Steigerung von Produktivität und Nachhaltigkeit – Die Pflanzenzüchtung kann das

Chris-Carolin Schön

Zusammenfassung

Die moderne Pflanzenzüchtung erzeugt sehr erfolgreich und mit großer Kontinuität genetisch verbesserte Sorten. Diese Sorten sind hochproduktiv und ressourceneffizient. Die gleichzeitige Verbesserung von Produktivität, Umweltverträglichkeit und Nachhaltigkeit ist möglich, solange Zuchtziele eindeutig definiert werden können. Aufgrund unterschiedlicher Erwartungen von Landwirten, Verbrauchern oder anderen gesellschaftlichen Gruppen an die genetische Ausstattung von Sorten ergeben sich jedoch teilweise Zielkonflikte. In diesem Beitrag werden beispielhaft die wichtigsten Zuchtziele der Pflanzenzüchtung sowie daraus entstehende Zielkonflikte, z. B. zwischen Produktivität, Wassernutzungs- und Nährstoffeffizienz, aber auch zwischen kurzfristigem Selektionserfolg und langfristigem Erhalt der genetischen Diversität, vorgestellt. Neue Methoden der Phänotypisierung und Genotypisierung, die einen hohen Durchsatz und eine Beschleunigung der Selektion ermöglichen, können dazu beitragen, derartige Zielkonflikte zu lösen. Darüber hinaus können markergestützte Selektion und Genomeditierung künftig dabei helfen, die in den Kulturarten verfügbare genetische Variation optimal zu nutzen und neue Variation zu schaffen.

Summary

Increasing productivity and sustainability via modern plant breeding

Genetic improvement of crops plays a pivotal role in meeting challenges arising from human population growth, increasing consumption, climate change and depletion of natural resources. Modern plant breeding has been very successful in generating new varieties that are resource efficient and highly productive. Simultaneous improvement of productivity and sustainability is possible as long as breeding goals are clearly defined. As a consequence of divergent expectations from growers, consumers and stakeholders conflicts of interest can arise in the choice of breeding goals. Here, conflicting goals and trade-offs with respect to productivity and resource efficiency as well as between short and long term breeding strategies will be discussed. High-throughput phenotyping and genotyping methods that increase selection gain per unit time offer solutions for increasing the efficiency of breeding programs. In addition, recent advancements in genome-based prediction and genome editing can make native diversity accessible for breeding and can broaden the genetic diversity of our crops.

✉ Prof. Dr. Chris-Carolin Schön, Technische Universität München, Lehrstuhl für Pflanzenzüchtung, Liesel-Beckmann-Straße 2, 85354 Freising; chris.schoen@tum.de

Rundgespräche Forum Ökologie, Bd. 48 »Ökologie und Bioökonomie«, S. 47–58.
© 2019 Verlag Dr. Friedrich Pfeil, München – ISSN 2366–2875 – ISBN 978–3–89937–246–5

Einführung

Die Prozesse der Pflanzenzüchtung sind für jede Kulturart maßgeschneidert. Während bei Kulturarten wie Mais oder Futtergetreide vor allem Ertragsparameter wie Erntemenge und Ertragsstabilität im Fokus stehen, ist es bei Obst und Gemüse häufig die Qualität in Form von Inhaltsstoffen, Verarbeitungseigenschaften und Aussehen. Einige Kulturarten, wie z. B. der Mais, werden nur von wenigen Krankheiten und Schädlingen heimgesucht, während für andere eine umfangreiche Resistenzzüchtung gegen Viren, Bakterien, Pilze oder Insekten unerlässlich ist. Feldfrüchte müssen externen Faktoren wie Kälte oder Trockenheit trotzen und sollten auch auf marginalen Standorten mit geringer Nährstoffversorgung einen akzeptablen Ertrag liefern. Auch müssen unterschiedliche Nutzungsrichtungen einer Art berücksichtigt werden. So kann Mais für die Körnernutzung, als Energie- oder als Silomais angebaut werden. Letzterer dient als Futtermittel und in jüngster Zeit wird versucht, Stärke und Protein zu kombinieren und Mais in Gemeinschaft mit der Bohne auf derselben Fläche anzubauen (Leiser et al. 2019). Die Zuchtziele für die unterschiedlichen Nutzungsformen unterscheiden sich stark und sind nicht in einer Pflanze zu vereinen. Es müssen also für jede Nutzungsrichtung getrennte Zuchtprogramme aufgelegt werden.

Für die Zulassung einer neuen Weizensorte werden mehr als 20 verschiedene Merkmale geprüft, bei Kartoffeln sind es bis zu 40 wertgebende Eigenschaften. All diese Merkmale müssen in einer Sorte zusammengeführt werden, was die Pflanzenzüchtung vor große Herausforderungen stellt. Nehmen wir an, es sollen bei einem Selbstbefruchter wie dem Weizen 20 Merkmale gleichzeitig verbessert werden. Wenn jedes dieser Merkmale von nur einem Gen mit zwei Allelen bestimmt wird, dann haben wir bereits mehr als eine Million mögliche genetische Kombinationen und nur ein Genotyp trägt die bessere der zwei Varianten an allen 20 Genen und damit für alle 20 Merkmale. Die gleichzeitige Verbesserung von verschiedenen Merkmalen ist somit ein hochdimensionales Optimierungsproblem. Für die optimale Gestaltung von Zuchtprozessen bedarf es daher exzellenter theoretischer Grundlagen, den Einsatz innovativer Methoden und eine ausreichende Dimensionierung der Zuchtprogramme im Hinblick auf die Anzahl Prüfkandidaten und Prüfumwelten. Soll Züchtung dezentral in vielen kleinen Einheiten organisiert werden, wie es beispielsweise für das Konzept der partizipativen Züchtung vorgeschlagen wird (z. B. Wilbois 2011), können in den jeweiligen Umwelten lokal angepasste Kulturarten und Sortenkandidaten züchterisch bearbeitet werden. Die Idee ist, durch Beteiligung vieler lokaler Landwirte am Züchtungsprozess der zunehmenden Konzentration von Züchtungsaktivitäten in großen, global agierenden Unternehmen entgegenzuwirken, um eine größere Diversität an Arten und Sorten bereitzustellen. Abhängig vom Grad der Dezentralisierung stellt die Zusammenführung der Ergebnisse der beteiligten Züchter jedoch eine große Herausforderung dar, und es muss hinterfragt werden, ob mit der partizipativen Züchtung allein ausreichend Zuchtfortschritt generiert und die steigenden Anforderungen an die Produktion von Nahrungs- und Futtermitteln befriedigt werden können.

Der Zuchtfortschritt oder Selektionsgewinn ist messbar und hängt maßgeblich von drei Faktoren ab: der Selektionsintensität, der genetischen Vielfalt, aus der selektiert wird, und der Korrelation zwischen vorhergesagtem und wahrem genetischem Wert, d. h. zwischen dem, was wir im Gewächshaus oder Feld messen oder auf Basis von DNA vorhersagen, und dem, was genetisch tatsächlich in den Selektionskandidaten steckt.

Im Folgenden soll zunächst gezeigt werden, welche Zuchtfortschritte in der Vergangenheit sowohl bezüglich Produktivität als auch Ressourceneffizienz erzielt werden konnten. Danach werden aktuelle und zukünftige Entwicklungen aufgezeigt, die die Pflanzenzüchtung nutzt, um eine nachhaltige pflanzliche Produktion unter sich stark verändernden Rahmenbedingungen zu gewährleisten.

Steigerung von Produktivität und Ressourceneffizienz

Die Entwicklung einer neuen Sorte dauert bei einjährigen Arten 7–12 Jahre, bei mehrjährigen Arten wie Wein oder Obstgehölzen sehr viel länger. Die jährlichen Zuwächse im Ertrag unterscheiden sich je nach Fruchtart und Land. Die Pflanzenzüchtung ist in ihrer Forschungs- und

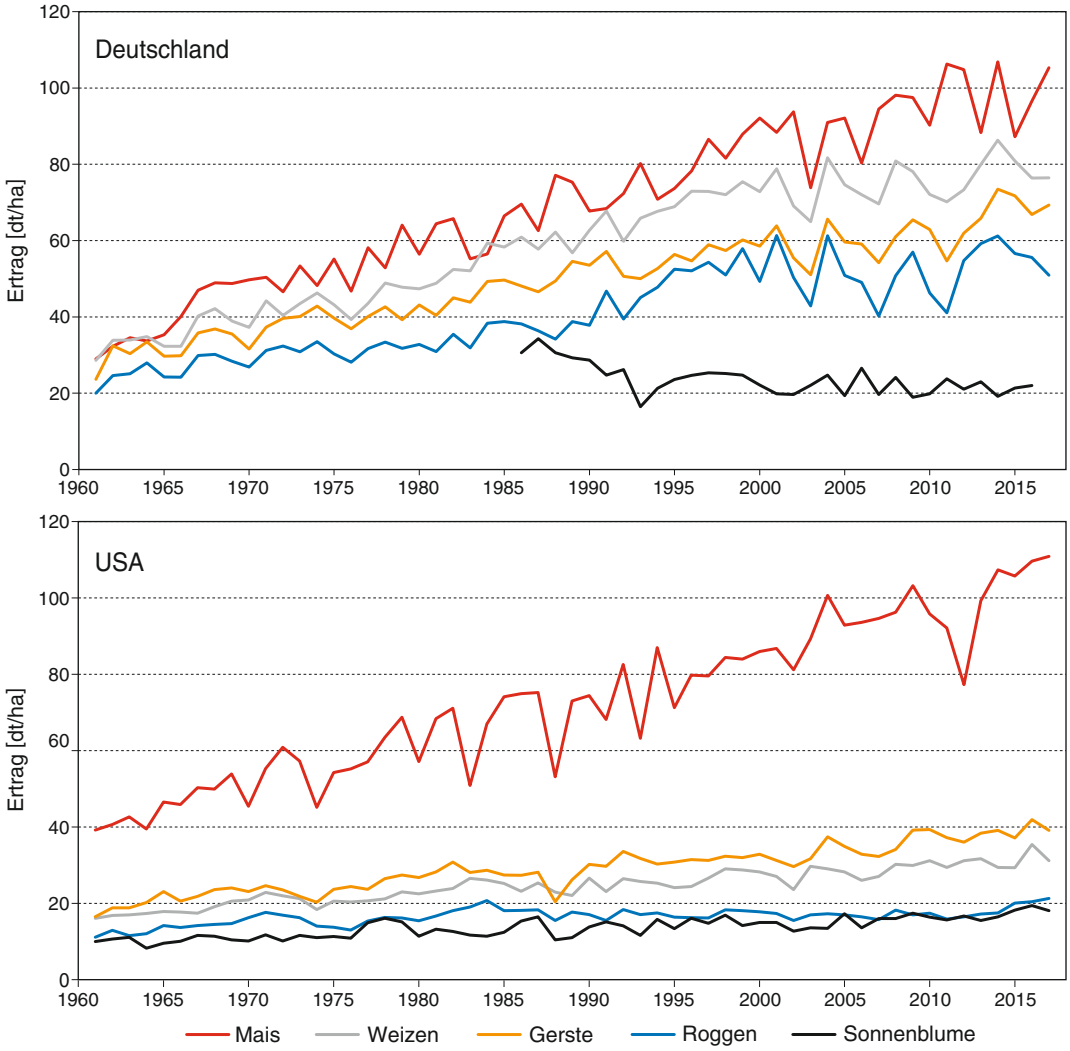

Abb. 1. Ertragsentwicklung (in Dezitonnen/Hektar) von 1960 bis 2017 für Mais, Weizen, Gerste, Roggen und Sonnenblume in Deutschland und den USA. – FAOSTAT 2019.

Entwicklungsarbeit sehr erfolgreich, wie Abbildung 1 klar erkennen lässt. Die Unterschiede in der Ertragsentwicklung zwischen Deutschland und den USA spiegeln die Unterschiede in der Züchtungsintensität bei den verschiedenen Kulturarten wider. Während Hybridsorten bei Mais ähnliche Ertragszuwächse aufweisen, unterscheiden sich der Zuchtfortschritt bei Weizen, Gerste und Roggen erheblich. Dies ist vor allem darin begründet, dass die genetische Weiterentwicklung dieser Arten in Europa hauptsächlich von Privatunternehmen geleistet wird, in den USA jedoch zumeist in öffentlicher Hand liegt. Bei der Sonnenblume ist auch in Deutschland fast kein Ertragszuwachs zu verzeichnen, da aufgrund ihrer geringen Anbaufläche (2018 waren es nur noch knapp 20 000 Hektar) nur mit geringer Intensität gezüchtet wird. Sind die Anbauflächen gering oder kann wie bei den Linien- oder Populationssorten eigenes Saatgut von den Landwirten nachgebaut werden, ist eine Investition in Forschung und Entwicklung nicht rentabel, d.h., es wird nur in geringem Umfang in die Züchtung investiert.

Ressourceneffizienz: Wassernutzung

Langfristig gesehen werden Sortenneuentwicklungen durch wiederholtes Testen in unterschiedlichen Umwelten an das sich verändernde Klima angepasst. Lokal war der Trockenstress der letzten Jahre jedoch teilweise extrem; so zum Beispiel 2012 in den USA, 2015 in Bayern oder 2018 in Niedersachsen. In Europa liegt schon jetzt ein großer Teil der Anbauflächen in Gebieten, die durch Trockenheit gefährdet sind. Die Wassernutzungseffizienz wird somit zum zentralen Nachhaltigkeitsfaktor im Anbau unserer Kulturarten und die Züchtung muss darauf reagieren. Am Beispiel Wassernutzungseffizienz soll der Zielkonflikt zwischen Produktivität und Ressourceneffizienz aufgezeigt werden.

In Abhängigkeit vom zeitlichen Auftreten und der Ausprägung des Wassermangels verfügen Pflanzen über unterschiedliche Strategien, die Ressource Wasser optimal zu nutzen (Ferreira et al. 2017), ihr genetisches Potenzial ist jedoch noch nicht ausgeschöpft (Blankenagel et al. 2018). Bei mildem Trockenstress sorgen ein höherer Chlorophyllgehalt in den Blättern und die leicht reduzierte Öffnung der Stomata dafür, dass Photosynthese und Wachstum bei hoher Wassernutzungseffizienz aufrechterhalten werden. Bei starkem Trockenstress schließt die Pflanze die Stomata und verringert ihre Oberfläche durch Einrollen der Blätter. Dies führt zu extrem vermindertem Wachstum, kann jedoch eine Überlebensstrategie sein, um mit dem wenigen verfügbaren Wasser hauszuhalten.

Auch das Wurzelwachstum kann an trockene Umwelten angepasst werden. Tiefer reichende Wurzeln erreichen tiefere Wasserschichten, jedoch geht die Investition in Wurzeln häufig zu Lasten der oberirdischen Pflanzenteile und reduziert die Produktivität von Pflanzen in Jahren mit ausreichender Wasserverfügbarkeit. Auch gibt es einen Zielkonflikt zwischen den Mechanismen zur Bewältigung von Trocken- und Hitzestress. Zwar spart das Schließen der Stomata und die Verringerung der Blattfläche bei Trockenstress Wasser, verringert aber auch die Kühlung durch Transpiration bei Hitze. Daher sind die Vermeidungsmechanismen für lange und intensive Trockenperioden bei temporärem und/oder mildem Stress eher von Nachteil. In Jahren mit starkem Trockenstress wären Pflanzen mit einem solchen Vermeidungsmechanismus zwar gut angepasst, aber in Jahren mit nur mildem Trockenstress ist ein anderer Schutzmechanismus nötig. Sorten mit allumfassenden Schutzmechanismen, die jedwedem externen Unbill trotzen, sind nicht realisierbar. Daher setzt die Züchtung vermehrt auf spezialisierte, management- und umweltangepasste Sorten, die auf der Basis von Wachstumsmodellen und Fernerkundungstechnologien entwickelt werden.

Die Umweltabhängigkeit einzelner Gene und ihrer allelischen Effekte haben Millet et al. (2016) über zwei Jahre mit 250 Maisgenotypen an 16 Orten getestet. Kühle Regionen, Regionen mit heißen Tagen und kühlen Nächten und durchweg heiße Regionen bildeten drei unterschiedliche klimatische Szenarien. Die Autoren konnten zeigen, dass es quantitative trait loci (QTL)[1] gibt, die in den drei Szenarien unterschiedliche Effekte hatten. Das bedeutet, dass selbst Gene, die bekanntermaßen an der Ausprägung von Stresstoleranzen beteiligt sind, in einer Umwelt positive Effekte und in einer anderen keine oder evtl. sogar negative Effekte haben können. Diesem Sachverhalt Rechnung zu tragen, ist Aufgabe der Pflanzenzüchtung.

Ihre Kritiker merken oft an, dass in der Sortenzüchtung ein zu großes Gewicht auf Produktivität unter maximalem Ressourceneinsatz gelegt würde und Nachhaltigkeit und Ressourceneffizienz zu wenig Berücksichtigung fänden. Betrachtet man jedoch die Ertragsentwicklung von Maishybriden unter optimaler Bewässerung und unter Trockenstressbedingungen während der Blüte bzw. in der Kornfüllungsphase, kann gezeigt werden, dass diese zwar auf unterschiedlichem Niveau, aber weitgehend parallel verlaufen (Duvick 2005). Die Züchtung auf hohen Ertrag unter optimalen Bedingungen führt also auch zu einem Leistungszuwachs, d. h. einer Verbesserung der Sortenleistung, unter nicht-optimalen Bedingungen. Dies konnte in einer umfangreichen Studie auch für Weizen gezeigt werden (Voss-Fels et al. 2019). Der Züchtung gelang es nicht nur unter optimalen Bedingungen, die Produktivität von Weizensorten erheblich zu steigern, sondern auch in Produktionssystemen mit reduziertem

1 QTL: quantitative trait loci (Regionen eines quantitativen Merkmals): Abschnitt eines Chromosoms, für den ein Einfluss auf die Ausprägung eines quantitativen phänotypischen Merkmals nachgewiesen wurde.

Einsatz an Mineraldünger und Pflanzenschutzmitteln. Auch in modernen Sorten der Zuckerrübe ist die Nährstoffeffizienz für Stickstoff, Phosphor und Kalium in den letzten Jahren gestiegen (vgl. Schön 2011). Diese Selektionserfolge unter optimalen und nährstoff- und wasserlimitierten Bedingungen sind das Ergebnis umfangreicher Prüfungen von Sortenkandidaten in vielen verschiedenen Umwelten und unter verschiedenen Anbaubedingungen. Durch Integration umfangreicher Experimente und großer Datenmengen kann Pflanzenzüchtung somit neben der Ertragshöhe auch eine möglichst hohe Ertragsstabilität und Ressourceneffizienz erzielen.

Selektionsintensität

Bei der Dimensionierung von Zuchtprogrammen spielt eine Rolle, wie groß der Anteil an Selektionskandidaten ist, der weitergeführt werden soll. Im Extremfall wäre dies nur der eine beste Genotyp aus vielen tausend Kandidaten. Im Hinblick auf die Sortenentwicklung erscheint dies eine sinnvolle Strategie, da der Selektionserfolg umso größer ist, je schärfer wir selektieren, d. h. je weniger Individuen wir weiterführen. Langfristig müssen wir aber auch ausreichend Variation für die Selektion in zukünftigen Zuchtzyklen bewahren. Es gibt also einen Zielkonflikt zwischen kurzfristiger und langfristiger Strategie.

In den letzten Jahren wurden neue Werkzeuge zur Erhöhung der Selektionsintensität entwickelt, die in der modernen Pflanzenzüchtung breite Anwendung finden. So liegen von vielen bedeutenden Fruchtarten inzwischen Genomsequenzen vor, auf Basis derer sogenannte DNA-Arrays zum Ablesen von DNA-Profilen einzelner Pflanzen entwickelt wurden (Ganal et al. 2011, Unterseer et al. 2014). Für diese Arten stehen unzählige SNP-Marker[2] zur Verfügung, mittels derer eine effiziente genombasierte Selektion im Labor statt auf dem Feld durchgeführt werden kann. Die genombasierte Selektion wurde ursprünglich in der Tierzucht entwickelt (Meuwissen et al. 2001) und wird heute auch in der Pflanzenzüchtung erfolgreich angewendet (Albrecht et al. 2014). Zunächst werden an einer möglichst großen Referenzpopulation DNA-Profile erhoben und experimentell ermittelten Merkmalsausprägungen zugeordnet. An diesen Daten trainieren wir komplexe statistische Modelle mit eigens dafür entwickelten Algorithmen (z. B. de los Campos et al. 2013), ähnlich den heute viel diskutierten Algorithmen des maschinellen Lernens. Auf diese Weise können wir für Selektionskandidaten, von denen nur DNA-Profile vorliegen, Vorhersagen z. B. über ihren Ertrag, ihre Trockentoleranz oder ihre Nährstoffeffizienz treffen. Für jedes Merkmal benötigen wir eine eigene Kalibrierung und die Genauigkeit der Vorhersage entspricht der Korrelation zwischen vorhergesagtem und wahrem genetischem Wert der Selektionskandidaten, einer der drei Faktoren des Selektionsgewinns (vgl. S. 48). Bei ausreichender Datenlage in der Referenzpopulation ist diese Genauigkeit für die meisten Merkmale ausreichend hoch, so dass die genomische Selektion sehr effizient sein kann. Da im Labor sehr viel mehr Genotypen untersucht werden können als im Feldversuch, steigt die Selektionsintensität. Außerdem wird in der genombasierten Selektion DNA bereits aus dem Korn oder aus ganz jungen Pflanzen extrahiert. Somit kann die Selektionsentscheidung bereits vor der Blüte der Pflanzen getroffen, die Rekombination der Besten vorgenommen und ein neuer Selektionszyklus gestartet werden. Dieses »rapid cycling« (Abb. 2) führt zu einer Beschleunigung der Selektion, was sich ebenfalls positiv auf den Zuchtfortschritt auswirkt. In Summe kann es somit zu einer hohen Effizienzsteigerung im Vergleich zur klassischen phänotypischen Selektion kommen, bei der wir die Pflanzen im Feld evaluieren und bei der pro Jahr nur einmal selektiert werden kann.

Die in der genomischen Selektion erhobenen DNA-Profile liefern Millionen an Datenpunkten und erfordern umfangreiche Rechen- und Speicherkapazitäten. Effizientes Datenmanagement und eine ausgefeilte Datenanalyse sind unerlässlich. Zur Maximierung des Selektionsgewinns pro Zeiteinheit optimieren die Züchter diese Prozesse kontinuierlich durch Einsatz neuer Technologien mit dem Ziel, die Anzahl zu untersuchender Kandidaten weiter zu steigern und die Zykluslänge zu verkürzen. Hierzu sind hohe Investitionen in Forschung und Entwicklung nötig, was für kleinere und mittlere Saatzuchtfirmen eine große Herausforderung ist. Daher sind öffentlich geförderte Projekte, die die Optimierung von Züchtungsverfahren voranbringen, ein wichtiger Beitrag zur Effizienzsteigerung in der Pflanzen-

2 SNP: single nucleotid polymorphism: Punktmutationen, die lediglich ein Basenpaar betreffen.

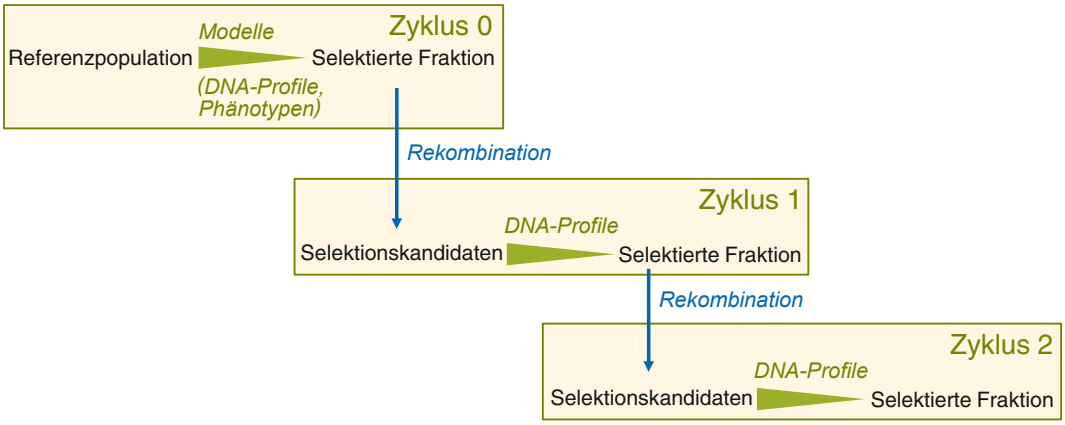

Abb. 2. Schematische Darstellung des »rapid cycling«. Experimente zur Erfassung von Phänotypen werden nur in der Referenzpopulation vor der ersten Selektion benötigt. Nach der Rekombination ausgewählter Genotypen wird allein auf Grundlage von DNA-Profilen selektiert.

züchtung, zur Erzeugung von produktiven und ressourceneffizienten Sorten und zu einer nachhaltigen Pflanzenproduktion.

Für die Etablierung der Referenzpopulationen ist neben der Qualität der DNA-Profile die präzise Merkmalserfassung ein Erfolgsfaktor. Bei der Phänotypisierung im Feld wurden durch Fernerkundung und den Einsatz sogenannter UAVs (unmanned aerial vehicles) in jüngster Zeit große Fortschritte erzielt. Luftbilder von der frühen Jugendentwicklung von Mais geben z. B. Aufschluss über die Wüchsigkeit einzelner Genotypen und über ihr Potenzial, bereits früh eine umfassende Bodendeckung zu erzielen (Abb. 3a). Die Selektion auf dieses Merkmal würde es erlauben, Sorten zu entwickeln, die Bodenerosion und Nährstoffauswaschung minimieren. Die Erfassung des Merkmals am Boden ist jedoch mit ausreichender Genauigkeit nur durch geschultes Personal möglich und ist somit sehr ressourcenintensiv. Die Auswertung der Luftbilder hingegen kann computerbasiert erfolgen, womit die Merkmalserfassung effizienter gestaltet und die Selektionsintensität maßgeblich erhöht werden kann. Solche Imaging-Verfahren werden nicht nur für eine Erhöhung des Durchsatzes an zu erfassenden Selektionskandidaten eingesetzt, sondern auch für eine präzisere Phänotypisierung einzelner Genotypen. Dabei ist das Ziel, physiologische Prozesse besser zu verstehen und komplexe Merkmale wie die Trockenstresstoleranz in ihre Komponenten zu zerlegen (Abb. 3b). Gelingt es, die der Stresstoleranz zugrundeliegenden Mechanismen aufzuklären und die an der Merkmalsausprägung beteiligten Gene zu identifizieren, kann dieses Wissen in genombasierte Selektionsverfahren einfließen und bildet die Grundlage für Verfahren der Genomeditierung.

Genetische Diversität

In die Formel für den Selektionsgewinn geht neben der Selektionsintensität und der Korrelation zwischen vorhergesagtem und wahrem genetischem Wert auch die züchterisch nutzbare genetische Variation ein. Bei vielen Fruchtarten ist es durch Domestizierung und züchterischer Selektion zu einer Einengung der genetischen Variation gekommen (Yamasaki et al. 2005). Als Mais domestiziert wurde, ging im Vergleich zu Teosinte, seiner nicht domestizierten Wildform mit Ursprung in Mexiko, ein Teil der ursprünglichen Variation verloren. Bei der Einführung nach Europa entstand ein weiterer genetischer Flaschenhals, da sich nur ein Bruchteil der in Amerika heimischen Landrassen zum Anbau unter europäischen Klimabedingungen eignete. Durch kontinuierliche Anpassung an die hiesigen Wachstumsbedingungen entstand aber auch neue Variation und so ist in Mais-Landrassen, die in den 1950er-Jahren in Mitteleuropa angebaut wurden, sehr viel genetische Variation vorhanden. Dies trifft nicht nur auf züchterisch wertvolle Merkmale zu, sondern leider auch auf Merkmale, die unter heutigen Produktions-

Abb. 3. Phänotypisierung: **a,** Erfassung der frühen Jugendentwicklung bei Mais auf der Versuchsstation Roggenstein mittels Drohnen-Luftbilder; **b,** Versuchspflanzen zur Bestimmung der Trockenstressresistenz im Gewächshaus. – Fotos: S. Gresset/M. Mayer.

bedingungen unvorteilhaft sind, wie z. B. die in den Landrassen noch teilweise auftretende Bestockung, d. h. die Bildung von Seitentrieben, oder auch die Anfälligkeit für eine Vielzahl von Krankheiten. Im Zuge der Intensivierung der Züchtung wurden an Genorten, die Variation für solche unerwünschten Merkmale zeigten, die positiven Allele fixiert. Greift man in der Züchtung auf die in den Genbanken eingelagerten genetischen Ressourcen zurück, um sie für die Züchtung nutzbar zu machen, findet man möglicherweise nützliche Variation für erwünschte Merkmale, muss aber gleichzeitig auch dem großen Leistungsunterschied zu heutigem Elitematerial Rechnung tragen.

Für viele Kulturarten gibt es »Schatzkammern« mit Tausenden von Rückstellproben, die über Jahrzehnte weltweit gesammelt wurden (McCouch et al. 2013; Abb. 4). Allerdings gibt es für quantitativ vererbte Merkmale kaum Beispiele, die die erfolgreiche züchterische Nutzung dieser Ressourcen zeigen. Vor allem bei Fremdbefruchtern wie Mais und Roggen sind die Rückstellproben sehr heterogen, was ihre phänotypische Beurteilung erschwert. Auch ist es aufgrund des hohen Grads an Heterozygotie unmöglich, einzelne Genotypen zu reproduzieren und zu erhalten. Der Lehrstuhl für Pflanzenzüchtung der TUM beschäftigt sich derzeit mit der Frage, welche Strategien wir verfolgen müssen, um

Abb. 4. Variation zwischen Mais-Landrassen. – Foto: TUM, Pflanzenzüchtung.

die verfügbare genetische Variation optimal zu nutzen. Zwei unserer Forschungsprojekte haben zum Ziel, die in europäischen Mais-Landrassen enthaltene genetische Variation für Kühletoleranz während der frühen Jugendentwicklung züchterisch zu nutzen.[3] Dazu haben wir mittels der in-vivo-Haploideninduktion (Röber et al. 2005) homozygote, d. h. reinerbige, Linien aus Landrassen gezogen. Die Diversität und Aufspaltungsvarianz des entstandenen genetischen Materials war überwältigend (Abb. 5a). Es war möglich, aus Landrassen abgeleitete Linien zu identifizieren, die aktuellen Hybriden in der frühen Jugendentwicklung signifikant überlegen waren und als Kreuzungspartner in der Populationsverbesserung eingesetzt werden können. Damit konnten wir zeigen, dass Landrassen sich für die Verbesserung von quantitativen Merkmalen durchaus eignen. Jedoch ist dabei auch zu bemerken, dass die Linien in ihrer Hybridleistung dem aktuellen Zuchtmaterial weit unterlegen waren (Abb. 5b). Um die Umweltstabilität des aus Landrassen entwickelten Materials zu prüfen wurde es an elf Standorten angebaut. An einem davon, in Spanien, hatten wir starken Krankheitsbefall, der einen Großteil der Linien fast vollständig vernichtete (Abb. 5c). Vermutlich haben ungünstige Allele an einem einzigen Gen diese Anfälligkeit hervorgerufen. Hätten wir die Linien am Standort in Spanien nicht geprüft, wäre diese genetische Verwundbarkeit eines Großteils der Linien nicht bemerkt worden. An einem anderen Standort gab es extreme Trockenheit und auch hier hat vermutlich nur ein Gen zur Aufspaltung zwischen tolerant und anfällig geführt (Abb. 5d). Daraus müssen wir schlussfolgern, dass die Nutzung genetischer Ressourcen zwar ein großes Potenzial birgt, aber auch mit gewissen Risiken verbunden ist, da es unmöglich ist, alle erdenklichen Merkmale im Vorfeld zu prüfen. Sollen wir genetische Ressourcen aus diesem Grund nicht nutzen? Dies wäre keine kluge Entscheidung. Stattdessen sollten wir die

3 MAZE – Verbesserung quantitativer Merkmale durch Erschließung genomischer und funktionaler Diversität aus Mais Landrassen; gefördert durch das Bundesministerium für Bildung und Forschung (BMBF).
BayKlimaFit – Strategien zur Anpassung von Kulturpflanzen an den Klimawandel, Teilprojekt 2: Verbesserung der Kältetoleranz von Mais; gefördert durch das Bayerische Staatsministerium für Umwelt und Verbraucherschutz.

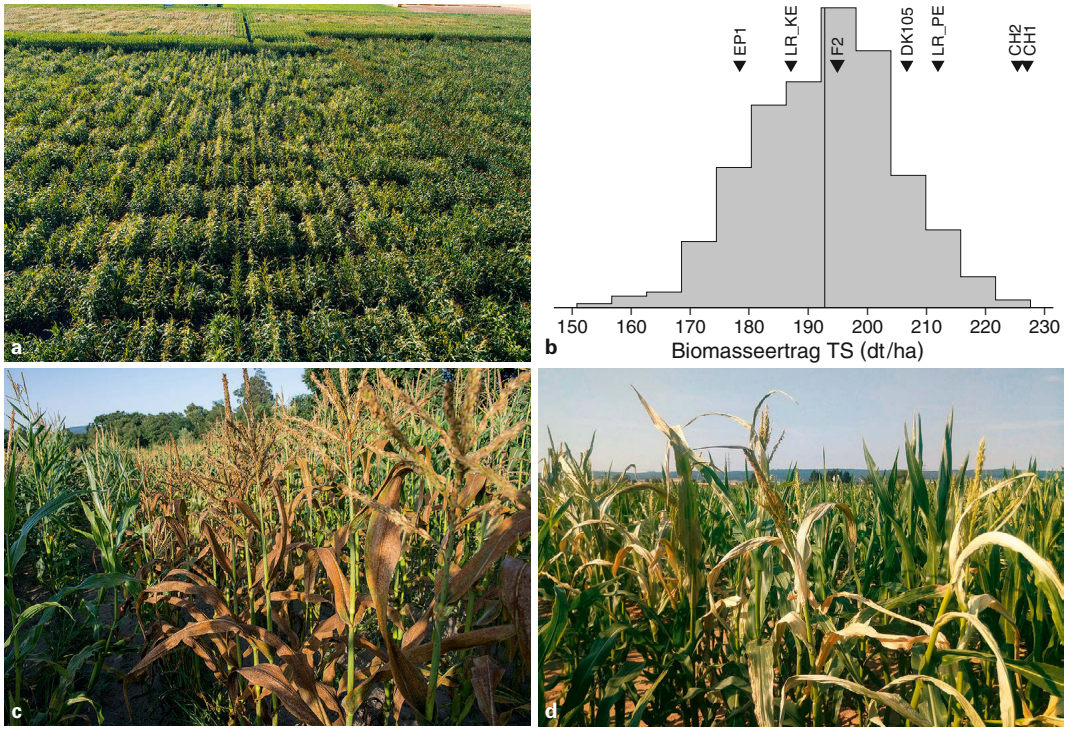

Abb. 5. Anbau homozygoter (reinerbiger) Linien aus Mais-Landrassen: **a,** Versuchsfeld auf der Versuchsstation Roggenstein; **b,** Histogramm des Biomasseertrags (Trockensubstanz, in Dezitonnen/Hektar). CH1, CH2: heute am Markt angebaute Hybriden; weitere schwarze Dreiecke: Leistung früher Hybridkomponenten; **c,** vom Rostpilz befallene Linien (Spanien); **d,** unter Trockenstress stehende Linien (Einbeck). – Fotos: T. Bolduan, T. Freudenberg, A. Hölker; Grafik: Hölker et al., unveröffentlicht.

uns zur Verfügung stehenden Methoden nutzen, um Risiken zu minimieren. Zum einen werden viele tausend in den Genbanken eingelagerte Proben derzeit molekular charakterisiert. Gelingt es uns, die molekularen Profile mit aussagekräftigen Phänotypen zu verknüpfen, können wir die verfügbaren Daten als kontinuierlich wachsende Referenzpopulationen für die oben beschriebene genomische Selektion verwenden. Zum anderen sollte es gelingen, genomische Regionen zu identifizieren, die für wichtige Merkmale kodieren. Die dort lokalisierten wertgebenden und wertmindernden Allele können dann anhand ihres DNA-Profils und ihres Effekts auf den Phänotyp charakterisiert werden. Züchterisch wertvolle neue Variation, die im Elitematerial nicht vorhanden ist, kann damit gezielt eingekreuzt werden. Gleichzeitig können mit neuen Züchtungsmethoden unerwünschte Effekte weitgehend minimiert werden. Dies ist zum einen über gezielte markergestützte Selektion gegen unerwünschte Allele möglich, aber auch mithilfe von CRISPR/Cas[4] oder anderen Züchtungsmethoden, mit denen das Pflanzengenom spezifisch verändert werden kann. So gibt es inzwischen viele erfolgreiche Beispiele für die Nutzung der CRISPR/Cas-Methode zur Merkmalsveränderung durch Genomeditierung. In der Pflanzenzüchtung sind dies vor allem Verbesserungen im Bereich der Lebens- und Futtermittelqualität und in Bezug auf Resistenzen gegen biotischen Stress (Abb. 6, Modrzejewski et al. 2018). Bei

4 CRISPR (Clustered Regularly Interspaced Short Palindromic Repeats): Abschnitte sich wiederholender DNA; Cas: Enzym, das geleitet durch die CRISPR-Sequenz DNA zielgerichtet schneidet. Das in Bakterien als Resistenzmechanismus gegen Viren oder Plasmide natürlich vorkommende CRISPR/Cas-System bildet die Grundlage der CRISPR/Cas-Methode zur zielgerichteten Veränderung von DNA.

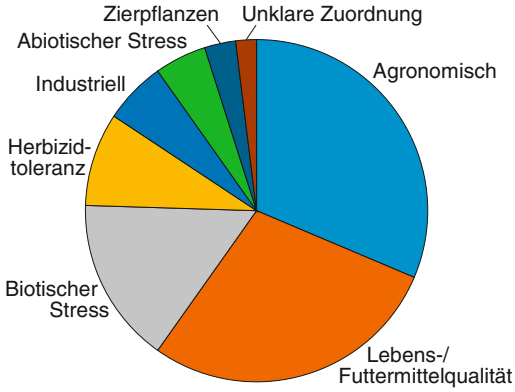

Abb. 6. Hauptbereiche des Genomeditierens bei Kultur- und Zierpflanzen. – Nach Daten aus Modrzejewski et al. 2018.

der Nutzung von genetischen Ressourcen kann die Genomeditierung eine wichtige Rolle bei der Auflösung von Merkmalskomplexen spielen, bei denen erwünschte positive Eigenschaften nicht genutzt werden können, da sie auf dem Genom in enger Nachbarschaft zu unerwünschten oder schädlichen Allelen lokalisiert sind.

Die Selektion basierend auf gesamtgenomischer Information oder auch die Selektion oder Veränderung ausgesuchter Allele sind komplexe Prozesse, die im Rahmen der Züchtungsforschung kontinuierlich optimiert und beschleunigt werden. Bei der Nutzung genetischer Ressourcen für quantitative Merkmale stehen wir hier noch am Anfang.

Fazit

Wo stehen wir in Bezug auf Pflanzenzüchtung und Nachhaltigkeit? Zusammenfassend lässt sich festhalten:

- Die gleichzeitige Verbesserung mehrerer Merkmale ist ein hochdimensionales Optimierungsproblem, dem mit effizienten Methoden und hohem Durchsatz begegnet werden sollte.
- Produktivität und Ressourceneffizienz sind vereinbar.
- Das Management von Diversität ist anspruchsvoll. Die dafür notwendigen Strategien sind noch wenig ausgereift mit viel Raum für Forschung und Entwicklung.
- Der optimale Grad an Diversität in Bezug auf Kulturarten und Sorten ist schwer messbar und muss noch definiert werden.
- Neue Züchtungstechnologien sind aussichtsreich für die Züchtung von Sorten, die wichtige agronomische Merkmale mit Resistenzen gegen biotischen und abiotischen Stress vereinen.

Die ausreichende Produktion von Nahrungs- und Futtermitteln ist eine unserer wichtigsten Zukunftsaufgaben. Die Pflanzenzüchtung spielt dabei eine zentrale Rolle, und wir sollten versuchen, die uns zur Verfügung stehenden Methoden und Technologien verantwortungsvoll zu nutzen, um diese Aufgabe zu erfüllen. Auch sollten wir alles dafür tun, auch zukünftig talentierte junge Wissenschaftler und Wissenschaftlerinnen für Pflanzengenetik und Pflanzenzüchtung zu begeistern, denn die Pflanzenzüchtung kann unsere Kulturarten langfristig stressresistenter und leistungsfähiger machen.

Literatur

Albrecht, T., H.-J. Auinger, V. Wimmer, J. O. Ogutu, C. Knaak, M. Ouzunova, H.-P. Piepho & C.-C. Schön. 2014. Genome-based prediction of maize hybrid performance across genetic groups, testers, locations, and years. – Theoretical and Applied Genetics, 127 (6): 1375–1386.

Blankenagel, S. Z. Yang, V. Avramova, C.-C. Schön & E. Grill. 2018. Generating plants with improved water use efficiency. – Agronomy, 8 (9): 194; doi: 10.3390/agronomy8090194.

De los Campos, G., J. M. Hickey, R. Pong-Wong, H. D. Daetwyler & M. P. L. Calus. 2013. Whole-genome regression and prediction methods applied to plant and animal breeding. – Genetics, 193 (2): 327–345; doi: 10.1534/genetics.112.143313.

Duvick, D. N. 2005. The contribution of breeding to yield advances in maize (*Zea mays* L.). – Advances in Agronomy, 86: 83–145.

FAOSTAT (Food and Agriculture Oranization of the United Nations, Statistics). 2019. http://www.fao.org/faostat/en/#data (Production, Crops) [abgerufen 07.05.2019].

Ferreira, T. H. S., M. S. Tsunada, D. Bassi, P. Araújo, L. Mattiello, G. V. Guidelli, G. L. Righetto, V. R. Gonçalves, P. Lakshmanan & M. Menossi. 2017. Sugarcane water stress tolerance mechanisms and its implications on developing biotechnology solutions. – Frontiers in Plant Science, 8: 1077; doi: 10.3389/fpls.2017.01077.

Ganal, M. W., G. Durstewitz, A. Polley, A. Bérard, E. S. Buckler, A. Charcosset, J. D. Clarke, E.-M. Graner, M. Hansen, J. Joets, M.-C. Le Paslier, M. D. McMullen, P. Montalent, M. Rose, C.-C. Schön, Q. Sun, H. Walter, O. C. Martin & M. Falque. 2011. A large maize (*Zea mays* L.) SNP genotyping ar-

ray: Development and germplasm genotyping, and genetic mapping to compare with the B73 reference genome. – PLoS ONE, 6 (12): e28334; doi: 10.1371/journal.pone.0028334.

Leiser, W., D. Brugger & K. Kastens. 2019. Mais-Bohnen-Gemisch. Eine Alternative für die Ration. – DLG Mitteilungen, 3/2019: 64–66.

McCouch, S., G. J. Baute, J. Bradeen, P. Bramel, P. K. Bretting, E. Buckler, J. M. Burke, D. Charest, S. Cloutier, G. Cole, H. Dempewolf, M. Dingkuhn, C. Feuillet, P. Gepts, D. Grattapaglia, L. Guarino, S. Jackson, S. Knapp, P. Langridge, A. Lawton-Rauh, Q. Lijua, C. Lusty, T. Michael, S. Myles, K. Naito, R. L. Nelson, R. Pontarollo, C. M. Richards, L. Rieseberg, J. Ross-Ibarra, S. Rounsley, R. S. Hamilton, U. Schurr, N. Stein, N. Tomooka, E. van der Knaap, D. van Tassel, J. Toll, J. Valls, R. K. Varshney, J. Ward, R. Waugh, P. Wenzl & D. Zamir. 2013. Agriculture: Feeding the future. – Nature, comment: 499 (7456): 23–24; doi: 10.1038/499023a.

Meuwissen, T. H. E., B. J. Hayes & M. E. Goddard. 2001. Prediction of total genetic value using genome-wide dense marker maps. – Genetics, 157 (4): 1819–1829;

Millet, E. J., C. Welcker, W. Kruijer, S. Negro, A. Coupel-Ledru, S. D. Nicolas, J. Laborde, C. Bauland, S. Praud, N. Ranc, T. Presterl, R. Tuberosa, Z. Bedo, X. Draye, B. Usadel, A. Charcosset, F. Van Eeuwijk & F. Tardieu. 2016. Genome-wide analysis of yield in Europe: allelic effects vary with drought and heat scenarios. – Plant Physiology, 172 (2): 749–764.

Modrzejewski, D., F. Hartung, T. Sprink, D. Krause, C. Kohl, J. Schiemann & R. Wilhelm. 2018. What is the available evidence for the application of genome editing as a new tool for plant trait modification and the potential occurrence of associated off-target effects: a systematic map protocol. – Environmental Evidence, 7: 18; doi: 10.1186/s13750-018-0130-6.

Röber F. K., G. A. Gordillo & H. H. Geiger. 2005. In vivo haploid induction in maize – Performance of new inducers and significance of doubled haploid lines in hybrid breeding. – Maydica, 50 (3): 275–283.

Schön, C.-C. 2011. Was kann die klassische Pflanzenzüchtung? – In: Bayer. Akademie der Wissenschaften (Hrsg.): Pflanzenzucht und Gentechnik in einer Welt mit Hungersnot und knappen Ressourcen. Pfeil, München: 57–66.

Unterseer, S., E. Bauer, G. Haberer, M. Seidel, C. Knaak, M. Ouzunova, T. Meitinger, T. M. Strom, R. Fries, H. Pausch, C. Bertani, A. Davassi, K. F. X. Mayer & C.-C. Schön. 2014. A powerful tool for genome analysis in maize: development and evaluation of the high density 600 k SNP genotyping array. – BMC Genomics, 15 (1): 823, doi: 10.1186/1471-2164-15-823.

Voss-Fels, K. P., A. Stahl, B. Wittkop, C. Lichthardt, S. Nagler, T. Rose, T.-W. Chen, H. Zetzsche, S. Seddig, M. M. Baig, A. Ballvora, M. Frisch, E. Ross, B. J. Hayes, M. J. Hayden, F. Ordon, J. Leon, H. Kage, W. Friedt, H. Stützel & R. J. Snowdon. 2019. Breeding improves wheat productivity under contrasting agrochemical input levels. – Nature Plants, 5: 706–714.

Wilbois, K.-P. 2011. Ökologisch-partizipative Pflanzenzüchtung. – FiBL Deutschland e. V. (Forschungsinstitut für biologischen Landbau e. V.), Stuttgart, Zukunftsstiftung Landwirtschaft, Bochum (Hrsg.), 45 S.

Yamasaki, M., S. I. Wright & M. D. McMullen. 2005. Genomic screening for artificial selection during domestication and improvement in maize. – Annals of Botany, 100 (5): 967–973.

Diskussion

W. Weisser: Denken die Züchter auch über die Kombination von Sorten auf dem gleichen Schlag oder auf der Ebene des Betriebs nach, um langfristig die Produktion zu erhöhen? Ich fürchte, es gibt Grenzen der Züchtung – ein Mensch kann nicht gleichzeitig Boxer und Jockey sein, und bei den Pflanzen ist es genauso. Gibt es Strategien, um zu modellieren, welche Kombinationen von Genotypen auf der Ebene des Schlags oder des Betriebs gut wären?

C.-C. Schön: Das ist ein Konzept, das es tatsächlich schon lange gibt. Sortenmischungen wurden immer wieder propagiert, gerade im Hinblick auf das Resistenzmanagement. Die eigentliche Diversität ist in sogenannten Populationssorten vorhanden, bei denen jeder Genotyp anders ist. Bei den Hybridsorten sieht eine wie die andere aus, wobei der Mais als Fremdbefruchter eigentlich auch als Populationssorte angebaut werden kann. Mit den Populationssorten brauchen wir nicht einmal unterschiedliche Arten zusammenbringen. Populationssorten können jedoch nachgebaut

werden. Daher ist die Frage in dem Komplex Sozialisierung und Privatisierung, wie der Selektionserfolg bei den Populationssorten – falls ein return on investment vorhanden wäre – im Vergleich zu den Hybridsorten ausfallen würde.

Der Anbau von Mais und Bohnen auf derselben Fläche ist ein Beispiel für die Kombination von Protein und Stärke, gleichzeitig wird eine gewisse Diversität geschaffen. Es eignen sich aber nur wenige Sorten, d. h., innerhalb der Arten ist die Auswahl reduziert. Es gibt auch Forschung zu Sortenmischungen, die sich aber meines Erachtens nicht durchgesetzt haben. Letztlich will der Landwirt doch den Weizen anbauen, der für seinen Standort am besten passt.

V. Mosbrugger: Aus der Optimierungstheorie kenne ich das Grundprinzip, dass ich, wenn ich auf einen Parameter optimiere, ein globales Optimum finde. Wenn ich auf viele Parameter gleichzeitig optimiere, finde ich viele Lösungen, die alle ähnlich gut sind. Wie gehen Sie damit um? Bei zu vielen Parametern bekommen Sie mehrere Lösungen, die alle ähnlich gut sind.

C.-C. Schön: Die Kartoffelzüchter haben das größte Problem, weil sie 40 Merkmale haben, während sich Maiszüchter auf wenige Merkmale wie den Ertrag konzentrieren konnten. Die Kartoffelsorte mit dem höchsten Marktanteil in den USA ist Russet Burbank, die 1902 zugelassen wurde. Das sagt, denke ich, schon alles. Es ist unglaublich schwierig, in dieser Konstellation das generelle Optimum zu finden. Hier werden lediglich lokale Maxima gefunden, d. h., im Prinzip versuchen die Züchter, die wichtigsten Merkmale für sich festzulegen und entweder die Verbesserung funktioniert oder sie funktioniert nicht. Indizes, die mehr als fünf Merkmale enthalten, sind bereits ein Problem. Grundsätzlich müssen Sie dann ein Portfolio von verschiedenen Sorten anbieten, in denen verschiedene Merkmale unterschiedlich gewichtet sind, und sie brauchen dann unterschiedliche Zuchtprogramme für unterschiedliche Zuchtziele.

A. Kellermann: Als Kartoffelzüchter möchte ich aber ergänzen, dass wir mit diesen vielen Merkmalen auf der anderen Seite eine hohe Sortenvielfalt haben, die wir auch brauchen, um die verschiedenen Ansprüche abzudecken. Im Sinne der Diversität ist dies durchaus vorteilhaft.

Ich habe aber auch eine Frage: Sehen Sie in Bezug auf CRISPR/Cas schon wieder Licht am Horizont? Werden diese Methoden Ihrer Einschätzung nach in absehbarer Zeit gesellschaftlich vertretbar sein?

C.-C. Schön: Ich weiß es nicht. Das ist eine ganz schwierige Frage. Als im Juli 2018 das EUGH-Urteil ausgesprochen wurde, dass durch Mutagenese gewonnene Organismen genetisch veränderte Organismen (GVO) sind und damit grundsätzlich den in der GVO-Richtlinie vorgesehenen Verpflichtungen unterliegen, war die Presse relativ verhalten bzw. hat sich sogar gewundert über dieses Urteil. Wir wissen auch aus anderen Bereichen, dass es durchaus ein gewisses Entgegenkommen gibt, ich denke da z. B. an Herrn Niggli, den Direktor des Forschungsinstituts für biologischen Landbau (FiBL) in der Schweiz, oder an die Jungen Grünen in Hessen. Auch der Bundesvorsitzende der GRÜNEN, Robert Habeck, hat geäußert, man sollte zumindest über diese neuen Technologien nachdenken.[1] Dazu kommt, dass jüngere Leute mit der Genomeditierung kein Problem mehr haben. Es ist in etwa meine Generation, die mit den ersten transgenen Organismen groß geworden ist und die noch große Bedenken hat. Wir haben diese Organismen jetzt seit 1996 und bisher ist nichts passiert, und ich denke, daraus sollte man auch einmal etwas lernen, und das geschieht ja auch.

M. Matern: Haben Sie auch mit der Züchtung von Tomaten oder Gurken zu tun?

C.-C. Schön: Auch wir in der Pflanzenzüchtung sind hochgradig spezialisiert. An unserem Lehrstuhl werden die landwirtschaftlichen Kulturarten bearbeitet. Für Obst und Gemüse sind die Kollegen vom Gartenbau zuständig.

---

1 Vgl.: »Neue Zeiten. Neue Antworten. Impulspapier des Bundesvorstands zum Startkonvent für die Grundsatzprogrammdebatte von BÜNDNIS 90/DIE GRÜNEN« vom 09.04.18 (https://www.gruene.de/artikel/das-politische-braucht-einen-neustart) und Interview von R. Habeck »Wir dürfen uns nicht von Ängsten leiten lassen« in der FAZ vom 18.07.18 (https://www.faz.net/social-media/instagram/im-gespraech-robert-habeck-bundesvorsitzender-der-gruenen-15695935.html?premium) [abgerufen 02.05.2019].