


Link
plantbreeding.wzw.tum.de

Das Team analysiert statt einzelner Gene ganze DNA-Profile: Es vergleicht dazu viele Maislinien und sucht in den Profilen nach Mustern, die sich vorteilhaften Eigenschaften zuordnen lassen.



Intelligente Pflanzenzüchtung: Die Suche nach der Nadel im Heuhaufen

Es ist ein kompliziertes – und heute meist noch völlig unbekanntes – Puzzle aus verschiedenen Genen, das für bestimmte Eigenschaften von Pflanzen verantwortlich ist. Ein interdisziplinäres Team um Prof. Chris-Carolin Schön nutzt an der TUM School of Life Sciences in Weihenstephan Methoden des maschinellen Lernens, um Millionen von Kombinationen auszuwerten. Damit suchen sie nach den besten Genen für besonders leistungsfähige Maispflanzen.

Sie wollen eine stilvolle Deckenleuchte fürs Wohnzimmer? Oder interessieren sich für E-Bikes, Smartphones, ein spannendes Hörbuch? Das Internet listet für jede Suchanfrage eine große Auswahl der gewünschten Produkte auf, häufig gefolgt von dem Hinweis: „Kunden, die diesen Artikel angesehen haben, kauften auch...“. Die empfohlenen Angebote passen meist erstaunlich gut zu den eigenen Vorlieben. Das gelingt, weil täglich Abermillionen Suchanfragen gesammelt und mit persönlichen Angaben der Internetnutzer abgeglichen werden – von der Schuhgröße über den Wohnort bis zum jüngsten Reiseziel. Mathematische Algorithmen durchforsten diesen gigantischen Datenpool nach auffälligen Verknüpfungen und nutzen wiederkehrende Muster. So lässt sich das Kaufverhalten der Kundinnen und Kunden erforschen und beeinflussen.

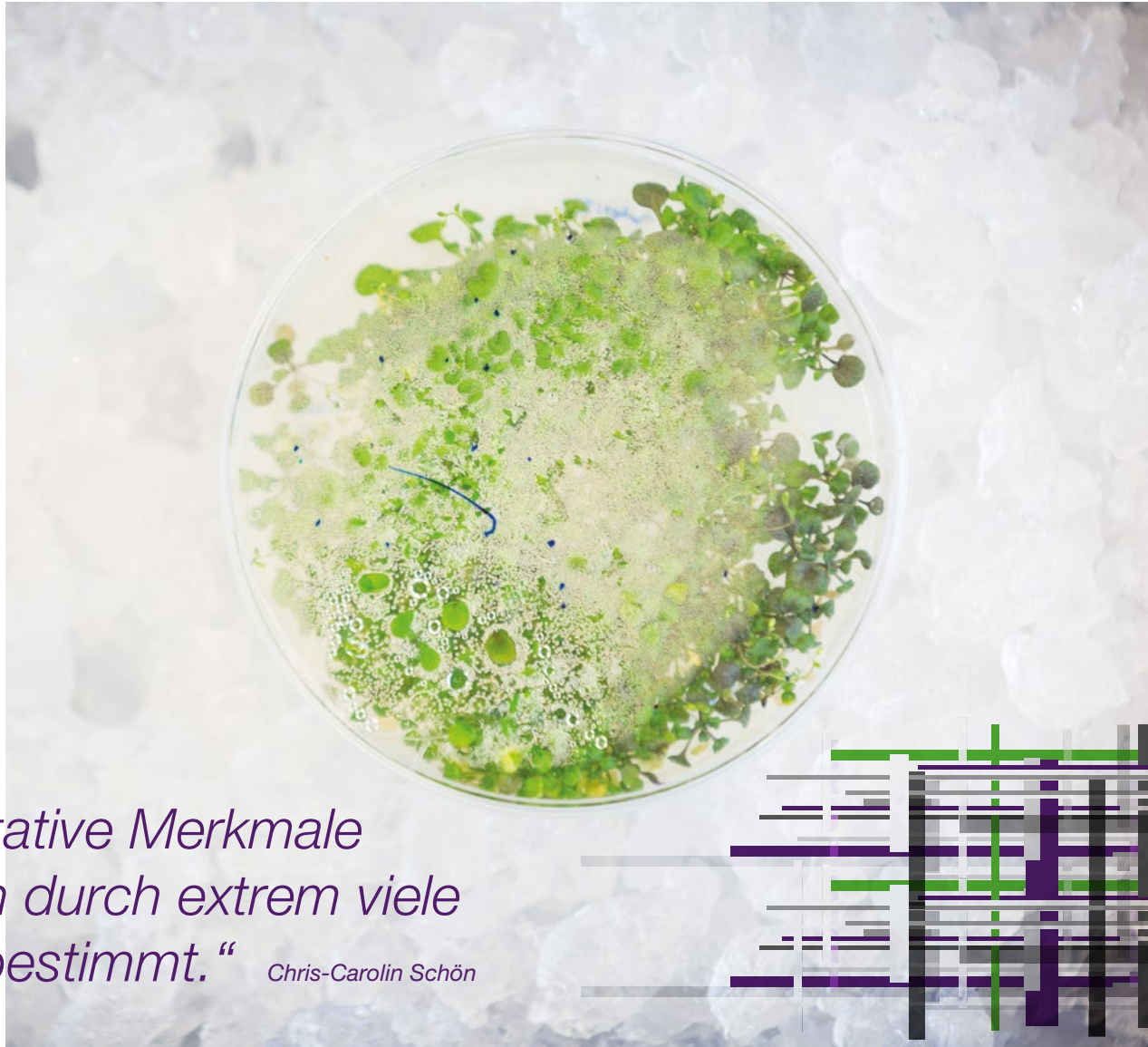
„Wir arbeiten mit ähnlichen mathematischen Modellen, um damit die Eigenschaften neuer, unbekannter Pflanzenlinien vorherzusagen“, erklärt Prof. Chris-Carolin Schön. Die Professorin für Pflanzenzüchtung erforscht am Wissenschaftszentrum Weihenstephan für Ernährung, Landnutzung und Umwelt der TUM wichtige Nutzpflanzen wie Mais und Sonnenblumen. „Sie sollen auch in Zeiten des Klimawandels gut gedeihen und hohe Erträge bringen“, betont die Agrarwissenschaftlerin. „Wir brauchen robuste und ans jeweilige Klima angepasste Sorten, um die Ernährung einer wachsenden Weltbevölkerung zu sichern und dabei den Einsatz von Wasser, Energie und Agrochemikalien so gering wie möglich zu halten.“



Aus drei regional verbreiteten Maislandrassen haben die Forscherinnen und Forscher knapp tausend Linien produziert, die dann genetisch analysiert wurden.

An den jungen Pflanzen maßen sie bei jeder Maislinie Kältetoleranz und frühe Jugendentwicklung: wichtige Eigenschaften für den umweltgerechten Anbau.





„Quantitative Merkmale werden durch extrem viele Gene bestimmt.“ *Chris-Carolin Schön*

Schön und ihr Team untersuchen neben Mais noch andere wichtige Nutzpflanzen wie Roggen und Sonnenblumen.

Bildquelle: Tom Freudenberg/TUM; Grafiken: edlundsepp

Mais gehört weltweit zu den wichtigsten Kulturarten zur Erzeugung von Lebensmitteln, Viehfutter und Biogas. Allerdings bringt sein Anbau in Mitteleuropa ökologische Probleme mit sich: Weil er spät ausgesät wird und anfangs wegen seines hohen Wärmebedürfnisses langsam wächst, drohen Bodenerosion und die Auswaschung von Nährstoffen. Zudem werden die jungen Maispflänzchen leicht von Wildkräutern überwachsen, was den Einsatz von Herbiziden notwendig macht.

„Diesen Problemen könnten wir mit neuen, kältetoleranten Züchtungen entgegenwirken, die einen früheren Aussaattermin und eine schnellere Jugendentwicklung zu Beginn der Vegetationsperiode ermöglichen“, erklärt Schön. Auch auf den Blühzeitpunkt komme es an, so die Agrarwissenschaftlerin: „Um sommerlichen Trockenzeiten zu entgehen, sollten die Pflanzen früh zu blühen beginnen – allerdings nicht zu früh, denn das geht auf Kosten des Ertrags. Den optimalen Zeitpunkt zu treffen, ist kompliziert.“ ▶

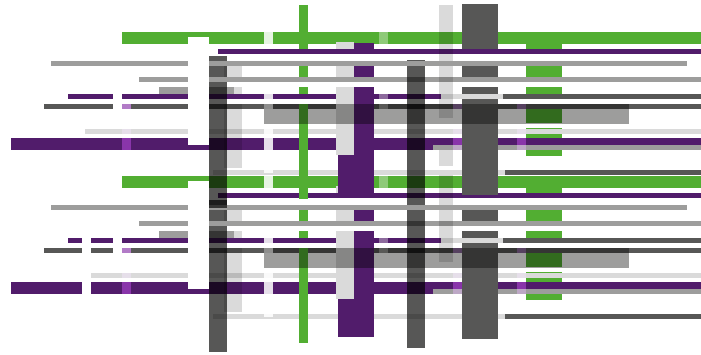


Jugendentwicklung, Robustheit, Blühzeitpunkt und Ertrag sind typische quantitative Merkmale. Will heißen: Es gibt fließende Übergänge zwischen schnell oder langsam wachsenden, robusten oder anfälligen, früh oder spät blühenden, ertragreichen oder -armen Pflanzen. Welche genetischen Faktoren die Ausprägung dieser Merkmale steuern, ist bis heute unklar. „Wir kommen immer mehr zu der Erkenntnis, dass quantitative Merkmale durch extrem viele Gene bestimmt werden, die in komplizierter Weise miteinander wechselwirken. Deshalb analysieren wir statt einzelner Gene inzwischen ganze DNA-Profile. Dazu vergleichen wir die Profile möglichst vieler unterschiedlicher Maislinien und suchen darin nach Mustern, die sich vorteilhaften Eigenschaften zuordnen lassen“, erläutert die Professorin.

Für die Charakterisierung von Pflanzenmerkmalen gilt dasselbe Prinzip wie für die Vorhersage von Kundenwünschen: Je größer der Datensatz, umso präziser die Prognosen, die sich daraus ableiten lassen. Deshalb haben die Weihenstephaner Pflanzenzüchter aus drei ursprünglich regional verbreiteten Maislandrassen knapp tausend Linien produziert. Proben aus jeder dieser Linien wurden an ein deutsches Speziallabor geschickt, das umfangreiche DNA-Profile erstellt hat. „So kennen wir jetzt von jeder Linie 600.000 Datenpunkte entlang des Genoms“, erklärt Armin Hölker. Der Agrarwissenschaftler hat sich während seiner Masterarbeit intensiv mit Methoden der Pflanzenzüchtung vertraut gemacht. Nun arbeitet er als Doktorand im Labor von Schön daran, aus den genetischen Daten der Maislinien Rückschlüsse auf ihre züchtungsrelevanten Merkmale zu ziehen.

„Es geht darum abzuschätzen, welchen Beitrag jede einzelne genetische Komponente zum Ertrag oder zu anderen züchtungsrelevanten Merkmalen leistet“, erläutert Hölker. Damit diese Abschätzung gelingt, braucht er von möglichst vielen Maislinien neben dem DNA-Profil auch die Messdaten über das zugehörige Erscheinungsbild einer jeden Linie. Deshalb wurden von allen genetisch charakterisierten Maislinien am Versuchsgut Roggenstein der TUM insgesamt mehr als 80.000 Pflanzen ausgesät.

◀ **Am Versuchsgut Roggenstein der TUM** wurden von den knapp 1000 genetisch charakterisierten Maislinien insgesamt mehr als 80.000 Pflanzen ausgesät, um das Erscheinungsbild einer jeden Linie zu prüfen.



Ähnliche Versuche gab es verteilt von Norddeutschland bis Nordspanien auch an zehn weiteren Standorten. Nachdem die Saat ausgekeimt war, hatten Hölker und seine Kollegen alle Hände voll zu tun: „Wir haben bei jeder einzelnen Maislinie Kältetoleranz und frühe Jugendentwicklung gemessen, dazu noch weitere agronomische Merkmale wie Standfestigkeit, Blühzeitpunkt, Kolbenreife, Ertrag und maximale Wuchshöhe.“

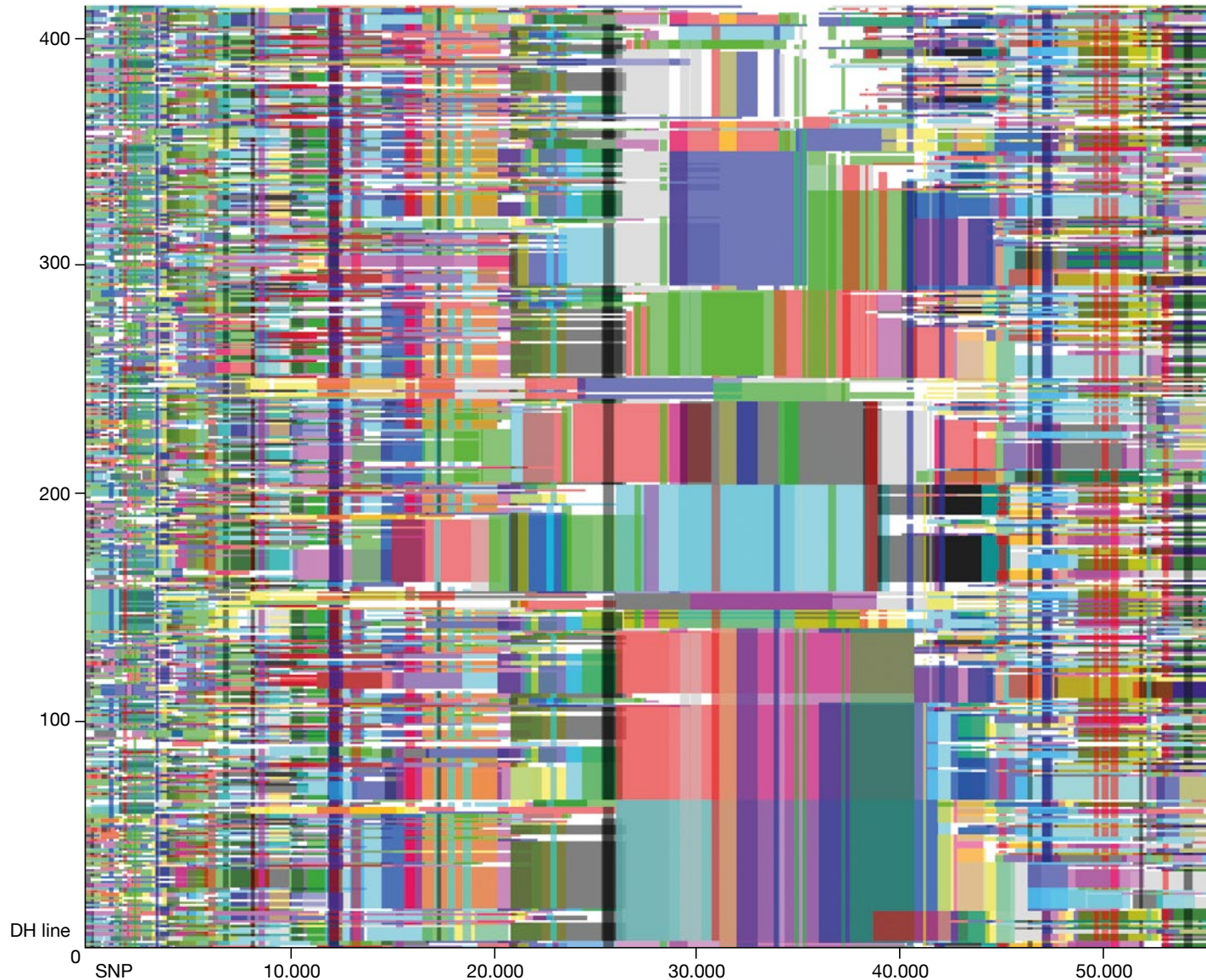
Dieser umfangreiche Satz an Messdaten bildete zusammen mit den zugehörigen DNA-Profilen jeder Maislinie die Datenmatrix für Hölkers mathematisches Modell. Mit statistischen Methoden trifft es Aussagen darüber, welche DNA-Profile mit hohen Erträgen, einer schnelleren Jugendentwicklung oder sonstigen quantitativen Merkmalen einhergehen. „Training“ nennt der Doktorand diesen Prozess. Denn anhand des Datensatzes „lernt“ das Modell, die Gendaten mit den im Feldversuch gemessenen Eigenschaften abzugleichen und möglichst präzise zuzuordnen. Im nächsten Schritt muss es sich dann an den DNA-Profilen von Maislinien mit unbekanntem Erscheinungsbild bewähren. Denn genau das ist ja der Sinn der Sache: Die intelligenten Prognosemodelle sollen an die Stelle der aufwändigen Merkmalerfassung treten. „So können wir künftig bei tausenden unbekanntem Maislinien allein anhand ihrer genetischen Daten beurteilen, ob sie sich für die Züchtung neuer, besser angepasster Sorten eignen. Das spart Zeit und Geld“, erklärt Hölker. ▶

Genomische Selektion: Das Gesamtbild im Blick

Das Maisgenom besteht aus 2,3 Milliarden DNA-Bestandteilen alias Nukleotiden, die sich auf zehn Chromosomen verteilen. Nur ein Bruchteil dieser Nukleotide hat sich zu kodierenden Einheiten zusammengefunden, die wir als Gene bezeichnen. Der weitaus größte Teil hat keine oder eine bislang nicht bekannte kodierende Funktion.

Dennoch lassen sich auch diese Nukleotide zur Vorhersage bestimmter Eigenschaften nutzen. Denn ihre Gesamtheit und Abfolge bildet in jeder Maislinie ein spezielles Muster, das sich von demjenigen in allen anderen Maislinien unterscheidet. Im Bild unten sind mehr als 70.000 identifizierte genomische Marker (waagrechte Achse) aus einer Maislandrasse mit 409 Individuen (senkrechte Achse) zu sehen. Der dargestellte genomische Bereich stellt das gesamte Chromosom 1 dar (insgesamt hat Mais 10 Chromosomen).

Kennt man das Nukleotid-Muster einer besonders ertragreichen oder trockenoleranten Maislinie, dann werden Pflanzen mit ähnlichem Muster sehr wahrscheinlich ähnlich ertragreich oder trockenolerant sein. Somit kann man allein anhand solcher Muster in einer Vielzahl von Pflanzen mit unbekanntem Erscheinungsbild jene Varianten aufspüren, welche die erwünschten Eigenschaften tragen. Die Vorteile dieses Verfahrens – man bezeichnet es als genomische Selektion – sind offensichtlich: Man kann damit ertragreiche von weniger ertragreichen Pflanzen unterscheiden und selektieren, ohne zuvor ihr Erscheinungsbild im Feldversuch zu begutachten.



Der umfangreiche Trainingsdatensatz aus DNA-Profilen und Merkmalsbeschreibungen eignet sich nicht nur dazu, die Qualitäten unbekannter Pflanzenlinien vorherzusagen. „Der Charme dabei ist: Dieselben Daten helfen uns auch dabei, die genetischen Mechanismen hinter bestimmten Eigenschaften aufzuklären“, erklärt Schön: „Dabei betrachten wir den Mais als Modellpflanze und beantworten daran grundlegende Fragen, die sich auch bei allen anderen Kulturpflanzen stellen: Wie gehen Pflanzen mit Trockenstress um? Wachsen trockenresistente Pflanzen auch unter optimalen Bedingungen gut und liefern hohe Erträge? Was wir herausbekommen, ist für alle Pflanzenzüchter von Interesse – ob sie nun nach neuen Sorten von Zuckerrüben, Wei-

zen oder Sonnenblumen suchen.“ Sicherlich könne man mit neuen Pflanzensorten nicht den Klimawandel stoppen, räumt die Forscherin der TUM ein. Dennoch sei es immens wichtig, nachhaltige Methoden der Nahrungsmittelproduktion zu entwickeln, so die Agrarwissenschaftlerin: „Wenn wir es schaffen, den Input an Nährstoffen, Pflanzenschutzmitteln, Energie und Wasser zu reduzieren, dann ist schon viel gewonnen!“

■ *Monika Offenberger*



Prof. Chris-Carolin Schön

Sie studierte Allgemeine Agrarwissenschaften an der Universität Hohenheim und schloss an der Oregon State University, USA, 1990 mit dem Master of Science ab. 1993 wurde sie an der Universität Hohenheim promoviert und wirkte anschließend drei Jahre lang als Koordinatorin neuer Technologien bei der KWS SAAT SE. Zwischen 1996 und 2007 war sie Leiterin der Landessaatzuchtanstalt der Universität Hohenheim und habilitierte sich im Fach Pflanzenzüchtung. Als Gastwissenschaftlerin forschte sie am Molecular Plant Breeding CRC in Adelaide, Australien. Seit 2007 ist sie Ordinaria für Pflanzenzüchtung an der TUM. 2009 erhielt sie zudem einen Ruf an die Universität für Bodenkultur Wien, 2015 an die Heinrich-Heine-Universität Düsseldorf.
