leguminosen und Gartenbaukulturen ausweiten. Jede Art weist eigene Anforderungen und Dynamiken der Nährstoffaufnahme auf und erfordert daher maßgeschneiderte genetische und agronomische Lösungen. Aufgrund der großen Genome wird die Identifizierung von NUE-Genen in diesen Kulturpflanzen schwierig, ist aber dringend erforderlich.

Kürzlich wurde eine Pipeline für maschinelles Lernen vorgestellt, die genregulatorische Netzwerke und die Zuordnung von Orthologen zwischen Modell- und Kulturpflanzen integriert, um die Verbesserung der NUE bei Mais zu beschleunigen (58). Dieser Ansatz bietet ein Muster für die systematische Verbesserung der NUE bei anderen Kulturpflanzen.

Abbildung 7. *Schema zur Pyramidung von Eliteallelen für eine höhere Nährstoffnutzungseffizienz von Kulturpflanzen.*



SCIENTIFIC PANEL
ON RESPONSIBLE PLANT NUTRITION

Wer muss was tun?

Forschende:

- Gut ausgerichtete Produktprofile für die Pflanzenzüchtung und damit verbundene Pakete von Pflanzenmerkmalen für die genetische Verbesserung der NUE entwickeln, basierend auf einem guten Verständnis von Pflanzenphysiologie, Anbausystemen und -praktiken, Wechselwirkungen zwischen Genotyp × Umwelt × Management und Marktanforderungen.
- In allen Phasen von der Genentdeckung bis zur Züchtungsforschung mit Fachleuten aus Agronomie, Bodenkunde, Pflanzenphysiologie, Pflanzenmodellierung und anderen Bereichen zusammenarbeiten (59).
- Gemeinsame Protokolle für Phänotypisierung und Feldbewertung verwenden. Zusammenarbeiten und Versuchsdaten, genetische Ressourcen sowie Genotypisierungs- und Phänotypisierungsdaten offen teilen.
- Übertriebene, nicht validierte Behauptungen vermeiden.

Regierungen:

- Wissenschaftsbasierte Richtlinien und Vorschriften verabschieden, die die Züchtung und Einführung von Pflanzensorten fördern, die mit modernen genetischen Verbesserungsmethoden einschließlich Genomeditierung und Transgenese entwickelt wurden (60).
- Ausreichende und stabile Finanzierung bereitstellen, um Forschung zu Genentdeckung und -charakterisierung sowie Pflanzenverbesserung für NUE zu unterstützen, einschließlich moderner Einrichtungen und Netzwerke für Phänotypisierung und Feldprüfung.

Nichtregierungsorganisationen und Nachrichtenmedien:

- Über wissenschaftliche Fortschritte bei Strategien zur genetischen Verbesserung von Kulturpflanzen, insbesondere über neue genetische und züchterische Technologien, auf dem neuesten Stand und aufgeschlossen bleiben.
- Korrekt und wissenschaftsbasiert kommunizieren und informieren – keine irreführenden Informationen verbreiten.

Privatwirtschaft:

- Mehr in Forschung und Entwicklung zur genetischen Verbesserung der Nährstoffnutzungseffizienz wichtiger Kulturpflanzen investieren.

SCIENTIFIC PANEL
ON RESPONSIBLE PLANT NUTRITION

Wie würde Erfolg aussehen?

1

Genetische Ansätze sind ein zentraler Bestandteil einer integrierten, verantwortungsvollen Vision der Pflanzenernährung (61) für die Zukunft. Sie müssen gemeinsam mit neuartigen Düngemitteln (7) sowie verbesserten Technologien und Praktiken des Nährstoffmanagements (6) vorangebracht und eingesetzt werden, um deutliche und dauerhafte Verbesserungen bei Produktivität und Nährstoffnutzungseffizienz sowie ökologische und wirtschaftliche Vorteile zu erzielen.

2

Eine Erfolgsvision lautet daher: Innerhalb der nächsten 20 Jahre werden Pflanzenzüchtungsprogramme NUE-bezogene Merkmale systematisch als unverzichtbare oder wünschenswerte Merkmale berücksichtigen, genetische Entdeckungen und neue Züchtungsverfahren umfassend nutzen und nährstoffeffizientere Pflanzensorten hervorbringen, die von landwirtschaftlichen Betrieben weltweit eingeführt und angebaut werden.

SCIENTIFIC PANEL
ON RESPONSIBLE PLANT NUTRITION

Literatur

1. Scientific Panel on Responsible Plant Nutrition, Defining nutrient use efficiency in responsible plant nutrition. Issue Brief 04 (2023).

2. X. Yu, C. Keitel, F. A. Dijkstra, Global analysis of phosphorus fertilizer use efficiency in cereal crops. *Global Food Security*. 29, 100545 (2021).

3. D. Chakraborty et al., Global insights into nitrogen losses and efficiency in rice, wheat, and maize cultivation. *Field Crops Res*. 334, 110138 (2025).

4. K. G. Cassman, A. Dobermann, D. T. Walters, Agroecosystems, nitrogen-use efficiency, and nitrogen management. *Ambio*. 31, 132–140 (2002).

5. A. Ali et al., Enhancing nitrogen use efficiency in agriculture by integrating agronomic practices and genetic advances. *Front. Plant Sci. 1*6, 1543714 (2025).

6 Scientific Panel on Responsible Plant Nutrition, Furthering 4R nutrient stewardship. Issue Brief 03 (2022).

7. Scientific Panel on Responsible Plant Nutrition, Novel fertilizers and how they work. Issue Brief 08 (2025).

8. J. Maurya, R. K. Singh, M. Prasad, Improving nutrient use efficiency (NtUE) in crops: an overview. *Plant Physiol. Rep*. 29, 786–792 (2024).

9. J. Li et al., Genetic and molecular mechanisms underlying nitrogen use efficiency in maize. *Journal of Genetics and Genomics*. 52, 276–286 (2025).

10. G. Singh et al., Advances in genomics-assisted breeding strategies for enhancing nutrient uptake and use efficiency in cereals: A pathway toward sustainable agriculture. *Plant Stress*. 18, 101002 (2025).

11. Q. Liu et al., Improving crop nitrogen use efficiency toward sustainable green Revolution. *Annual review of plant biology*. 73, 523–551 (2022).

12. W. Wang et al., Genetic improvement of nitrogen- and phosphorus-use efficiency in crops: Old goals with new aspirations. *Molecular Plant*. 19, 571–586 (2026).

13. X. Li et al., The next Green Revolution: integrating crop architectype and physiotype. *Trends in Biotechnology*. 43, 2479–2493 (2025).

14. A. J. Hall, R. A. Richards, Prognosis for genetic improvement of yield potential and water-limited yield of major grain crops. *Field Crops Res*. 143, 18–33 (2013).

15. B. Hu, W. Wang, J. Chen, Y. Liu, C. Chu, Genetic improvement toward nitrogen-use efficiency in rice: Lessons and perspectives. *Molecular Plant*. 16, 64–74 (2023).

16. T. Sun et al., Genotypic variation in nutrient uptake requirements of rice using the QUEFTS model. *Agronomy*. 11, 26 (2021).

17. J. K. Ladha et al., Opportunities for increased nitrogen use efficiency from improved lowland rice germplasm. *Field Crops Res*. 56, 41–71 (1998).

18. F. E. Broadbent, S. K. de Datta, E. V. Laureles, Measurement of nitrogen utilization efficiency in rice genotypes. Agronomy J. 79, 786–791 (1987).

19. U. Singh et al., Genotypic variation in nitrogen use efficiency in medium- and long-duration rice. *Field Crops Res*. 58, 35–53 (1998).

20. A. K. Shrawat, R. T. Carroll, M. DePauw, G. J. Taylor, A. G. Good, Genetic engineering of improved nitrogen use efficiency in rice by the tissue-specific expression of alanine aminotransferase. *Plant Biotechnol J*. 6, 722–732 (2008).

SCIENTIFIC PANEL
ON RESPONSIBLE PLANT NUTRITION

Literatur

21. M. Janda, Methods in plant science. *J Exp Bot.* 75, 5163–5168 (2024).

22. B. Hu et al., Variation in NRT1.1B contributes to nitrate-use divergence between rice subspecies. *Nat Genet.* 47, 834–838 (2015).

23. Y. Liu et al., Genomic basis of geographical adaptation to soil nitrogen in rice. *Nature*. 590, 600–605 (2021).

24. W. Wu et al., The elite haplotype OsGATA8-H coordinates nitrogen uptake and productive tiller formation in rice. *Nat Genet*. 56, 1516–1526 (2024).

25. W. Xin et al., Genome-wide association studies identify OsNLP6 as a key regulator of nitrogen use efficiency in rice. *Plant Biotechnol J.* 23, 5110–5125 (2025).

26. G. Jia et al., Ferredoxin-mediated mechanism for efficient nitrogen utilization in maize. *Nat. Plants*. 11, 643–659 (2025).

27. S. Kor et al., Genome editing of OsSBEIIb rewires starch architecture to lower predicted glycemic index and enhance protein quality in rice endosperm. *Current Research in Food Science*. 13, 101513 (2026).

28. R. Gamuyao et al., The protein kinase Pstol1 from traditional rice confers tolerance of phosphorus deficiency. *Nature*. 488, 535–539 (2012).

29. N. Yamaji et al., Reducing phosphorus accumulation in rice grains with an impaired transporter in the node. *Nature*. 541, 92–95 (2017).

30. Y. Wang et al., Natural variation in ZmGRF10 regulates tolerance to phosphate deficiency in maize by modulating phosphorus remobilization. *The Crop Journal.* 12, 1414–1425 (2024).

31. C. Wang et al., The transcription factor OsNAC25 regulates potassium homeostasis in rice. *Plant Biotechnol J.* 23, 930–945 (2025).

32. D. Yan, E. Nambara, Conserved and unique functions of NIN-like proteins in nitrate sensing and signaling. *Plant Science*. 336, 111842 (2023).

33. B. Liu et al., TaTCP6 is required for efficient and balanced utilization of nitrate and phosphorus in wheat. Nat Commun. 16, 1683 (2025).

34. R. Tiozon et al., Cereal protein biofortification at the interface of nutrition, yield and sustainability. *Nat. Plants*. 12, 683–694 (2026).

35. P. R. Shewry, Can we increase the use of wheat and other cereals as sources of protein? *Journal of Cereal Science.* 117, 103899 (2024).

36. M. J. Milner, S. Bowden, M. Craze, E. J. Wallington, OsPSTOL but not TaPSTOL can play a role in nutrient use efficiency and works through conserved pathways in both wheat and rice. *Front. Plant Sci.* 14, 1098175 (2023).

37. F. Wang, T. Rose, K. Jeong, T. Kretzschmar, M. Wissuwa, The knowns and unknowns of phosphorus loading into grains, and implications for phosphorus efficiency in cropping systems. *J Exp Bot.* 67, 1221–1229 (2016).

38. W. D. Carciochi et al., Quantifying potassium requirement and removal across crop species. Field Crops Res. 322, 109717 (2025).

39. B. He et al., Omics-driven crop potassium use efficiency breeding. *Front. Plant Sci.*13, 1076193 (2022).

40. Y. Wang, W.-H. Wu, Genetic approaches for improvement of the crop potassium acquisition and utilization efficiency. *Current Opinion in Plant Biology*. 25, 46–52 (2015).

41. P. J. White, M. J. Bell, I. Djalovic, P. Hinsinger, Z. Rengel, in Improving Potassium Recommendations for Agricultural Crops (Springer, Cham, 2021), pp. 119–145.

SCIENTIFIC PANEL
ON RESPONSIBLE PLANT NUTRITION

Literatur

42. G. Rizzo et al., Potassium limits productivity in intensive cereal cropping systems in Southeast Asia. *Nat Food,* 1–10 (2024).

43. F. Cormier et al., Breeding for increased nitrogen-use efficiency: a review for wheat (*T. aestivum L.*). *Plant Breed.* 135, 255–278 (2016).

44. E. T. van Lammerts Bueren, P. C. Struik, Diverse concepts of breeding for nitrogen use efficiency. A review. *Agron. Sustain. Dev.* 37 (2017).

45. V. O. Sadras, R. A. Richards, Improvement of crop yield in dry environments: benchmarks, levels of organisation and the role of nitrogen. *J Exp Bot.* 65, 1981–1995 (2014).

46. L. T. Evans, Feeding the ten billion: plants and population growth (Cambridge University Press, Cambridge, UK, 1998).

47. S. M. Mueller, C. D. Messina, T. J. Vyn, Simultaneous gains in grain yield and nitrogen efficiency over 70 years of maize genetic improvement. *Sci. Rep*. 9, 9095 (2019).

48. A. Stahl et al., Effect of breeding on nitrogen use efficiency-associated traits in oilseed rape. *J Exp Bot.* 70, 1969–1986 (2019).

49. A. Makino et al., High yielding ability of a large-grain rice cultivar, Akita 63. *Sci Rep*. 10, 12231 (2020).

50. M. Khaipho-Burch et al., Genetic modification can improve crop yields - but stop overselling it. *Nature*. 621, 470–473 (2023).

51. P. B. Barraclough et al., Nitrogen efficiency of wheat: Genotypic and environmental variation and prospects for improvement. *European Journal of Agronomy*. 33, 1–11 (2010).

52. C. Witt et al., Internal nutrient efficiencies of irrigated lowland rice in tropical and subtropical Asia. *Field Crops Res.* 63, 113–138 (1999).

53. Y. Liu, B. Hu, C. Chu, Toward improving nitrogen use efficiency in rice: Utilization, coordination, and availability. *Current Opinion in Plant Biology*. 71, 102327 (2023).

54. S. Bhosale et al., OneRice breeding framework: An end-to-end system to develop better varieties faster. *Crop Sci*. 65 (2025).

55. H.-J. Liu et al., Maize2035: A decadal vision for intelligent maize breeding. *Molecular Plant*. 18, 313–332 (2025).

56. R. K. Varshney et al., Designing future crops: genomics-assisted breeding comes of age. *Trends in Plant Science*. 26, 631–649 (2021).

57. C. R. Simmons et al., Successes and insights of an industry biotech program to enhance maize agronomic traits. *Plant Science*. 307, 110899 (2021).

58. J. Huang et al., Model-to-crop conserved NUE Regulons enhance machine learning predictions of nitrogen use efficiency. *Plant Cell.* 37 (2025).

59. J. B. Passioura, Scaling up: The essence of effective agricultural research. *Functional Plant Biology*. 37, 585–591 (2010).

60. A. Ricroch, W. B. Rahal, B. Genty, R. Lherminier, Global status of genome editing versus transgenesis legislation in plants and the current EU situation. *npj Science of Plants*. 2, 3 (2026).

61. A. Dobermann et al., Responsible plant nutrition: A new paradigm to support food system transformation. *Global Food Security*. 33, 100636 (2022).

SCIENTIFIC PANEL
ON RESPONSIBLE PLANT NUTRITION

Autoren, Zitierung und Kontakt

Autorinnen und Autoren: Mitglieder des Scientific Panel on Responsible Plant Nutrition (federführende Autorinnen und Autoren unterstrichen).
Patrick H Brown (University of California-Davis, USA), Deli Chen (University of Melbourne, Australia), Achim Dobermann (International Fertilizer Association, France), Jian Feng Ma (Okayama University, Japan), Andrew Macdonald (Cornell University, USA), Keith Shepherd (iSDA, UK), Marta Vasconcelos (Universidade Católica Portuguesa, Portugal), Claudia Wagner-Riddle (University of Guelph, Canada), Shamie Zingore (APNI, Morocco), Fangjie Zhao (Nanjing Agricultural University, China).

Zitierung: Scientific Panel on Responsible Plant Nutrition. 2026. Genetic approaches for improving nutrient use efficiency. Issue Brief 09. Available at https://sprpn.org

Weitere Informationen: Scientific Panel on Responsible Plant Nutrition, info@sprpn.org