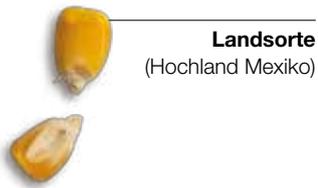


Kein Korn gleicht dem anderen: Mehrere Tausend verschiedene Maissorten gibt es weltweit. Die genetische Vielfalt ist für Pflanzenzüchter wertvoll, beispielsweise für die Entwicklung von dürre- oder schädlingsresistenten Sorten



Landsorte
(Hochland Mexiko)



Blaue Finger
(Zierform, Deutschland)



Serrano Perquesio
(Peru)



Landsorte
(Guanajuato, Mexiko)



Teosinte
(Wildmais, Mexiko)



Landsorte
(Chiaparo, Mexiko)



Coloras
(Peru)

Die feinen Unterschiede

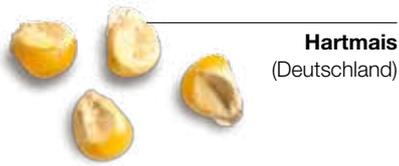
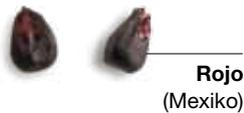
Maisertrag oder Milchleistung: Weil landwirtschaftlich interessante Merkmale von Nutztieren und Kulturpflanzen oft durch viele Gene gesteuert werden, sind der klassischen Züchtung Grenzen gesetzt. In einem einzigartigen Forschungsnetzwerk fahnden Pflanzengenetiker und Tierwissenschaftler deshalb im genetischen Code nach den kleinen Unterschieden, die eine große Leistung versprechen. Ihr Ziel: Züchterfolge vorhersagbar machen

Links

www.synbreed.tum.de
www.plantbreeding.wzw.tum.de
www.tierzucht.tum.de



Zuckermais
(USA)



Ab Ende September zeigt sich, ob Chris-Carolin Schön richtig gelegen hat. Der Mais auf den Versuchsfeldern der Technischen Universität München ist dann abgeerntet, der Ertrag jeder Parzelle genau gemessen. Für die Professorin am Lehrstuhl für Pflanzenzüchtung ist dabei weniger wichtig, wie viel oder wenig am Ende auf der Waage angezeigt wird. Für sie zählt, wie genau die gemessene Körnermenge mit dem übereinstimmt, was aus den Erbinformationen der jungen Maispflanzen vorhergesagt wurde. Markergestützte oder auch genomische Selektion heißt die Methode, die Chris-Carolin Schön erforscht: „Wenn wir das Wachstum und den Ertrag bereits aus der Erbsubstanz eines Samenkorns vorhersagen können, lassen sich vielversprechende Pflanzen früher und verlässlicher für die Züchtung auswählen“, so beschreibt die Pflanzengenetikerin die Idee dahinter.

In der klassischen Züchtung ist bislang vor allem eines gefragt: Geduld. Bis zu zehn Jahre dauert es, eine neue Maissorte zu entwickeln. Denn das Erscheinungsbild der Elternpflanzen (ihr Phänotyp) verrät nicht immer, welches Erbmaterial (Genotyp) sie weitergeben: Dass hochgeschossene Pflanzen auch kleinwüchsigen Nachwuchs hervorbringen oder die Blütenfarbe Weiß in einer Generation verschwindet, um in der nächsten wieder sichtbar zu

werden, hat bereits Gregor Mendel in seinen berühmten Erbsenversuchen beobachtet. Für die Züchter heißt das, dass sie erst an den Nachkommen etwas über die Qualität einer Pflanzenlinie – also genetisch identischer Pflanzen – ablesen können. Zudem erschweren Umwelteinflüsse die Auswahl der besten Kreuzungspartner: wenn zum Beispiel unterschiedliche Witterungsbedingungen dafür sorgen, dass eine Pflanze prächtig gedeiht, die andere hingegen verkümmert – und das, obwohl es sich um genetisch identische Setzlinge handelt. Die klassische Züchtung ist deshalb auf langwierige Kreuzungsversuche angewiesen. Züchter müssen Hunderte Pflanzenlinien miteinander kombinieren und ihre Nachkommen über mehrere Jahre im Feld testen. Dann erst lässt sich abschätzen, welche Pflanzen unabhängig von den Umweltbedingungen hohe Erträge versprechen.

Mit der genomischen Selektion, also der Auswahl der Kreuzungspartner aufgrund der Gesamtheit ihrer Gene, lässt sich dieser Prozess deutlich beschleunigen, ist Schön überzeugt: „Mit herkömmlichen Züchtungsmethoden steigt der landwirtschaftliche Ertrag pro Jahr je nach Pflanzenart um ein bis zwei Prozent an. Mit genombasierten Verfahren lässt sich der Züchtungsfortschritt noch erhöhen, vielleicht sogar verdoppeln.“ In einem vom Bundesforschungs- ▶



Für **Chris-Carolin Schön** ist die züchterische Optimierung von Nutzpflanzen eine wichtige Schlüsseltechnologie



Tausende von DNA-Proben werden im Synbreed-Projekt analysiert. Das Ziel: Züchterfolge bei Maispflanzen, Rindern oder Hühnern vorhersagbar machen



Die Welternährungsorganisation schätzt, dass bis Mitte des 21. Jahrhunderts der Bedarf an Nahrungsmitteln um 60 Prozent steigt. Wegen Klimaveränderungen braucht man neue Sorten, die Trockenheit und Schädlingen gewachsen sind



Landsorte
(Subtropen)



Landsorte
(Mexiko)



**High Mountain
Midnight Popcorn**
(USA)



Hopi Blue
(Mittelamerika)

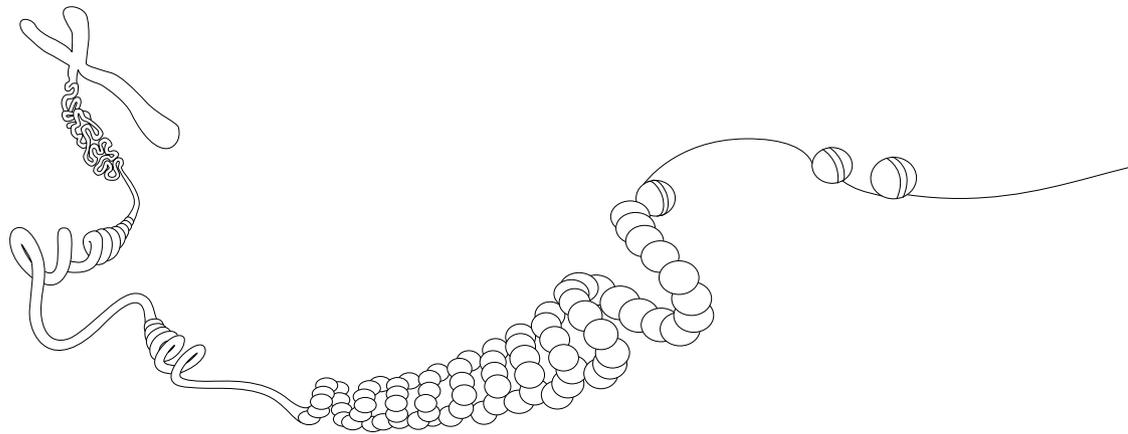
ministerium geförderten Forschungscluster entwickelt die Pflanzengenetikerin gemeinsam mit Kollegen aus den Tierwissenschaften, der Molekularbiologie, Bioinformatik und Humanmedizin die dafür notwendigen genetischen und mathematischen Methoden. Der Vorteil der Synbreed getauften Forschungsallianz: Erkenntnisse aus einer Disziplin lassen sich auf andere übertragen. Das Konzept der genomischen Selektion stammt beispielsweise ursprünglich aus der Rinderzucht. Auch hier ist der traditionelle Zuchtprozess zeitintensiv, weil sich erst durch die Prüfung vieler Nachkommen feststellen lässt, ob ein Bulle gute Gene weitergibt. Deshalb greifen Tierzüchter schon seit einigen Jahren auf Genomanalysen zurück, um daraus bereits für Jungtiere abzuschätzen, ob sie über- oder unterdurchschnittliche Erbanlagen mitbringen. Diesen Ansatz wollen die Synbreed-Forscher auch in der Hühnerzucht und in der Pflanzenforschung etablieren.

„Natürlich unterscheiden sich Tiere und Pflanzen, wenn es um Entwicklung, Ernährung und Gesundheit geht, aber in der Zucht haben wir ähnliche Prinzipien“, stellt Schön fest. Landwirtschaftlich interessante Merkmale wie die Milchleistung, die Legeleistung oder der Kornertrag werden oft durch mehrere Gene gesteuert. „Das eine Ertragsgen gibt es nicht“, sagt Schön. „Wie groß ein Maiskorn wird, hängt

von sehr vielen, sogar mehreren Hundert verschiedenen Genen ab, die auf komplexe Weise zusammenspielen. Jedes für sich genommen hat aber nur einen geringen Effekt.“ Das Maisgenom besteht aus zwei Chromosomensätzen mit jeweils etwa 32.000 Genen, die wiederum unterschiedliche Varianten, sogenannte Allele, aufweisen können. „Die Kunst besteht darin, die vielen kleinen Unterschiede im genetischen Code zu finden, die zusammengenommen für einen höheren Ertrag sorgen“, sagt die Wissenschaftlerin.

Wegweiser im Gewirr der DNA

Um diesen kleinen Unterschieden auf die Spur zu kommen, nutzen die Wissenschaftler Genmarker. Das sind winzige, eindeutig identifizierbare Abschnitte, in denen sich die DNA-Stränge verschiedener Individuen unterscheiden. Genmarker haben zwar ursächlich nichts mit dem eigentlichen Zielmerkmal zu tun, werden aber häufig im Paket mit größeren DNA-Abschnitten vererbt – und lassen sich deshalb als Wegweiser zu den Genen nutzen, die für komplexe Merkmale verantwortlich sein können. Die Genmarker, die von den Synbreed-Wissenschaftlern untersucht werden, sind jeweils nur ein Basenpaar groß: Sogenannte Single Nucleotide Polymorphisms (SNPs) sind winzige Änderungen in der Basenabfolge des DNA-Stranges, die durch ▶



Landsorte
(Tuxtla, Mexiko)

Dicht gepackt: Vor der Zellteilung konzentriert sich der DNA-Strang in Chromosomen. Dabei wickelt sich die DNA-Doppelhelix um Proteine (Histone) und verdichtet sich zu einer Kette von Nucleosomen

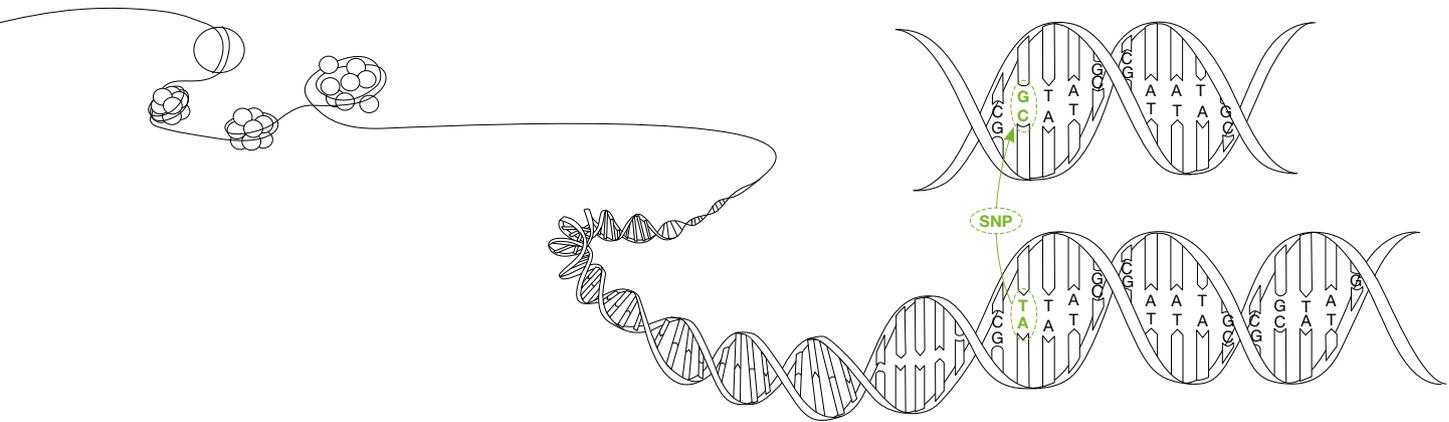
Ungefähre Genomgröße verschiedener Organismen (haploid)	
Organismus	Anzahl der DNA-Basenpaare, aus denen sich das gesamte Erbgut (Genom) zusammensetzt
Virus (Beispiel: HIV)	9.200
Bakterium (Beispiel: Escherichia coli DH 10B)	4,7 Mio.
Ackerschmalwand	119 Mio.
Huhn	1,1 Mrd.
Mais	2,3 Mrd.
Rind	2,9 Mrd.
Mensch	3,1 Mrd.
Saatweizen	16 Mrd.

Die Zahl der Basenpaare eines Genoms ist kein Maß für die Entwicklungshöhe eines Organismus. Manche Pflanzen wie der Saatweizen haben beispielsweise mehrere Chromosomensätze

Mutationen hervorgerufen wurden. Mehrere Zehntausend solcher SNPs aus der Mais-DNA lassen sich im Labor bereits durchsuchen.

Viele dieser feinen Unterschiede oder SNPs haben keine Auswirkungen auf sichtbare Merkmale. Die Gesamtheit der Variationen ist für die Genetiker aber dennoch interessant: Denn sie ermöglicht es, von jeder Pflanzenlinie ein genetisches Muster, einen genetischen Fingerabdruck zu erstellen. Tausende solcher Mais-Genomprofile durchkämmen die Synbreed-Forscher nach Regelmäßigkeiten und setzen sie mit im Feld gemessenen Ertragsunterschieden in Verbindung. Daraus entwickeln sie mathematisch-statistische Modelle, mit denen sich bereits aus dem genetischen Code eines Samenkorns vorhersagen lässt, welche Ertragspotenziale das Pflänzchen verspricht und ob es sich für eine Kreuzung eignet.

Abgeschaut hat sich Chris-Carolin Schön dieses Prinzip der genomischen Selektion von den Tierwissenschaftlern. Prof. Ruedi Fries und Hubert Pausch vom Lehrstuhl für Tierzucht der Technischen Universität München verwenden das Verfahren zum Beispiel, um die Augenpigmentierung bei Fleckviehrindern vorherzusagen. Eine sichere Vorhersage dieses komplexen Merkmals bedeutet in sonnenreichen Ländern einen Züchtungsvorteil, weil die dunkle Färbung



Kleine Unterschiede mit großer Wirkung: Die Synbreed-Wissenschaftler untersuchen, wie sich der Austausch einzelner DNA-Bausteine – sogenannte Single Nucleotide Polymorphisms (SNPs) – zum Beispiel im Ertrag von Maispflanzen spiegelt

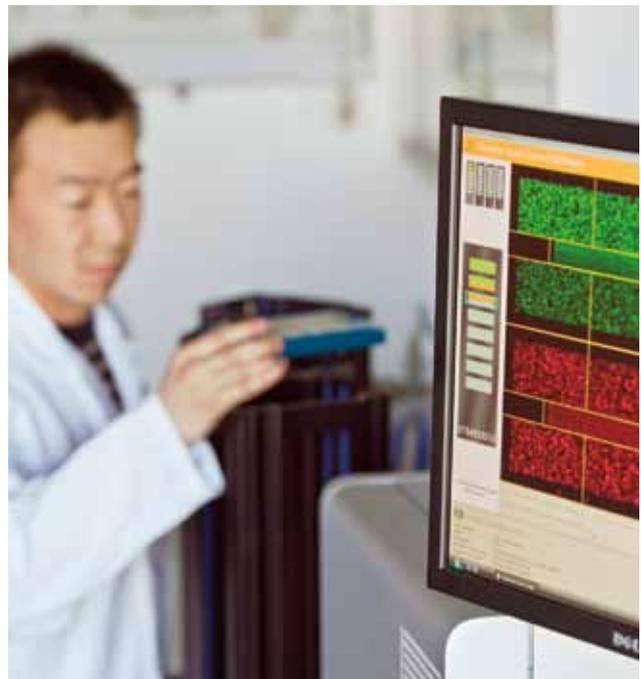


Landsorte
(Guanajuato, Mexiko)

um die Augen vor Augenkarzinomen schützt. Um ein zuverlässiges Vorhersagemodell zu entwickeln, greifen die Tierwissenschaftler ebenfalls auf SNPs als Genmarker zurück. Weil die dafür notwendigen Analyse-Technologien schon länger als beim Mais verfügbar sind, kann der Doktorand Hubert Pausch rund 800.000 solcher variablen Basenpaare untersuchen. Zudem stehen dem Wissenschaftler für jeden Fleckvieh-Bullen ausführliche Informationen zu äußeren Merkmalen zur Verfügung. Geliefert werden sie von der Bayerischen Landesanstalt für Landwirtschaft, die sich ebenfalls an Synbreed beteiligt. Die Behörde ist zentrale Anlaufstelle für die Registrierung von Zuchtbullen in Bayern und Österreich und erhebt in regelmäßigen Abständen die verschiedensten Eigenschaften und Leistungsmerkmale für jedes einzelne Tier, darunter auch die Augenpigmentierung.

Personal Genomics – Partnerwahl nach Genomprofil

Am Ende zählt statistisches Können: Den Effekt der SNPs, diesen kleinen, aber feinen Unterschieden im Genprofil, auf das gesuchte Züchtungsmerkmal schätzt Pausch mithilfe von mathematischen Modellen. Dazu gehört viel statistisches Know-how und die Geduld, verschiedene Rechenmodelle auszuprobieren. Denn für jede Forschungsfrage ▶



Mit DNA-Schnipseln beschichtete Chips können spezifische DNA-Sequenzen festhalten, die rot und grün aufleuchten und so anzeigen, ob sich ein Genmarker in der Gewebeprobe befindet



Fotos: Bayern-Genetik GmbH; edlundsapp

Die Erbsubstanz zweier Fleckvieh-Bullen ist zu 99,9 Prozent identisch. Trotzdem bleiben noch drei Millionen Unterschiede, die für die Züchtung relevant sein können. Mit molekulargenetischen Verfahren können die Synbreed-Wissenschaftler etwa 800.000 davon untersuchen

muss neu bestimmt werden, welches statistische Verfahren die höchste Vorhersagekraft bietet. „Am Anfang steht man zunächst vor einem riesigen Datenberg. Im Laufe der Berechnungen werden aber Verteilungsmuster sichtbar, die Licht in die Daten bringen“, sagt Hubert Pausch. Am Ende kann man praktisch schon zum Zeitpunkt der Geburt das genetische Potenzial eines Jungtieres, also seinen Zuchtwert, mit einer zum Teil beachtlichen Sicherheit bestimmen. Für die Züchter ein klarer Vorteil: Denn ein solcher genomischer Zuchtwert liefert schon früh die Entscheidungsgrundlage, um die besten Kreuzungspartner auszuwählen.

Tierwissenschaftler Ruedi Fries erhofft sich von der Weiterentwicklung der genomischen Evaluation aber noch mehr: Er rechnet mit einer Aufwertung jedes einzelnen Tieres durch die Charakterisierung seiner Erbinformation. „Durch die Kenntnis der in der Erbsubstanz angelegten Stärken und Schwächen können die Landwirte viel gezielter auf die jeweiligen Bedürfnisse des einzelnen Tieres eingehen, zum Beispiel bei Ernährung oder Vorsorge“, sagt Fries. Mittlerweile werden nicht mehr nur Zuchtbullen typisiert, auch die genetischen Fingerabdrücke von Kühen werden im Rahmen der Züchtungsforschung zunehmend erhoben. „Für Tierärzte könnte es in Zukunft die Betreuung

einer Herde vereinfachen, wenn die individuellen Genprofile der Tiere Auskunft über Erbdefekte oder die Anfälligkeit für Krankheiten geben“, ist sich Fries sicher. Möglich wird die Typisierung im großen Stil und damit das Konzept Personal Genomics durch Technologiesprünge bei der Entschlüsselung des genetischen Codes. Weil Sequenzierautomaten immer leistungsfähiger werden, sinken auch die Kosten pro erfasster Base – in den letzten fünf Jahren mindestens um den Faktor tausend.

Nützliche Vielfalt

Die Erfahrungen der Tierzüchter machen sich die Synbreed-Forscher zunutze, um auch für Maissorten und Hühnerrassen genomische Zuchtwerte zu etablieren. Schön und ihre Kollegen haben dafür Pionierarbeit geleistet: Die SNP-Technologie musste zunächst an die Eigenheiten der Pflanzenzüchtung angepasst werden. Zudem haben die Wissenschaftler in umfangreichen DNA-Sequenzen akribisch nach den Genmarkern gesucht, die für die Züchtung wirklich relevant sind. Dabei beschränken sich die Wissenschaftler natürlich nicht auf handelsübliche Maissorten. Um den Ertrag zu steigern oder Eigenschaften aus anderen Sorten einzukreuzen, müssen möglichst unterschiedliche genetische Eigenschaften miteinander kombiniert werden.

Erdbeermais
(Deutschland)



Innovationscluster Synergistische Pflanzen- und Tierzuchtung (Synbreed)

Die Erfassung minimaler Variationen in der DNA von Kulturpflanzen und Nutztieren ist ein Weg, um feine Unterschiede aufzuspüren, die eine große Leistung versprechen. Der Innovationscluster Synbreed macht dieses Verfahren für verschiedene Zuchtungsziele bei Mais, Hühnern und Rindern anwendbar. Dafür nutzt das Forschungsnetzwerk nicht nur modernste Technik, sondern bündelt das Know-how von hochkarätigen Wissenschaftlern aus den Agrarwissenschaften, der Molekularbiologie, Bioinformatik und Humanmedizin. Koordiniert wird der Forschungscluster von der Pflanzengenetikerin Prof. Chris-Carolin Schön an der Technischen Universität München. In Synbreed arbeitet sie gemeinsam mit Wissenschaftlern der TUM, des Helmholtz Zentrums München, der Georg-August-Universität Göttingen, der Christian-Albrechts-Universität zu Kiel, der Universität Hohenheim, der Bayerischen Landesanstalt für Landwirtschaft und des Friedrich-Loeffler-Instituts Mariensee; als industrielle Kooperationspartner sind die KWS Saat AG und die Lohmann Tierzucht GmbH beteiligt. Das Bundesministerium für Bildung und Forschung fördert Synbreed im Rahmen der Initiative Kompetenznetze in der Agrar- und Ernährungsforschung über fünf Jahre mit insgesamt zwölf Millionen Euro.



Landsorte
(Jalisco, Mexiko)

Mit der Typisierung von Wildformen oder von Sorten aus anderen Klimazonen vergrößert sich der Genpool, aus dem die Forscher für die Züchtung schöpfen können.

Zum Lehrstuhl von Chris-Carolin Schön am TUM Campus Freising-Weihenstephan gehört deshalb ein Schaugarten, in dem verschiedene Maispflanzen aus der ganzen Welt stehen: Neues Saatgut aus den USA ist darunter, aber auch mexikanische Urtypen, die spektakuläre vier Meter hoch werden. Die Genvielfalt des Maises will die Pflanzengenetikerin nutzen, um Sorten zu züchten, die resistent gegen Dürre oder gegen Schädlinge sind. Gentechnische Veränderungen der Erbanlagen sind dafür nicht notwendig. „Wir bleiben – wie in der klassischen Züchtung – im genetischen Pool der gleichen Art“, stellt Schön fest. In einem Vorgängerprojekt war sie damit bereits erfolgreich: Mithilfe von Genmarkern konnten die Genomabschnitte identifiziert werden, die Weizenpflanzen vor dem Schimmelpilz *Fusarium* schützen, der das Korn vergiftet. Damit wurde die Grundlage für neue Sorten gelegt, die an mitteleuropäische Wachstumsbedingungen angepasst und trotzdem gegen den Pilz immun sind.

Auch beim Mais stimmen erste Anbauergebnisse die Pflanzengenetikerin optimistisch: Im vergangenen Jahr haben Chris-Carolin Schön und ihre Kollegen die ge-

nombasierte Züchtung zum ersten Mal erprobt. In einem großflächigen Anbauversuch wurde der Ertrag von 1.300 Parzellen mit jeweils 100 Maispflanzen gemessen. Das Ergebnis: Hatten die Wissenschaftler die Genomprofile in die Ertragsvorhersage einbezogen, erreichten sie innerhalb einzelner Pflanzenfamilien eine Treffgenauigkeit von bis zu 75 Prozent – und lagen damit deutlich höher als bei einer Vorhersage allein auf Grundlage der Stammbaum-Informationen. „Die genomische Selektion hat das große Potenzial, langwieriges Trial-and-Error zu verkürzen“, sagt Schön.

Auf Anbauversuche kann und will die Pflanzengenetikerin aber nicht verzichten. Denn die Vorhersage-Modelle müssen dennoch trainiert, das heißt auf dem Feld geprüft und nachjustiert werden. Vor allem wenn es darum geht, die für den Kornertrag gewonnenen Erkenntnisse für andere komplexe Eigenschaften zu erproben: In ihren laufenden Feldversuchen will Chris-Carolin Schön deshalb nicht nur den Ertrag von Maispflanzen vorhersagen, sondern auch ihre Resistenz gegenüber dem Maiszünsler, dessen Raupen zu den hartnäckigsten Getreideschädlingen gehören. Ab Ende September wird sich zeigen, ob die Wissenschaftlerin auch dieses Mal richtig gelegen hat.

Undine Ziller