



GEFÖRDERT VOM

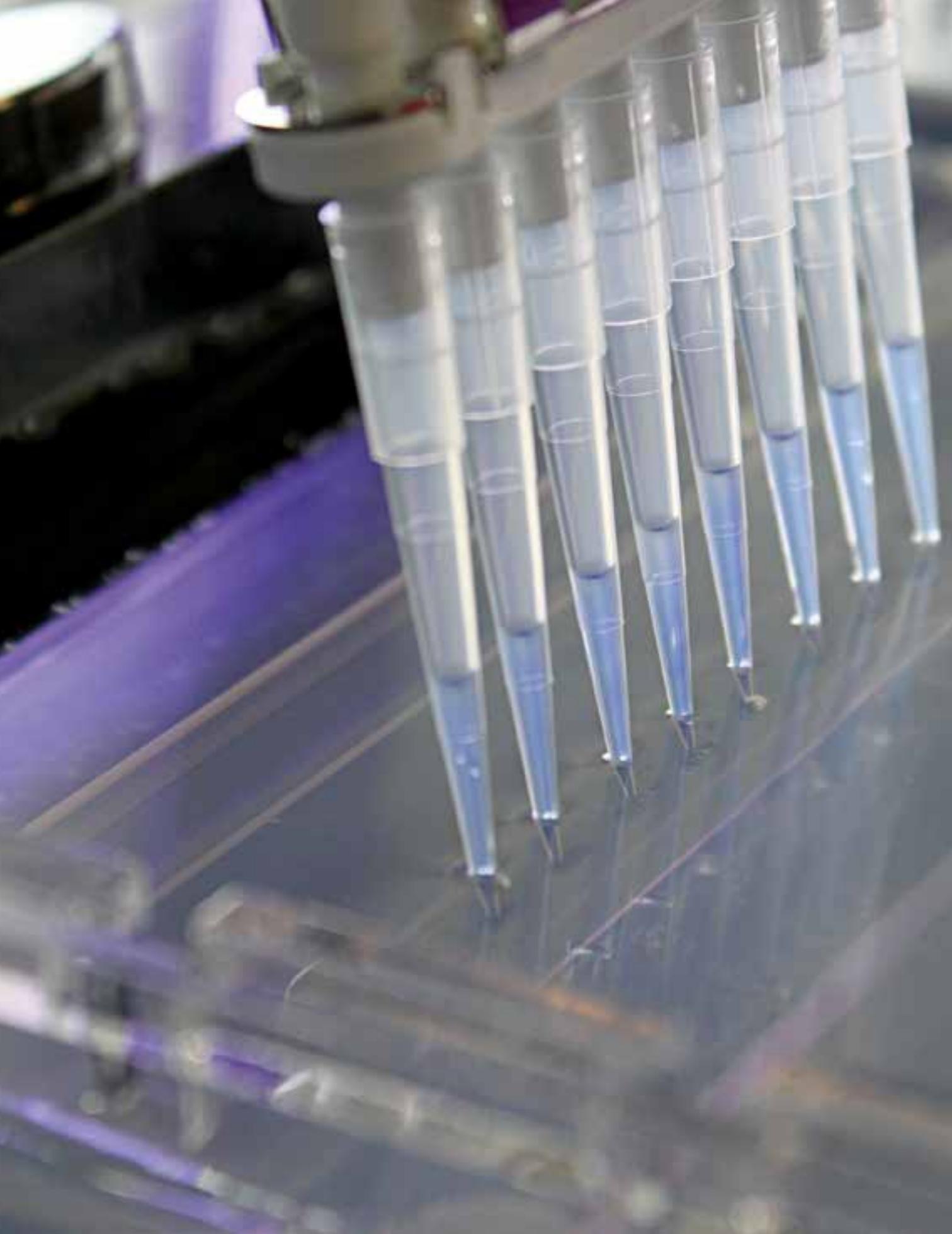


Bundesministerium
für Bildung
und Forschung

Highlights der Angewandten Pflanzenforschung

Zum Abschluss der Förderinitiative
PFLANZENBIOTECHNOLOGIE DER ZUKUNFT
des Bundesministeriums für Bildung und Forschung







Highlights der Angewandten Pflanzenforschung

Zum Abschluss der Förderinitiative
PFLANZENBIOTECHNOLOGIE DER ZUKUNFT
des Bundesministeriums für Bildung und Forschung

Inhalt

2	Grußwort aus der PLANT 2030 Geschäftsstelle
4	Grußwort von Dr. Nils Stein und Dr. Viktor Korzun Wissenschaftliches Koordinierungskomitee (SCC)
6	Grußwort von Dr. Carl-Stephan Schäfer Gemeinschaft zur Förderung von Pflanzeninnovation e. V.
8	Pflanzenbiotechnologie der Zukunft Deutschland setzt auf den Ausbau der Bioökonomie
20	TRITEX Weizen und Gerste: Ein Riesengenom und seine kleine Schwester Deutsches Konsortium befeuert die internationale Forschung an Getreide-Genomen
28	ANNO BEET Das Genom als Geschichtsbuch Im Erbgut der Zuckerrübe lassen sich Stammesgeschichte und Züchtungshistorie der Kulturpflanze nachlesen
34	PRE-BREED YIELD Schlummernde Talente fördern Die Forschung will die genetische Vielfalt von Raps zurückgewinnen und besser nutzen
42	INNO GRAIN-MALT Gutes Bier braucht gute Zutaten Ein Chip hilft bei der Suche nach ertragreichen Gerstensorten mit höchster Brauqualität
48	SUNRISE Genombasierte Züchtung von Sonnenblumen Molekulare Marker beschleunigen die Entwicklung ertragreicher Sorten
54	TARULIN Von der Pustelblume zum Autoreifen Löwenzahn als nachhaltige Quelle für Naturkautschuk
62	Geförderte Projekte
64	Ausführende Stellen
67	Bildnachweise
68	Impressum

Grußwort aus der PLANT 2030 Geschäftsstelle

Liebe Leserinnen und Leser,

im Jahr 2011 rief das Bundesministerium für Bildung und Forschung (BMBF) das Förderprogramm PFLANZENBIOTECHNOLOGIE DER ZUKUNFT ins Leben. Mit dem dort angelegten Konzept der Public-Private-Partnerships, bei dem Forschungsprojekte eng verzahnt von wissenschaftlicher wie von privatwirtschaftlicher Perspektive konzipiert und umgesetzt wurden, konnten neue und wettbewerbsfähige Verfahren und Produkte aus der Pflanzenbiotechnologie rasch vorangetrieben und in der züchterischen Praxis umgesetzt werden.

Die Nachhaltigkeit dieser Förderung zeigt sich bis heute an der stetig steigenden Anzahl von Publikationen und Produkten, an einer gewachsenen und stabilen Forschungsgemeinschaft, die auch heute die etablierten Transferwege nutzt, am internationalen Standing der deutschen Pflanzenbiotechnologieforschung und nicht zuletzt an einem engagierten Nachwuchs, dessen wissenschaftlicher Fokus im Rahmen der Projekte geprägt und geschärft wurde.

Insgesamt wurden in PFLANZENBIOTECHNOLOGIE DER ZUKUNFT 27 Projekte und darin enthalten 125

Teilprojekte gefördert. Die PLANT 2030 Geschäftsstelle konnte diese Projekte und die dahinterstehenden Wissenschaftlerinnen und Wissenschaftler von Beginn an begleiten. Auf den jährlich in Potsdam stattfindenden Status Seminaren haben wir eine Gemeinschaft getroffen, die engagiert, vernetzt und wissenschaftlich herausragend ist. Bei unseren Aktivitäten zur Nachwuchsförderung im Rahmen der PLANT 2030 ACADEMY haben wir talentierte Nachwuchswissenschaftlerinnen und Nachwuchswissenschaftler kennengelernt, die ihre Zukunft in der deutschen Pflanzenforschung sehen.

Die Kommunikation der Projekte an die Öffentlichkeit erfolgte unter dem von uns betriebenen Portal www.Pflanzenforschung.de. Wir haben stets die hohe Bereitschaft der beteiligten Wissenschaftlerinnen und Wissenschaftler geschätzt, sich und ihre Projekte porträtieren zu lassen, wissenschaftliche Inhalte aufzubereiten und selbst vor der Kamera in Aktion zu treten.

Es ist uns eine besondere Freude, mit dem vorliegenden Buch ein erfolgreiches Förderprogramm und die daran beteiligten Personen noch einmal angemessen in Szene zu setzen.



Teilnehmerinnen und Teilnehmer auf einem der jährlich stattfindenden PLANT 2030 Status Seminare in Potsdam am Templiner See. Foto: Matthias Arlt

Wir mussten uns bei den zusammengestellten Beiträgen auf einige wenige Projekte beschränken. Diese Projekte stehen stellvertretend für all die anderen, die in diesem Buch nicht intensiv beleuchtet werden konnten, aber ebenso erfolgreich und interessant gewesen sind. Wir hoffen, Ihnen auch so einen Eindruck vermitteln zu können, wie viel-

fältig, anspruchsvoll und bedeutsam die in PFLANZENBIOTECHNOLOGIE DER ZUKUNFT geförderten Forschungsvorhaben waren.

Ihre PLANT 2030 Geschäftsstelle

Potsdam, im Oktober 2018

PFLANZENBIOTECHNOLOGIE DER ZUKUNFT auf Pflanzenforschung.de

Projektberichte

Im Publikationsbereich auf www.Pflanzenforschung.de finden Sie weitere Berichte aus den Projekten zum Download.



„Pflanzen sind die Basis allen Lebens und der Schlüssel zur Lösung vieler globaler Herausforderungen“

Unter diesem Motto warb das Bundesministerium für Bildung und Forschung (BMBF) im Jahr 2010 um innovative Ideen für das Förderprogramm PFLANZENBIOTECHNOLOGIE DER ZUKUNFT.

Es ist uns nun eine besondere Freude, zum Abschluss der Förderinitiative, die Highlights der Angewandten Pflanzenforschung mit zahlreichen wissenschaftlichen Höhepunkten aus den geförderten Projekten vorliegen zu haben.

Mit PFLANZENBIOTECHNOLOGIE DER ZUKUNFT ist die Anwendung der Ergebnisse aus der deutschen Genomforschung auf breiter Ebene, in einer Vielzahl von Kulturarten mit erheblicher Bedeutung für die Pflanzenproduktion angekommen. Die genombasierte Kulturpflanzenforschung in Deutschland konnte durch das Programm ihre internationale Sichtbarkeit stark erhöhen und teilweise Meinungsführerschaft übernehmen.

Die BMBF-geförderte Kulturpflanzen genomforschung wurde durch PFLANZENBIOTECHNOLOGIE

DER ZUKUNFT konsequent stärker in den Bereich der angewandten Forschung weiterentwickelt. Dieses Engagement zahlt sich nun aus und trägt dazu bei, dass Kulturpflanzenforschung made in Germany innerhalb Europas und global hoch angesehen ist und erstklassige Forschungsergebnisse liefern kann.

Sie werden mit uns übereinstimmen, dass die durchgeführten Forschungsvorhaben allesamt zu ausgezeichneten Ergebnissen geführt haben, was sich auch anhand der hochwertigen Publikationen und zahlreichen Patente belegen lässt. Diese Ergebnisse sind nun eine hervorragende Grundlage für zukünftige Innovationen in der Pflanzenzüchtung und Pflanzenforschung in Deutschland und werden dazu beitragen, die besseren, ertragreicheren und ertragsstabileren Kulturpflanzensorten der Zukunft zu entwickeln.

Elf Kulturarten standen im Fokus der Forschung, darunter Weinrebe, Pappel, Sonnenblume, Roggen, Mais und Raps, wobei ein Schwerpunkt auf den Getreiden Weizen und Gerste sowie der Zu-



Dr. Nils Stein und Dr. Viktor Korzun, Vorsitzende des SCC

Foto: KWS SAAT SE/ Viktor Korzun

ckerrübe lag. Neben wesentlichen Beiträgen zur Entschlüsselung der Genome und der Etablierung genombasierter Selektionsverfahren in der Züchtung, wurden innovative genombasierte Verfahren zur Haploideninduktion und zur systematischen sequenzbasierten Mutationsdetektion erarbeitet und neue Kultur- und Wildarten als alternative Rohstofflieferanten oder als Quelle von Resistenzgenen erschlossen.

Aber lesen Sie selbst! Es lohnt sich.

Mit freundlichen Grüßen
aus Gatersleben und Einbeck

Dr. Nils Stein

Vorsitzender SCC
Leibniz-Institut für Pflanzengenetik und Kulturpflanzenforschung (IPK) Gatersleben

Dr. Viktor Korzun

Stellvertretender Vorsitzender SCC
KWS SAAT SE Einbeck

SCC – Scientific Coordination Committee der BMBF-Förderinitiative
PFLANZENBIOTECHNOLOGIE DER ZUKUNFT

Grußwort von Dr. Carl-Stephan Schäfer

Gemeinschaft zur Förderung von Pflanzeninnovation e.V.

Der vorliegende Bericht markiert das Ende der Förderinitiative PFLANZENBIOTECHNOLOGIE DER ZUKUNFT, die durch das Bundesministerium für Bildung und Forschung (BMBF) im April 2010 initiiert wurde. Die zuvor gelegten Grundlagen in der Pflanzenforschung konnten so erfolgreich weiterentwickelt werden. Noch stärker als bei GABI, dem Förderprogramm zur „Genomanalyse im Biologischen System Pflanze“, stand die interdisziplinäre Zusammenarbeit zwischen akademischer und privatwirtschaftlich organisierter Forschung im Mittelpunkt.

Der Handlungsdruck durch Klimaveränderungen und ihre Folgen sowie drängende Umweltfragen verdeutlicht die Notwendigkeit für Fortschritte unter anderem in der Biotechnologie – wobei die Entwicklung leistungsfähiger und resistenter Pflanzen von besonderer Bedeutung ist. Die Kontinuität in der Forschungsförderung hat uns bei der Bewältigung der genannten Herausforderungen einen großen Schritt vorangebracht. Diese Publikation

zeigt die erzielten Fortschritte eindrucksvoll auf. Wie wirken sich molekulare Zusammenhänge und Mechanismen auf Resistenz, Effizienz, Anpassungsfähigkeit, Qualität und Quantität unserer Nutzpflanzen aus? Diese und andere Fragen, konnten im Rahmen der Förderinitiative PFLANZENBIOTECHNOLOGIE DER ZUKUNFT bearbeitet und beantwortet werden. Darüber hinaus wurden neueste Erkenntnisse und Technologien in die Praxis überführt. Die Vorreiterrolle Deutschlands in einem bedeutenden Teilbereich der Bioökonomie, der pflanzlichen Primärproduktion, konnte so weiter ausgebaut werden.

Die Gemeinschaft zur Förderung von Pflanzeninnovation e. V. (GFPI) und die über sie organisierten Unternehmen sehen sich als Partner, die wissenschaftlich-technischen Erkenntnisse durch ihr Zusammenwirken schnell und breit nutzbar machen. Davon können Landwirtschaft und Gesellschaft gleichermaßen profitieren. Als Bindeglied zwischen Wirtschaft, Wissenschaft und Fördermittel-

Die Kontinuität in der Forschungs- förderung hat uns bei der Bewältigung der genannten Herausforderungen einen großen Schritt vorangebracht.



*Dr. Carl-Stephan Schäfer,
Geschäftsführer der GFPi*

Foto: GFPi

geber stellt die GFPi sicher, dass Forschungsvorhaben praxisnah durchgeführt werden. Sie sollen den Unternehmen Antworten auf Grundlagen, aber auch anwendungsorientierte Fragestellungen geben. Dies geschieht über die Etablierung effektiver Public-Private-Partnerships (PPP) sowohl in der vorwettbewerblichen Gemeinschafts- als auch in der Verbundforschung.

Die erreichten Erfolge motivieren und bieten gleichzeitig Ansporn für weitere Forschungsaktivitäten. Die Sicherung und Steigerung des pflanzlichen Ertrags, der Qualität pflanzlicher Rohstoffe sowie der Nachhaltigkeit im Pflanzenbau erfordern fortlaufend neue Ansätze in Forschung und Züchtung. Daher werden weitere Forschungsanstrengungen benötigt, um das Genom der Pflanze, aber auch die Wechselwirkungen mit ihrer Umwelt besser zu verstehen. Wir unterstützen daher ausdrücklich zukünftige Bemühungen der Bundesregierung, neue Impulse in Forschung und Entwicklung zu setzen und stehen als Partner jederzeit zur Verfügung.



Dr. Carl-Stephan Schäfer

Geschäftsführer der Gemeinschaft zur Förderung von Pflanzeninnovation e. V.

Pflanzenbiotechnologie der Zukunft

Deutschland setzt auf den Ausbau der Bioökonomie

Pflanzen nutzen Sonnenlicht als Energiequelle zum Aufbau von Biomasse. Damit halten sie eine Vielzahl biologischer Stoffkreisläufe in Gang, denen Tiere und Menschen ihr Leben verdanken. Pflanzen liefern Nahrung und Futtermittel, nachwachsende Rohstoffe für Kleidung, Arzneien und industrielle Produkte sowie Energieträger jenseits der endli-

chen fossilen Brennstoffe. Die globale Nachfrage nach all diesen Gütern steigt mit der wachsenden Weltbevölkerung kontinuierlich an. Insbesondere Schwellenländer wie China und Indien benötigen künftig mehr und höherwertige Lebensmittel. In den Industrieländern verlangen Hersteller und Verbraucher zudem biobasierte Materialien und



PFLANZENBIOTECHNOLOGIE DER ZUKUNFT
Projekte und Anzahl ihrer Teilprojekte

- | | |
|-----------------------|------------------------|
| ● AMAZING (4) | ● OPTIMAL (6) |
| ● ANNO BEET (3) | ● PHENO VINES (2) |
| ● BARLEY-FORTRESS (7) | ● PLANT 2030 (1) |
| ● BARSELECT (8) | ● POP MASS (8) |
| ● BETAMORPHOSIS (4) | ● PPD (1) |
| ● CEREAL-ROOTS (4) | ● PRE-BREED YIELD (14) |
| ● CLIMATE CHANGE (6) | ● RYE SELECT (5) |
| ● CROPTIMISE (3) | ● SELECT (3) |
| ● FROWHEAT (4) | ● SUNRISE (4) |
| ● HAPLOIDS (1) | ● TAMOCRO (3) |
| ● HYWHEAT (6) | ● TARULIN (9) |
| ● INNO GRAIN-MALT (2) | ● TRANSBULB (3) |
| ● NITRO SUS (1) | ● TRITEX (4) |
| ● NUGGET (5) | ● VALID (4) |

**Ausführende Stellen
in Deutschland
nach Teilprojekten**

PFLANZENBIOTECHNOLOGIE DER ZUKUNFT

- Gerste
- Weizen
- Raps
- Zuckerrübe
- Mais
- Roggen
- Russ. Löwenzahn
- Pappel
- Ackerschmalwand
- Sonnenblume
- Tabak
- Weinrebe
- ohne Pflanze



**Ausführende Stellen
in Deutschland
nach Forschungspflanzen**

© Chr. Hilgardt

Inhaltsstoffe, Lebens- und Futtermittel, die auf spezielle Bedürfnisse zugeschnitten sind. Dem steigenden Bedarf an Biomasse steht der Verlust an landwirtschaftlich nutzbaren Flächen gegenüber, die durch Bebauung versiegelt oder durch den einsetzenden Klimawandel entwertet werden.

Vor diesem Szenario stellen die Sicherung und weitere Steigerung pflanzlicher Erträge eine existenzielle Aufgabe für jede Volkswirtschaft dar. Die Bundesregierung begegnet diesen Herausforderungen mit dem kontinuierlichen Ausbau der Bioökonomie: Sie setzt auf die Technologien der modernen Lebenswissenschaften, um biologische Prozesse immer effektiver zum Wohle des Menschen zu nutzen und zu gestalten. Damit übernimmt sie globale Verantwortung und stärkt zugleich die Wettbewerbs-

fähigkeit der deutschen Wirtschaft. Mit der 2010 beschlossenen NATIONALE FORSCHUNGSSTRATEGIE BIOÖKONOMIE 2030 bekennt sich das Bundesministerium für Bildung und Forschung (BMBF) zu dieser nachhaltigen und wissensbasierter Wirtschaftsform. Um sie zu fördern, hat das BMBF bislang rund zwei Milliarden Euro bereitgestellt.

Pflanzengenomforschung ist die Voraussetzung zum Verständnis und zur Nutzbarmachung biologischer Ressourcen

Schon vor mehr als 10.000 Jahren begannen Menschen, Pflanzen für ihre Zwecke zu optimieren. Dazu wählten sie bevorzugt jene Exemplare aus, deren Eigenschaften sie besonders schätzten und

Gerste			Mais	Zuckerrübe			Wein
Weizen			Roggen	Ackerschmalwand	Tabak	Pappel Löwenzahn	Sonnenblume Raps

Getreide

Gerste

BARLEY-FORTRESS
BARSELECT
CEREAL-ROOTS
CLIMATE CHANGE
HAPLOIDS
INNO GRAIN-MALT
NITRO SUS
TRANSBULB
TRITEX
(36 Teilprojekte)

Roggen

CEREAL-ROOTS
NITRO SUS
RYE SELECT
(10 Teilprojekte)
Mais
AMAIZING
NUGGET
OPTIMAL
(15 Teilprojekte)

Weizen

CEREAL-ROOTS
FROWHEAT
HYWHEAT
NITRO SUS
SELECT
TRITEX
VALID
(26 Teilprojekte)

Zucker

Zuckerrübe

ANNO BEET
BETAMORPHOSIS
HAPLOIDS
NUGGET
TAMOCRO
(16 Teilprojekte)

Rohstoffe

Pappel

POP MASS
(8 Teilprojekte)
Löwenzahn
TARULIN
(9 Teilprojekte)

Modellpflanzen

Ackerschmalwand

NUGGET
TAMOCRO
(8 Teilprojekte)
Tabak
CROPTIMISE
HAPLOIDS
(4 Teilprojekte)

Ohne Pflanze

PPD
(1 Teilprojekt)

Genussmittel

Weinrebe

PHENO VINES
(2 Teilprojekte)

Ölsaaten

Sonnenblume
SUNRISE
(4 Teilprojekte)

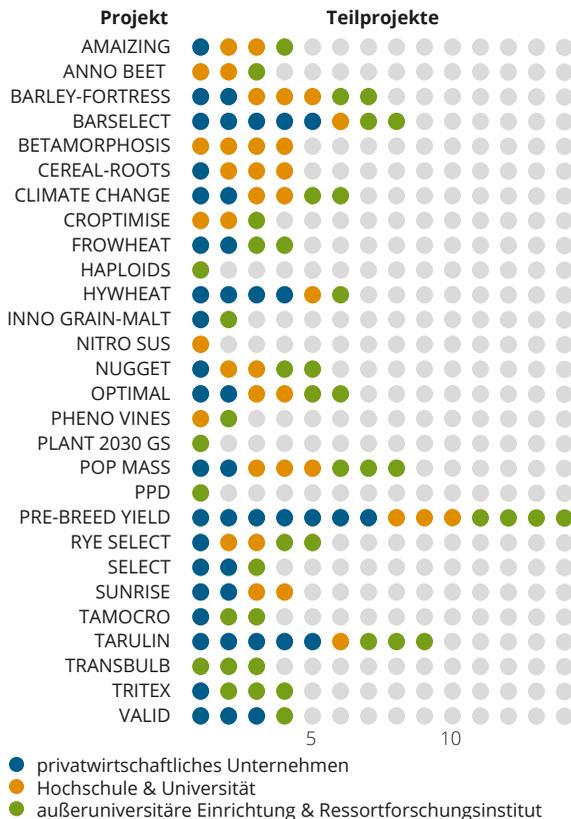
Raps

NUGGET
PRE-BREED YIELD
(19 Teilprojekte)

PFLANZENBIOTECHNOLOGIE DER ZUKUNFT

Projektzusammensetzung

Anteile akademischer Forschungseinrichtungen und Unternehmen



schufen so die ersten Nutzpflanzen. Die Natur bot ihnen reichlich Material: Wie allen Lebewesen gelang es auch und vor allem den ortsgebundenen Pflanzen, sich im Laufe der Evolution auf unterschiedlichste Lebensräume und Umweltbedingungen einzustellen und auch unter widrigen Umständen wie extremer Hitze, Kälte oder Trockenheit zu wachsen und die verfügbaren Ressourcen optimal zu verwerten. Mit der Entdeckung der Vererbungsregeln durch Gregor Mendel wurde die traditionelle Pflanzenzüchtung in die Lage versetzt, gezielter als jemals zuvor Sorten mit gewünschten Eigenschaften zu entwickeln.

Durch die Genomforschung hat die Pflanzenzüchtung indes noch deutlich mehr Tempo aufgenommen. Mit dem Wissen um die genetischen Grundlagen des pflanzlichen Organismus können Forschende molekulare Marker entwickeln. Diese Instrumente erlauben es in der Züchtung, auch auf komplexe Eigenschaften wie Ertrag zu selektieren oder spezielle Fähigkeiten wie Hitzetoleranz oder Schädlingsresistenz gezielter in bewährte Elitesorten einzukreuzen. Die Landwirtschaft erhält so Sorten, die in Zeiten des Klimawandels Hitze und

Bioökonomie in Deutschland stärken – durch Angewandte Pflanzenforschung

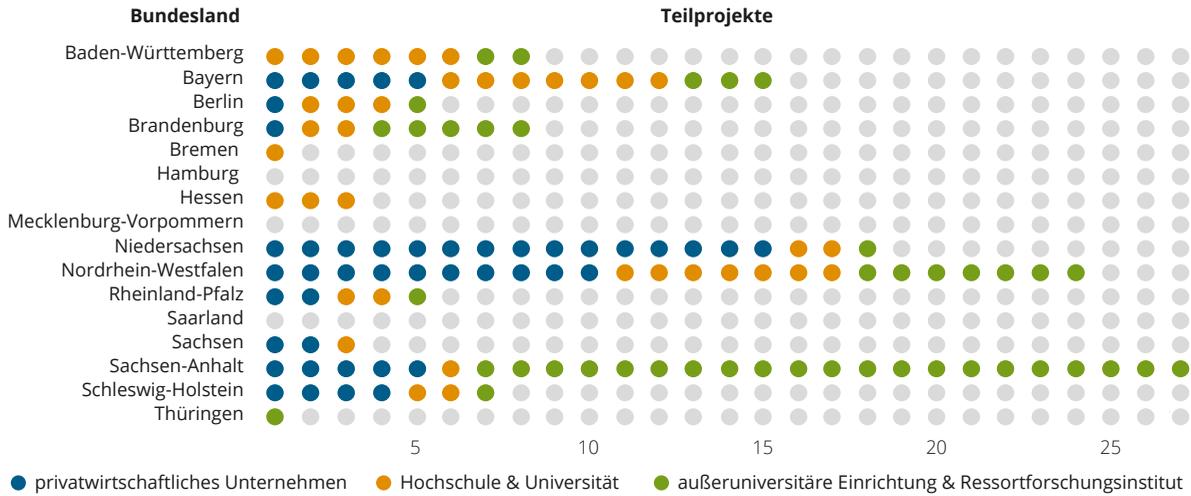
Hatte sich GABI noch weitgehend auf die Genomforschung konzentriert, so zielen die nachfolgenden Förderinstrumente des BMBF auf anwendungsorientierte Züchtungsforschung ab. Unter dem Dach PLANT 2030 werden mehrere Förderinitiativen zusammengefasst, die teilweise miteinander verknüpft sind. Dazu zählt zum einen die nun beendete nationale Initiative PFLANZENBIOTECHNOLOGIE DER ZUKUNFT, deren Inhalte und Erfolge in diesem Band anhand von sechs Highlight-Projekten vorgestellt werden. Zu den weiteren Programmen von PLANT 2030 gehören INNOVATIVE PFLANZENZÜCHTUNG IM ANBAUSYSTEM (IPAS) sowie die ersten vier Ausschreibungen des transnationalen Programms PLANT-KBBE (Transnational PLant Alliance for Novel Technologies – towards implementing the Knowledge-Based Bio-Economy in Europe and beyond). Im Fokus dieser europäi-

schen Förderinitiativen standen Nutzpflanzenerträge und Lebensmittelsicherheit im Kontext des Klimawandels; unter den erforschten Nutzpflanzen waren insbesondere mediterrane Arten wie Flachs, Melone, Pinie und Tomate. Durch die länderübergreifenden Kooperationen konnten neuartige Synergien entstehen, Kompetenzen transferiert und nationale Redundanzen vermieden werden. 2013 wurde das DEUTSCHE-PFLANZEN-PHÄNOTYPISIERUNGSNETZWERK (DPPN) mit dem Ziel gegründet, den Zusammenhang zwischen den Genen, der Umwelt und dem Erscheinungsbild – den Phänotypen – von Nutzpflanzen aufzuklären und für eine effiziente Pflanzenproduktion nutzbar zu machen. Hinzugekommen ist 2015 das Programm BONARES – Boden als nachhaltige Ressource für die Bioökonomie, das neben den Pflanzen auch die Böden als essentielles Element für eine nachhaltige Produktion von Biomasse betrachtet. Im 2017 ausgeschriebenen Programm NUTZPFLANZEN DER ZUKUNFT sollen Methoden der Genomeditierung entwickelt werden, mit denen sich die Pflanzenzüchtung noch effektiver als bisher gestalten lässt.

Ein wesentliches Anliegen aller Initiativen ist die Etablierung von Kompetenznetzen und der Technologietransfer zwischen Forschungseinrichtungen und Wirtschaftsunternehmen. Garant für diesen Transfer ist das Prinzip der Public-Private-Partnerships, will heißen: Die Projekte werden von Wissenschaftlerinnen und Wissenschaftlern aus Universitäten und Forschungsinstituten gemeinsam mit Fachleuten aus privaten Unternehmen aus der Pflanzenzüchtung und verwandten Bereichen der Bioökonomie bearbeitet. Die privaten Unternehmen sind in der Gemeinschaft zur Förderung von Pflanzeninnovation e.V. (GFPI) organisiert und tragen einen Teil der Kosten für ihre Teilprojekte selbst. Durch diese Vielfalt an Förderinstrumenten zur angewandten Pflanzenforschung soll der langfristige Erfolg der Bioökonomie in Deutschland sichergestellt werden.

Verteilung auf die Bundesländer Anteile akademischer Forschungseinrichtungen und Unternehmen

© Chr. Hilgardt



PFLANZENBIOTECHNOLOGIE DER ZUKUNFT

Ausführende Stellen in Deutschland nach Art der Einrichtung



© Chr. Hilgardt

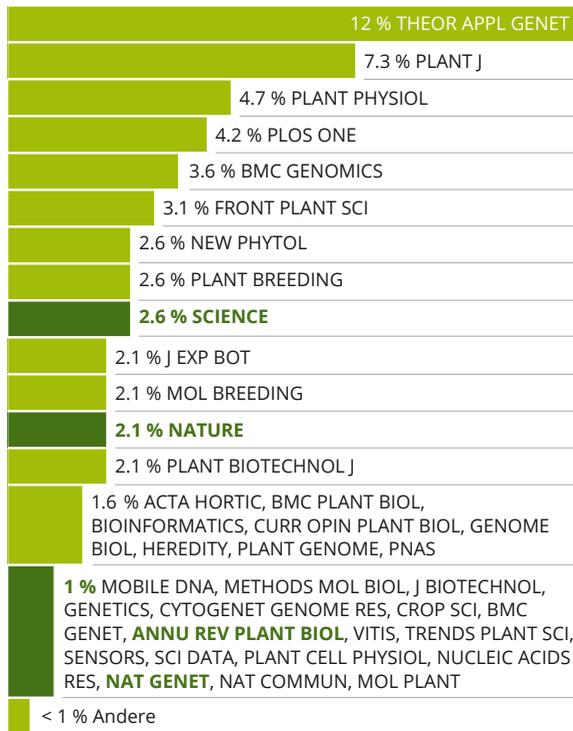
Trockenheit oder Kälte und Überflutungen trotzen und dennoch verlässliche Erträge liefern.

Damit gehört die Erforschung des Pflanzengenoms zu den wesentlichen Pfeilern einer wissenschaftsbasierten, international wettbewerbsfähigen Bioökonomie. Sie trägt zur Umsetzung aller fünf Handlungsfelder der NATIONALEN FORSCHUNGSSTRATEGIE BIOÖKONOMIE 2030 bei: Mit ihrer Hilfe kann man einen Beitrag zur weltweiten Ernährungssicherung leisten, die Agrarproduktion nachhaltig gestalten, gesunde und sichere Lebensmittel produzieren, nachwachsende Rohstoffe industriell nutzen und Energieträger auf Basis von Biomasse erzeugen. Indem die Pflanzengenomforschung einen Beitrag zur Attraktivität der europäischen Forschungsstandorte leistet, folgt sie überdies der HIGHTECH-STRATEGIE der Bundesregierung. Die Grundlagen für die Pflanzengenomforschung wurden in Deutschland vor allem durch die BMBF-Förderinitiative GENOMANALYSE IM BIOLOGISCHEN SYSTEM PFLANZE (GABI) gelegt, mit der das Ministerium von 1999 über einen Zeitraum von 15 Jahren zahlreiche Forschungsverbände und Einzelprojekte förderte. Diese frühzeiti-

PFLANZENBIOTECHNOLOGIE DER ZUKUNFT

Publikationsleistungen

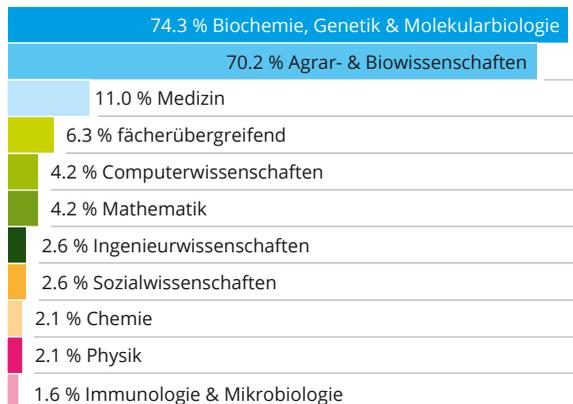
Wissenschaftliche Journale



Veröffentlichungsformate



Forschungsfelder



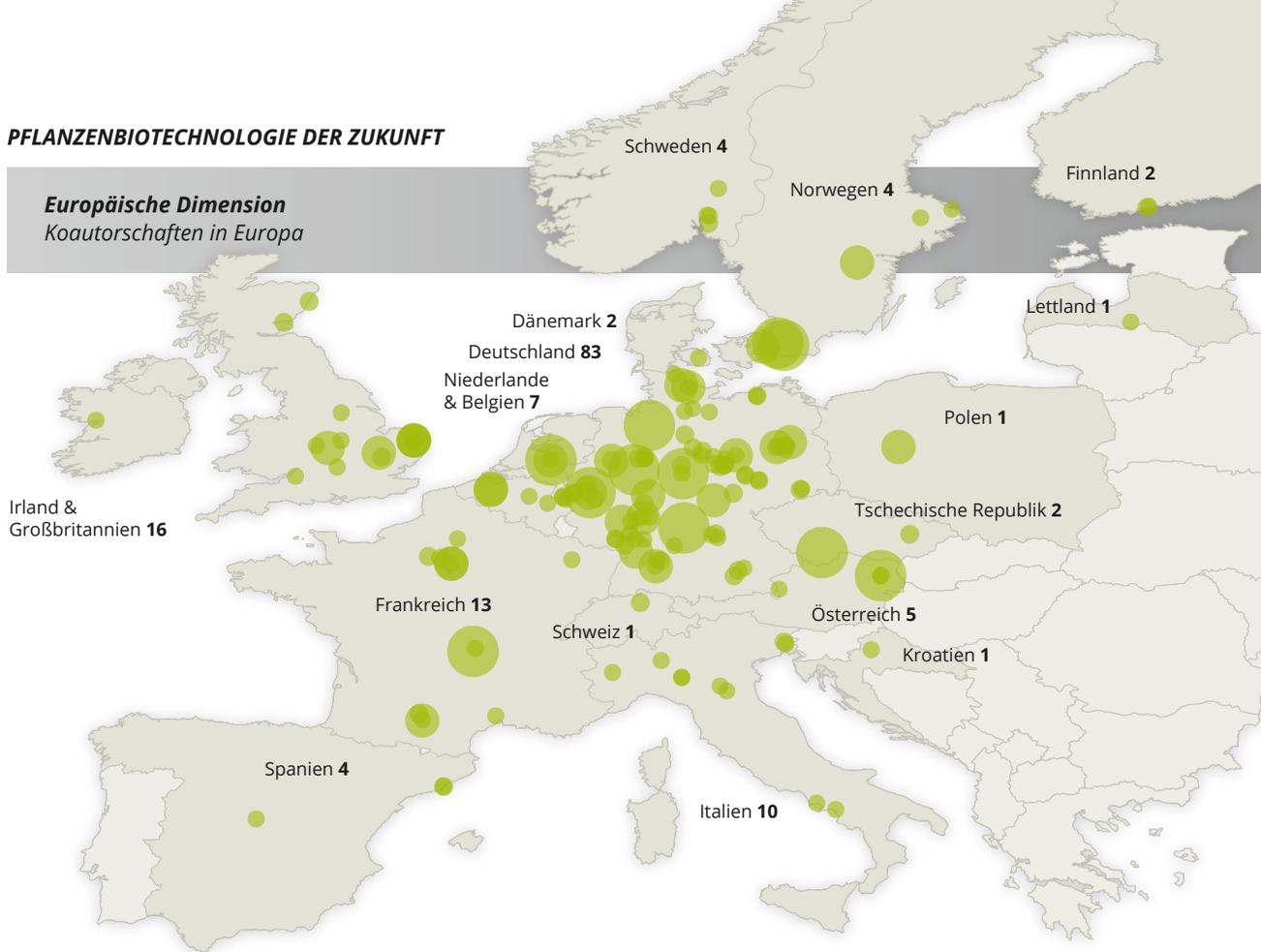
© Chr. Hilgardt

und Technologien schnell und zielgerichtet zur Anwendung kommen. Die über Jahre entstandenen Partnerschaften und Netzwerke bilden die Grundlage für eine Community, die sich sehr effizient über technische Neuerungen und ökonomische Anforderungen austauschen kann. Um diese Strukturen zu erhalten und zu festigen, bedarf es einer kontinuierlichen, langfristigen und weitsichtigen Projektförderung. Sowohl die Genomforschung, als auch die Züchtungsforschung an Pflanzen fordert einen langen Atem; die Zeiträume, die zur Entwicklung marktfähiger Produkte – sprich: neuer, besserer Pflanzensorten – benötigt werden, sind um ein Mehrfaches größer als beispielsweise im Ingenieursbereich.

Entsprechend dieser Vorgabe wurden im Rahmen der Initiative PFLANZENBIOTECHNOLOGIE DER ZUKUNFT insgesamt 27 Projekte zwischen 2011 und 2017 mit einer BMBF-Förderung unterstützt. Gefördert wurden überwiegend Forschungsverbünde mit Beteiligung von privaten Unternehmen. Besondere Beachtung fanden dabei Kooperationen mit kleinen und mittleren Unternehmen; von Großunternehmen wurde eine substantielle Beteiligung an den Kosten des Gesamtverbundes eingefordert. Die inhaltlichen Schwerpunkte der geförderten Forschungsvorhaben lagen auf ökonomisch und ökologisch bedeutsamen komplexen Merkmalen von Nutzpflanzen. Dagegen wurden Arbeiten an Modellpflanzen wie der Ackerschmalwand oder dem Wilden Tabak nur ausnahmsweise gefördert – dann nämlich, wenn entscheidende Impulse für die Züchtungsstrategien oder eine mittelfristige Übertragung der Erkenntnisse auf Kulturarten zu erwarten waren.

Unter den erforschten Pflanzen finden sich sowohl etablierte Bekannte wie die ökonomisch bedeutenden Getreidearten Weizen und Gerste sowie Mais, Raps und Zuckerrübe. Neben diesen so genannten Cash Crops sind auch bislang weniger intensiv untersuchte Arten wie Roggen, Wein oder Pappel, so-

Europäische Dimension
Koautorschaften in Europa



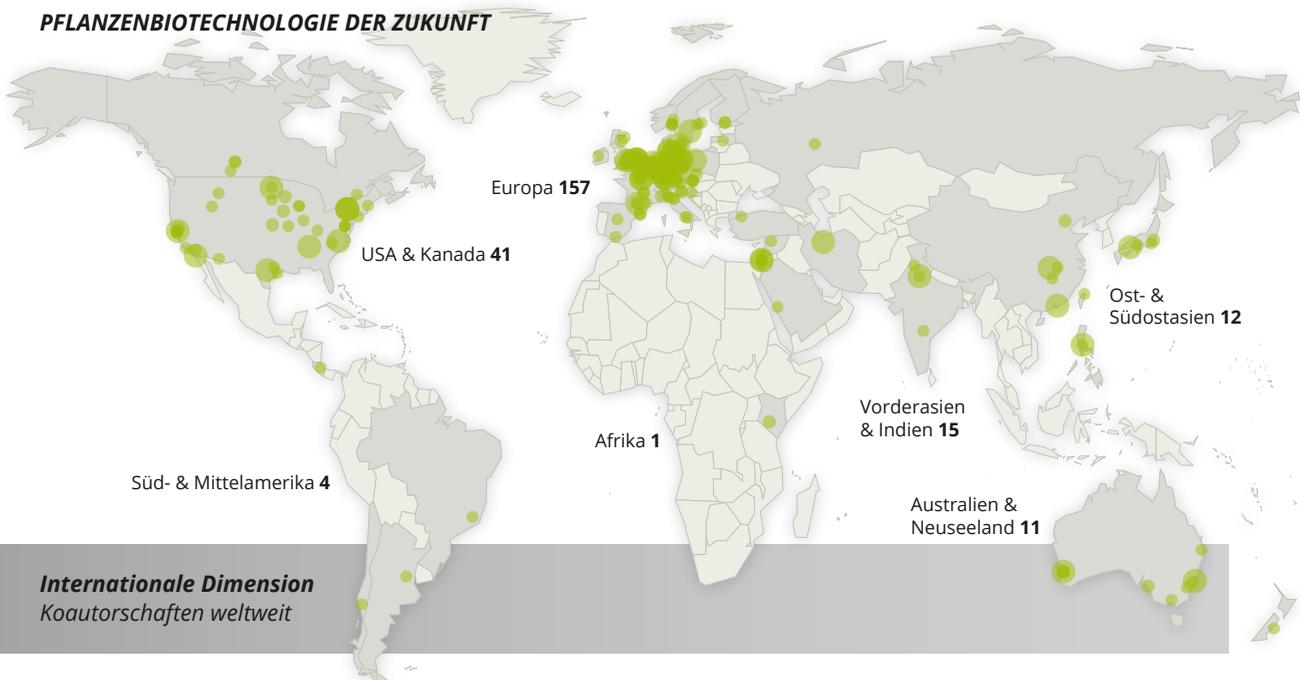
Standorte der Koautorinnen und -autoren der zwischen 2011 und 2017/18 entstandenen Publikationen in Europa. Insgesamt trugen rund 20 europäische Staaten mit rund 160 Institutionen mit mindestens einer Koautorschaft bei. © Chr. Hilgardt

wie Newcomer wie Sonnenblume und Löwenzahn vertreten. Was für die Auswahl der Pflanzen gilt, trifft auch auf die geförderten Projektpartner zu: Auch hier finden sich renommierte Wissenschaftlerinnen und Wissenschaftler aus Verbundprojekten, die bereits früher durch das BMBF gefördert wurden neben wissenschaftlichem Nachwuchs, der mit neuen Ideen auffiel und durch viel versprechende Projektanträge überzeugte.

Einige Projekte der Initiative PFLANZENBIOTECHNOLOGIE DER ZUKUNFT fokussierten nicht auf eine bestimmte Nutzpflanzenart, sondern auf die Entwicklung universell einsetzbarer Werkzeuge und ihrer Anwendung in der Pflanzenforschung. Dazu gehörte die Implementierung und Weiter-

entwicklung der Pflanzen-Primärdatenbank PPD mit dem Ziel, die bereits verfügbaren genomischen und transkriptomischen Ressourcen zu strukturieren und ihre Auswertung für die Annotation von Genen zu erleichtern. Im NUGGET-Verbund, einem Zusammenschluss von mehreren deutschen Pflanzenzüchtungsunternehmen und führenden akademischen Forschungsinstitutionen, wurden innovative Methoden für die Anwendung in Nutzpflanzen mit komplexen Genomen weiterentwickelt; sie sollen die rasche Entdeckung von modifizierten Genen in Populationen von natürlichen oder künstlich erzeugten Mutanten erleichtern. Das Projekt HAPLOIDS erprobte die Herstellung von haploiden Linien an so unterschiedlichen Nutzpflanzen wie Zuckerrüben, Mais und Weizen, für die bislang keine

PFLANZENBIOTECHNOLOGIE DER ZUKUNFT



Standorte der Institutionen mit mindestens einer Koautorschaft Weltweit waren rund 40 Nationen und rund 250 Institutionen durch Koautorschaften beteiligt. Quantitative Angaben beziehen sich auf die Anzahl beteiligter Institutionen. Unterschiedlich große Markierungen symbolisieren die Beteiligung an mehreren Publikationen. © Chr. Hilgardt

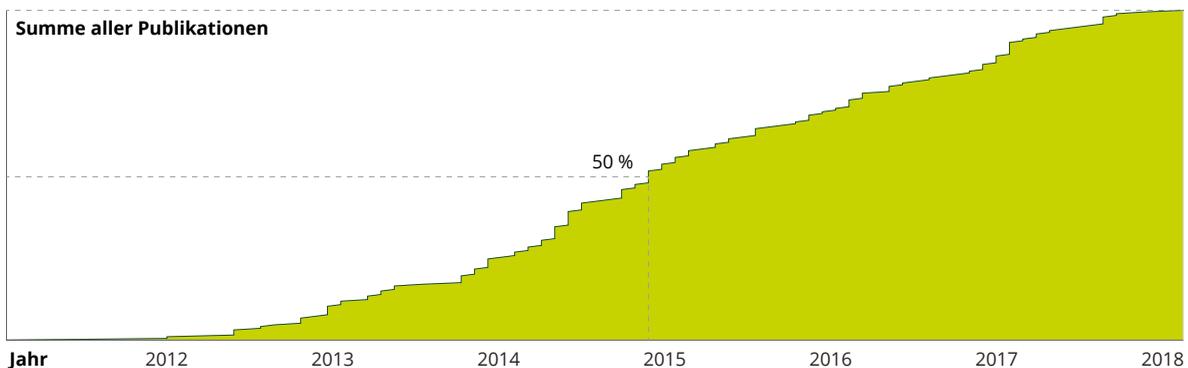
praktikable Technologie verfügbar ist. Durch immer tieferer Einblicke in das Pflanzengenom und die damit ermöglichte züchterische Optimierung von Nutzpflanzen tragen alle diese Forschungsprojekte zu einer nachhaltigen Bioökonomie bei. Elitesorten, die Stickstoff effizienter aufnehmen können, sind weniger stark auf mineralischen Dünger angewiesen und

neu entwickelte Kulturen, die über eine natürliche Resistenz gegen Schadorganismen verfügen, bringen auch bei geringem Pestizideinsatz stabile Erträge. Eine Vielzahl von Forschungsverbänden suchte daher nach effektiven Möglichkeiten zur Steigerung der Widerstandskraft ausgewählter Nutzpflanzen gegen abiotische und biotische Stressfaktoren. So

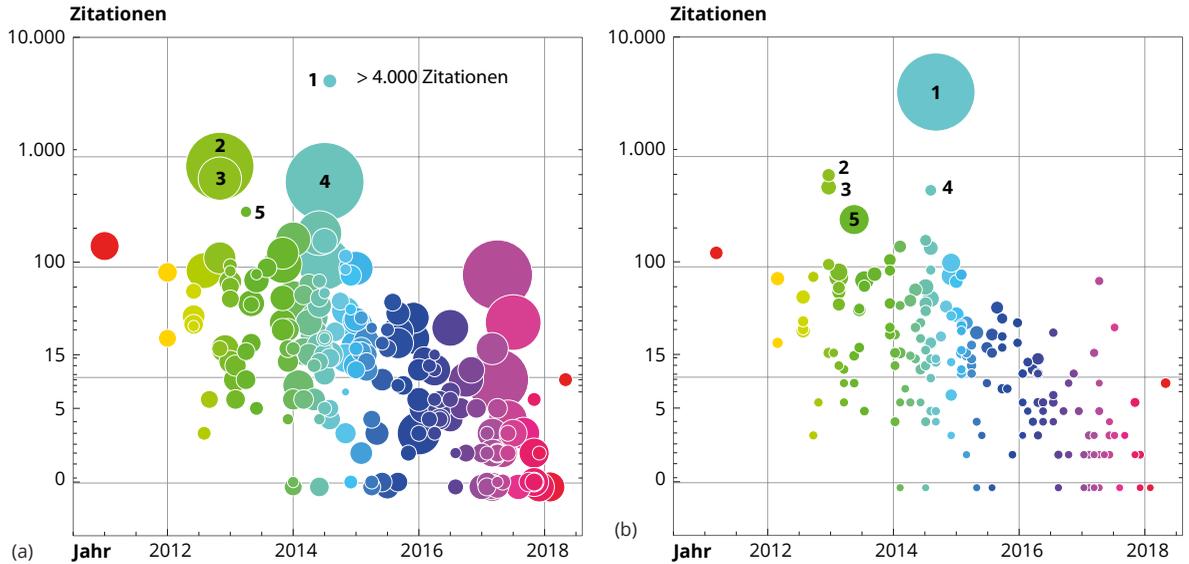
PFLANZENBIOTECHNOLOGIE DER ZUKUNFT

Nachhaltigkeit der Förderung Publikationsaktivität (aufsummierte Darstellung)

© Chr. Hilgardt



PFLANZENBIOTECHNOLOGIE DER ZUKUNFT



Wissenschaftliche Beachtung Zitationszahlen der Publikationen nach Veröffentlichungsdatum (halblogarithmische Darstellung). Jede Markierung entspricht einer Publikation. In (a) ist die Größe der Kreise proportional zur Anzahl der beteiligten Autorinnen und Autoren. Große Kreise ergeben sich aus der Zusammenarbeit großer (internationaler) Konsortien. In (b) wurde die Zitationszahl auf die Anzahl dieser Personen normiert. Große Kreise stehen für eine hohe wissenschaftliche Beachtung aufgrund der Leistung weniger Einzelpersonen. Die fünf hervorgehobenen Publikationen sind die am häufigsten zitierten Veröffentlichungen (Stand: Mai 2018). © Chr. Hilgardt

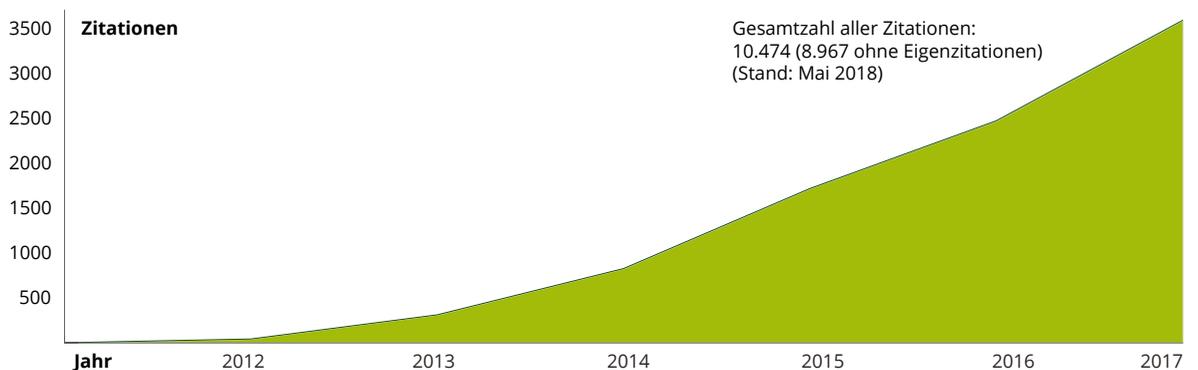
entwickelte und prüfte etwa das AMAIZING-Projekt neue Strategien, um tropische Maisformen mit effizienterem Stickstoff- oder Wassernutzungsvermögen, höherer Kältetoleranz oder Schädlingsresistenz systematisch für die Verbesserung von europäischen

Maissorten zu nutzen. NITRO SUS und CROPTIMISE entwickelten genetische oder genomische Ansätze zur Verbesserung der Stickstoffverwertung bei Getreide respektive Raps. CLIMATE CHANGE suchte in assoziationsgenetischen Studien nach einer kombi-

PFLANZENBIOTECHNOLOGIE DER ZUKUNFT

Wissenschaftliche Beachtung Anzahl der Zitationen pro Jahr

© Chr. Hilgardt



nierten Hitze- und Trockentoleranz bei Gerste, während FROWHEAT Pre-Breeding-Material des Weizens mittels genomweiter Betrachtung hinsichtlich Frosttoleranz evaluieren konnte. POP MASS entwickelte neue Gentechnologien zur Steigerung der Biomasse in Pappeln. Der Verbund BARLEY-FORTRESS machte sich Erkenntnisse über Gene der Gerste zunutze, um die quantitative Resistenz dieser ökonomisch wichtigen Pflanze gegen den Mehltaupilz und möglicherweise gegen weitere Schadpilze gezielt zu erhöhen. Die Initiative CEREAL-ROOT erforschte, wie Pfahlwurzeln auf biotischen und abiotischen Stress reagieren – um mit diesem Wissen Gene zu identifizieren, die an der Krankheitsresistenz und Trockentoleranz von Getreide beteiligt sind. Mit relevanten Ertragsparametern bei Weinreben und deren Befall durch Mehltau befasste sich der Verbund PHENO VINES; zur Phänotypisierung hinsichtlich dieser Merkmale wurde ein Roboter mit speziellem Kamera-System konstruiert, der auf Basis von GPS-Koordinaten autonom durch den Weinberg navigieren und dabei die Pflanzengesundheit und die Höhe des Ertrags überwachen kann.

RYE SELECT entwickelte eine genombasierte Präzisionszuchtungsstrategie für Roggen mit besonderem Fokus auf agronomisch bedeutsame Merkmale wie Frosttoleranz, Ertrag und Kornqualität; zugleich konnte ein internationales Konsortium unter Führung von RYE SELECT die vollständige Sequenzierung des Roggen-Genoms abschließen. Der TRITEX-Verbund (Seite 20) übernahm die Führungsrolle in größeren internationalen Konsortien mit hunderten Beteiligten und erwirkte so die komplette Sequenzierung und weitere Analyse der komplexen Genome von Gerste und Weizen. Dieses Projekt soll hier ausführlich vorgestellt werden – zusammen mit fünf weiteren Forschungsverbänden, die mit finanzieller Unterstützung des BMBF vorangetrieben wurden: ANNO BEET (Seite 28) konnte agronomisch bedeutsame Gene im Genom der Zuckerrübe verorten und so für die Nutzung

in der Pflanzenbiotechnologie zugänglich machen. PRE-BREED YIELD (Seite 34) hat umfangreiche Ressourcen geschaffen, um die Ertragssteigerung bei Raps durch zielgerichtete Züchtung zu unterstützen. INNO GRAIN-MALT (Seite 42) hat die Grundlage zur Züchtung trockenoleranterer Gerstelinien mit verbessertem Samenertrag und gesteigerter Brauqualität gelegt. SUNRISE (Seite 48) entwickelte einen Chip, der die Genom-basierte Züchtung von Sonnenblumen für gesteigerten Ertrag, höhere Ertragsstabilität und verbesserte Züchtungseffizienz ermöglicht. TARULIN (Seite 54) hat erstmals den russischen Löwenzahn als nachhaltige Quelle für die lokale Produktion von Latex, Kautschuk und Inulin ins Auge gefasst. Die ausgewählten Projekte stehen exemplarisch für das überaus weite Spektrum der Forschungsfragen, die durch das Förderkonzept PLANT 2030 wichtige Antworten gefunden haben.

PFLANZENBIOTECHNOLOGIE DER ZUKUNFT auf YouTube

SUNRISE

Die Rückkehr der Sonnenblumen:
Durchbruch in der Resistenzzüchtung



PRE-BREED YIELD

Frischzellenkur für Raps: Ertragsstabilität
durch mehr genetische Vielfalt



HYWHEAT

Revolution auf dem Acker:
Der Hybridweizen kommt



PHENO VINES

Der digitalisierte Weinberg:
Kollege Roboter unterstützt die Züchter

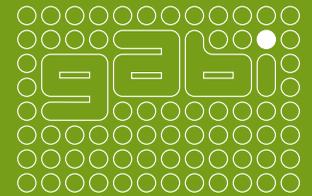


POP MASS

Kandidaten für mehr Holz:
Pappeln im Aufwind



15 Jahre Genomforschung an Pflanzen: Evaluation attestiert GABI Erfolg



1998 fiel der Startschuss für die Forschungsinitiative GENOMANALYSE IM BIOLOGISCHEN SYSTEM PFLANZE (GABI). Von 1999 bis 2014 förderte das BMBF mit rund 140 Millionen Euro insgesamt 126 Verbund- und Einzelprojekte. An fast 40 Prozent der Forschungsvorhaben beteiligten sich deutsche Unternehmen – mehrheitlich kleine und mittelständische Betriebe – und steuerten zusätzliche 20 Millionen Euro zum Fördervolumen bei (Public-Private-Partnership). Die Ziele dieser konzentrierten Maßnahme waren klar formuliert: Sie sollte die wissenschaftliche Basis der Pflanzengenomforschung stärken, umfassende Informationen zu wirtschaftlich bedeutenden Pflanzengenomen generieren und zugänglich machen, einen effizienten Wissenstransfer zwischen Forschung und Wirtschaft sicherstellen, ein Kompetenznetzwerk schaffen sowie eine rasche Überführung der Forschungsergebnisse in Produkte mit hohem Wertschöpfungspotenzial ermöglichen.

Heute steht fest: 15 Jahre GABI waren ein voller Erfolg. Zu diesem Schluss kommt eine abschließende Evaluation der Fördermaßnahme. Die Auswertung fußt auf 155 telefonisch oder persönlich geführten Interviews mit Vertreterinnen und Vertretern aus GABI-Gremien, wissenschaftlichen Einrichtungen und privatwirtschaftlichen Unternehmen sowie mit Wissenschaftlerinnen und Wissenschaftlern, deren GABI-Anträge abgelehnt worden waren. Außerdem wurden Personen aus Frankreich, den USA, Japan und Großbritannien für ein Benchmarking zu entsprechenden Förderprogrammen in ihren Heimatländern befragt. Über 90 Prozent der Befragten waren mit der Förderaktivität sehr zufrieden oder zufrieden. Besonders hervorgehoben wurde die neu entstandene Pflanzenforschungs-Community,

die entscheidend zur Zielerfüllung beigetragen hat. Insgesamt hat GABI nach Meinung von zwei Dritteln der befragten Fachleute zu einer neuen Art der Zusammenarbeit in den Verbänden aus Wissenschaft und Wirtschaft geführt. Auch die internationalen Kooperationen bei GABI wurden durchweg als überaus nützlich eingestuft; häufig gelang damit der Transfer von Know-how und Technologien, die in Deutschland zuvor nicht verfügbar waren.

Diese Einschätzungen werden von objektiven Zahlen untermauert. Aus GABI-Projekten sind weit über 1.000 Fachpublikationen hervorgegangen – ein im Benchmark-Vergleich guter Wert. Auch die Zahl der Patente liegt mit rund 40 im erwarteten Bereich, da in der Pflanzenzüchtung weniger der Patentschutz als der – meist erst nach jahrelanger Entwicklungsdauer erreichbare – Sortenschutz angestrebt wird. Als Folge der BMBF-Förderung konnten zusätzlich zum eingebrachten Eigenanteil der Unternehmen rund 80 Millionen Euro, größtenteils von der Deutschen Forschungsgemeinschaft (DFG), für die Pflanzenforschung in Deutschland mobilisiert werden. Jedes dritte GABI-Projekt brachte Produkte und Dienstleistungen hervor, die überwiegend in der Grundlagenforschung sowie im Bereich Tool-/Plattform-Technologie genutzt werden können. Insbesondere in akademischen Einrichtungen haben GABI-Projekte direkt rund 300 und als Folgeeffekt weitere rund 350, wenn auch zeitlich befristete Arbeitsplätze geschaffen. Etwa 180 Master- und Diplomarbeiten sowie rund 200 Doktorarbeiten gingen aus GABI-Projekten hervor und demonstrieren den Beitrag der Initiative zur Sicherung des wissenschaftlichen Nachwuchses.

TRITEX Weizen und Gerste: Ein Riesengenom und seine kleine Schwester – Deutsches Konsortium befeuert die internationale Forschung an Getreide-Genomen

Gerste und Weizen gehören als älteste Getreidearten noch heute zu den wichtigsten Grundnahrungsmitteln der Menschheit. Sie liefern nicht nur unser täglich Brot, sondern auch viele weitere Lebens- und Genussmittel wie Grießbrei und Pasta, Bulgur und Couscous, Bier und Whiskey. Doch die Erträge dieser wichtigen Nutzpflanzen steigen langsamer an als die Nachfrage an den Weltmärkten. Das PLANT-2030-Konsortium TRITEX hat wesentlich dazu beigetragen, die komplex aufgebauten Genome der beiden nah verwandten Getreidearten zu analysieren. Damit ist der Weg frei für die Züchtung von dringend benötigten ertragreicheren und widerstandsfähigeren Sorten.

Weizen mit seinen verschiedenen Arten und Sorten ist zusammen mit Mais und Reis die am häufigsten angebaute Nutzpflanze der Welt. Rund ein Fünftel der vom Menschen verzehrten Kalorien stammen aus dem Korn des Weichweizens *Triticum aestivum*, der wegen seiner guten Backeigenschaften auch Brotweizen genannt wird. Diese Zahlen führen eindringlich vor Augen, welche enorme Bedeutung zuverlässig hohe Weizenträge für die Welternährung haben. Umso besorgniserregender ist die Einschätzung des in-

ternationalen Getreiderates, der die globale Versorgungslage als angespannt bezeichnet: Demnach bleiben die Ernten hinter dem weltweiten Bedarf zurück. „Im Mitteleuropäischen Raum sehen wir in den vergangenen zwei Jahrzehnten eine Stagnation im Ertragszuwachs bei Weizen“, sagt Dr. Nils Stein, der die Arbeitsgruppe Genomik Genetischer Ressourcen am Leibniz-Institut für Pflanzengenetik und Kulturpflanzenforschung (IPK) in Gatersleben leitet und das Forschungsprojekt TRITEX koordiniert hat. Verschärft wird das Problem noch durch den bevorstehenden Klimawandel: Er könnte die Versorgung mit Weizen weiter verschlechtern, weil die heutigen Hochleistungssorten nicht an häufigere und längere Trockenperioden, insgesamt instabilere klimatische Bedingungen und drohenden Schädlingsbefall angepasst sind.

Die Pflanzenzüchtung ist deshalb gefordert, Weizen und andere Getreidearten aus der Süßgräsergruppe der *Triticeae* – insbesondere die nah verwandte Gerste – besser gegen Trockenheit zu wappnen und ihre Widerstandskraft gegen Pflanzenkrankheiten zu stärken. Ebenso wie bei allen anderen Nutzpflanzen ist dabei die Kenntnis der genetischen Anlagen unerlässlich. Hier setzte das TRITEX-Konsortium an, an dem neben Steins Team am IPK zwei Arbeitsgruppen am Fritz-Lipmann-In-



Gerste und Weizen gehören als älteste Getreidearten noch heute zu den wichtigsten Grundnahrungsmitteln der Menschheit. Sie liefern nicht nur unser täglich Brot, sondern auch viele weitere Lebens- und Genussmittel wie Grießbrei und Pasta, Bulgur und Couscous, Bier und Whiskey. Foto: IPK Gatersleben/ Nils Stein

stitut (FLI) in Jena und am Helmholtz Zentrum München beteiligt waren. Die TRITEX-Forscherinnen und -Forscher konnten den bisherigen Entwurf der Gerstegenomsequenz durch eine präzisere physische Genkarte deutlich verbessern. Mit ihrem so gewonnenen Know-how wirkten sie auch als Partner des Internationalen Weizen-Genom-Sequenzierungskonsortiums (IWGSC) an der Erstellung einer detaillierteren physischen Genkarte des Brotweizengenoms mit. Mit einer genauen Annotation, sprich: der präzisen Lokalisierung funktioneller und struktureller DNA-Elemente in den Sequenzen der einzelner Chromosomen, schufen sie zudem die Voraussetzung für eine leichtere Bestimmung von Genfunktionen des Brotweizengenoms. Die zugrundeliegenden Arbeiten mündeten in den Jahren 2012 bis 2017 in zahlreiche hochrangige Veröffentlichungen, darunter fünf Fachpublikationen in *Science* und vier in *Nature* und *Nature Genetics*.

Dass sich das TRITEX-Team mit Gerste und Weizen gleich zwei Getreidearten vorgenommen

hat, liegt zum einen an der wirtschaftlichen Bedeutung dieser Nutzpflanzen. Denn ebenso wie Weizen leistet auch die Gerste einen wichtigen Beitrag zur globalen Nahrungsmittelversorgung; in Deutschland ist sie besonders als Futterpflanze und als Rohstoff für das Bierbrauen gefragt. Entscheidend sei jedoch auch die enge Verwandtschaft dieser beiden Süßgräser, erläutert Nils Stein: „Man hat in den 1990er-Jahren festgestellt, dass die sieben Chromosomen des Gerstegenoms in der Anordnung ihrer Gene einzelnen Chromosomen des Weizengenoms entsprechen“. Aus Sicht der Genetiker erscheint die Gerste *Hordeum vulgare* quasi als kleine Schwester des Weizens: Ihr Genom ist mit seinem zweifachen Chromosomensatz nur ein Drittel so groß wie dasjenige des Weichweizens, dessen insgesamt sechs Chromosomensätze in drei Subgenomen vereint sind. Deshalb war es naheliegend, zunächst das Genom der Gerste zu analysieren und dabei geeignete technologische Ansätze zu entwickeln, um diese anschließend für die Erforschung des Weizengenoms einzusetzen.

Das Weizengenom vereint das Erbgut von drei Arten

Mit rund 17 Milliarden Basenpaaren oder 17 Gigabasen ist das Genom des Weich- oder Brotweizens fast sechsmal so groß wie das des Menschen. Dieses Riesengenom entstand durch die Fusion mehrerer nah verwandter Süßgräser, die jeweils einen doppelten – in der Biologie spricht man von einem diploiden – Satz ihrer sieben Chromosomen eingebracht haben: Vermutlich paarten sich zunächst zwei wilde Grasarten, deren Erbgut auf jeweils 2 x 7 Chromosomen aufgeteilt war. Aus dieser Kreuzung könnte der Wilde Emmer mit seinem tetraploiden Genom aus 4 x 7 Chromosomen entstanden sein, der sich in einem langen züchterischen Auswahlprozess zunächst zum Emmerweizen und dann zum ebenfalls tetraploiden Hartweizen entwickelte. Aus der Kreuzung von wildem Emmer/Emmerweizen mit einem weiteren diploiden Wildweizen ging schließlich der hexaploide Weichweizen mit seinen 6 x 7 Chromosomen hervor.

Im heutigen Weichweizen sind also drei unterschiedliche Subgenome A, B und D in einer Spezies vereint, von denen jedes in etwa die Größe eines Gerstegenoms hat. Die drei Subgenome sind einander – und auch dem Gerstegenom – sehr ähnlich; es gibt kaum Unterschiede bei der Anzahl und Anordnung der Gene auf den sieben Chromosomen. Wie die Evolution des Weichweizens im Einzelnen vor sich ging, ist noch nicht vollständig geklärt. Bisher

dachte man, dass das hexaploide Genom AABBDD aus drei unabhängigen Vorläufergenomen AA, BB und DD entstanden sei. Nach neuesten Analysen, an denen auch das TRITEX-Konsortium beteiligte war, hat das D-Genom seinen Ursprung im A- und B-Genom; später vereinigte sich das D-Genom wieder mit seinen beiden Schwestergenomen A und B und formte den hexaploiden Weichweizen.

Obwohl das Riesengenom des Weichweizens hexaploid ist, verhält es sich wie ein diploider Organismus, der seine Chromosomen bei jeder Zellteilung gleichmäßig auf zwei Tochterzellen aufteilen kann. „Uns hat interessiert, wie diese Subgenome zusammenarbeiten und sich abstimmen“, sagt TRITEX-Partner Klaus Mayer, der am Helmholtz Zentrum München die Abteilung Genom und Systembiologie der Pflanzen leitet. Dabei seien mehrere Szenarien denkbar, so der Bioinformatiker: Entweder könnte ein Subgenom über die beiden anderen herrschen oder alle drei Subgenome könnten gleichberechtigt zusammenarbeiten. Mayers Team fand heraus, dass die Wahrheit wohl zwischen diesen beiden Extremen liegt: Kein Subgenom ist ständig dominant. Doch für bestimmte Aufgaben ist in der Regel nur eines der drei Subgenome zuständig; die korrespondierenden Genkopien in den anderen Subgenomen werden entsprechend herunterreguliert. „Diese Vorstellung wird schon seit einigen Jahren diskutiert. Wir konnten sie jetzt zum ersten Mal auf molekularer Ebene bestätigen“, erklärt Mayer. Einige besonders wichtige zentrale Gene steuern dabei Gruppen von anderen Genen – vergleichbar den Stimmgruppenführern in einem Orchester, die den Streichern oder Bläsern den Einsatz geben. Auch diese Erkenntnisse zu Steuerprozessen innerhalb des Weizengenoms können – ebenso wie das detaillierte Verständnis bestimmter Genfunktionen und die Entwicklung molekularer Marker – bei der Züchtung neuer Sorten helfen, die besser mit veränderten klimatischen Bedingungen zurechtkommen und resistenter gegen Krankheiten sind.

Die Forschungsarbeiten am Gerstegenom reichen weit vor das TRITEX-Projekt zurück. „Das Bundesministerium für Bildung und Forschung (BMBF) hatte schon in der vorangehenden Förderphase die strategische Entscheidung getroffen, die Analyse des Gerstegenoms zu unterstützen, auch um Sichtbarkeit für Deutschland in diesem Bereich der Pflanzengenomforschung zu schaffen. Wir waren deshalb relativ früh in der Lage, eine Art Leadership-Rolle zu übernehmen. Bereits 2006 sind wir auf internationaler Ebene an verschiedene Partner herangetreten und haben ein Strategiepapier entworfen, das die Gründung eines internationalen Konsortiums zur Sequenzierung des Gerstegenoms angestoßen hat. Schon ab 2007 wurden wir im Programm GABI FUTURE mit dem Projekt BARLEX gefördert“, betont Nils Stein und holt noch weiter aus: „Auch BARLEX hatte ein Vorläuferprojekt, das von der Leibniz-Gesellschaft im Rahmen des Pakt für Forschung und Innovation gefördert wurde. In diesem Leuchtturmprojekt hatten wir damit begonnen, eine physische Karte für das Gerstegenom zu erstellen. Der Zuschlag vom BMBF für BARLEX hat es uns dann ermöglicht, diese physische Karte zu vervollständigen. Dabei konnten wir auch neueste Sequenzieretechniken der 2. Generation einsetzen und damit testen, in-

wieweit wir auch ein komplexeres Genom wie das der Gerste sequenzieren können.“

Wenn Nils Stein von „wir“ spricht, meint er damit seine Projektpartner Professor Klaus Mayer vom Helmholtz Zentrum München und Dr. Matthias Platzer vom Fritz-Lipmann-Institut in Jena. Platzer war schon im Jahr 2000 am Humangenomprojekt beteiligt; die erste Next-Generation-Sequenzierungsmaschine in Deutschland stand bereits 2006 in seinem Labor, als diese Geräte gerade erst eingeführt wurden. „Wir haben diese Technik hier in Jena etabliert und dann zunächst in BARLEX und später in TRITEX auch für die weitere Sequenzierungsstrategie im Gerste- und Weizen-genom mehrere unterschiedliche technologische Ansätze entwickelt“, erzählt der Evolutionsbiologe. Einer dieser Ansätze zielte auf die Sequenzierung des gesamten Genoms in einem Schritt ab. Das Problem: Die heute verfügbaren Technologien können bestenfalls mehrere tausend Nukleotide an einem Stück sequenzieren. „Da das Genom der Gerste aber mehr als fünf Milliarden Nukleotide besitzt und wir mit einer Sequenzlänge von rund 100 Nukleotiden gearbeitet haben, mussten wir es in 50 Millionen solcher Stücke zerschlagen und diese vielen Fragmente dann wie ein Puzzle

„Da das Genom der Gerste aber mehr als fünf Milliarden Nukleotide besitzt [...], mussten wir es in 50 Millionen solcher Stücke zerschlagen und diese vielen Fragmente dann wie ein Puzzle wieder zusammensetzen.“



Das BMBF hatte schon in der vorangehenden Förderphase die strategische Entscheidung getroffen, die Analyse des Gerstegenoms zu unterstützen, auch um Sichtbarkeit für Deutschland in diesem Bereich der Pflanzengenomforschung zu schaffen. Foto: FLJ/ Anna Schroll

wieder zusammensetzen“, erläutert Platzer, und weiter: „Beim Whole-Genome-Sequencing wird das gesamte Genom auf einmal fragmentiert und so lange im Hochdurchsatz sequenziert, bis man es mehrfach in kleineren Stücken abgedeckt hat. Dann hat man die Möglichkeit, aus den zufälligen Überlappungen von Einzelsequenzen größere Einheiten zu rekonstruieren. Wir haben das gesamte Gerstegenom fünfmal abgedeckt und konnten dabei mehr als eine Gigabase rekonstruieren.“ Zwar wurde damit nur etwa ein Fünftel des 5,1 Gigabasen großen Gerstegenoms erfasst, aber dieses Fünftel besteht hauptsächlich aus so genannten unikalen Bereichen, in denen auch der größte Teil der Gene liegt. „Mit diesem Teil des Genoms konnten wir erstmals einen Katalog der Gene im Gerstegenom erstellen. Das ist ein wichtiger Schritt zum Verständnis des Gerstegenoms und die Basis für alle weiteren funktionellen und potenziell auch

züchterisch interessanten Analysen“, betont der Jenaer Wissenschaftler.

Die restlichen vier Fünftel des Gerstegenoms bestehen aus DNA-Abschnitten, die keine kodierende Funktion besitzen, vor allem repetitive Sequenzen sowie so genannte Pseudogene und Fragmente, die bestimmten Abschnitten in echten Genen ähneln. Die Kunst der Genomforschung ist es nun, in diesem Wald aus nicht kodierenden genetischen Elementen die Bäume alias Gene auszumachen. „Genome erforscht man am besten, indem man verschiedene Expertisen koppelt“, sagt Helmholtz-Forscher Klaus Mayer und weist auf Parallelen im Fußball hin: „Ein guter Torwart garantiert den Sieg genauso wenig wie ein einziger guter Stürmer. Man muss eine Mannschaft mit verschiedenen Experten haben, die alle gut zusammenspielen“. Bei der Genomanalyse brau-

che es Fachleute, die sich aufs Sequenzieren verstehen, also die korrekte Abfolge der Basenpaare ermitteln. Doch im nächsten Schritt müsse diese Sequenz analysiert werden, sagt der Münchner Forscher und führt aus, welche Fragen sich dabei stellen: „Wo liegen die einzelnen Gene, wo fangen sie an, wo hören sie auf? Was sind das für Gene, wie ist ihre Struktur, wie werden sie abgelesen?

Und wo sind repetitive Sequenzen und andere nicht proteincodierende Elemente? Das muss man alles charakterisieren, klassifizieren, in Datenbanken einspeisen und dann verfügbar machen.“

Um proteincodierende Gene zu charakterisieren, benötigt man Expressionsdaten in Form von Messenger-RNA (mRNA). „Aber nicht für alle Gene hat

Der Großteil der Getreidegenome codieren nicht für Proteine

Vier Fünftel des Gerstengenoms besteht aus sich wiederholenden Abfolgen von Basenpaaren, so genannten repetitiven Sequenzen. Diese DNA-Bereiche haben oft keine kodierende Funktion. Damit steht die Gerste nicht alleine da: Repetitive Elemente gibt es im Genom aller Lebensformen; bei manchen Pflanzen nehmen sie bis zu 90 Prozent der Erbmasse ein, beim Menschen immerhin fast die Hälfte. Lange Zeit als „Junk DNA“ (Schrott-DNA) abgetan, werden diesen Nukleotidsequenzen heute wichtige Aufgaben für den strukturellen Aufbau und die Flexibilität von Genomen und den durch sie bestimmten Lebewesen zugesprochen. „Wären sie nämlich entbehrlich, dann sollten sie im Laufe der Evolution längst verloren gegangen sein“, argumentiert Matthias Platzer vom Fritz-Lipmann-Institut in Jena: „Diese Bereiche erlauben es dem Genom, sich neu zu strukturieren

und damit schneller an sich wandelnde Umweltbedingungen anzupassen“, erklärt der Wissenschaftler und vergleicht die Elemente mit einem Legobaukasten: „Mit gleichen Steinen unterschiedlicher Farben können Sie sehr viele verschiedene Muster generieren, indem Sie die Steine an ihren Kupplungsstellen aneinanderstecken. Die repetitiven Elemente spielen die Rolle dieser Kupplungsstellen zwischen einzelnen Bausteinen eines Genoms. Wenn solche Kupplungsregionen sehr häufig in einem Genom vorkommen, dann kann sich dieses Genom sehr schnell evolvieren. Und das ist bei Pflanzen, die ja ortsgebunden sind und nicht vor veränderten Umweltbedingungen fliehen können, eine Möglichkeit, sich anzupassen und zu überleben“. Darüber hinaus böten repetitive Elemente dem Genom noch weitere Optionen, so Platzer: „Oft werden Gruppen von Genen durch gemeinsame Steuerelemente geregelt. Und wenn man solche Gengruppen durch Umstrukturierungen neu mischt, dann kann das zu neuen Merkmalen führen. Auch hieran können repetitive Elemente beteiligt sein.“ Außerdem, erläutert der Biologe, könne die Evolution relativ folgenlos mit jenen Elementen experimentieren, denen im Moment keine Funktion zukommt – um dabei neue Gene zu schaffen oder inaktivierte Gene in veränderter Form neu entstehen zu lassen.

man solche Daten, und da muss man im Trüben fischen, sprich: auf andere Methoden zurückgreifen, um aus diesen Daten Gene herauszufiltern“, erläutert Klaus Mayer. Als besonders ergiebige Methode erwies sich der Vergleich der Gerste mit einem unscheinbaren Wildgras, der Zweijährigen Zwenke *Brachypodium distachyon*. Der Münchner Bioinformatiker war bereits im Jahr 2010 als Partner eines internationalen Konsortiums an der vollständigen Sequenzierung des *Brachypodium*-Genoms beteiligt, das mit nur 350 Megabasen recht klein und überschaubar ist. Zudem ist das Gras relativ nah mit Weizen verwandt; erst vor rund 35 Millionen Jahren trennten sich ihre Wege. Dieses Vorwissen machten sich die Münchner Bioinformatikerinnen und Bioinformatiker um Klaus Mayer zunutze. Im Rahmen des TRITEX-Projektes verglichen sie die Abfolge der Gene des *Brachypodium*-Genoms mit den korrespondierenden Genen von Gerste und Weizen und konnten so die wahrscheinliche Position dieser Gene in den großen Getreidegenomen ableiten. „Dieser Abgleich hat sehr gut funktioniert. Zwar konnten wir damit nicht 100 Prozent der Gene zuordnen, aber weit über 90 Prozent. Es gibt wohl einige wenige zusätzliche Gene im Genom von Weizen und Gerste. Doch dass die Getreidegenome so viel größer sind als das kleine *Brachypodium*-Genom, liegt hauptsächlich an den repetitiven Sequenzen“, behauptet Klaus Mayer und nennt beeindruckende Zahlen: „Wir konnten in TRITEX rund 34.000 Gerstegene vorhersagen. Außerdem enthält das Genom aber etwa 90.000 Pseudogene. Das zu unterscheiden, ist nicht immer ganz einfach, und auch die Definitionen sind nicht eindeutig. Doch wir denken, dass wir den Großteil der Gene des Gerstegenoms erfasst haben.“

Eine wichtige Aufgabe des TRITEX-Teams bestand darin, charakteristische Sequenzen im Erbgut zu identifizieren, die an agronomisch wichtige Eigenschaften der Kulturgräser gekoppelt sind. Solche wiedererkennbaren DNA-Bereiche dienen als

molekulare Marker, anhand derer sich gezielt erwünschte Merkmale in bestehende Sorten einkreuzen oder unerwünschte Eigenschaften beseitigen lassen. Insbesondere einzelne Basenpaare mit zwei alternativen Ausprägungsformen – so genannte Einzelnukleotid-Polymorphismen, kurz SNP – eignen sich als genetische Marker und ermöglichen es, die Züchtung verbesserter Sorten deutlich zu beschleunigen. Um solche SNP zu finden, muss man die Gene oder Genome möglichst vieler verschiedener Individuen einer Art sequenzieren und miteinander vergleichen, denn nur so zeigen sich unterschiedliche Nukleotid-Varianten. „Es ist uns gelungen, mit dem internationalen Gerstenkonsortium ein Projekt am Joint Genome Institute (JGI) in der Nähe von Berkeley in Kalifornien einzuwerben“, berichtet IPK-Forscher Nils Stein und weiter: „Dieses Institut bietet ein Community-Sequencing-Programm, das es Forschenden aus aller Welt erlaubt, dort Sequenzdaten zu generieren. So konnten wir insgesamt 200 Pflanzen aus zwei verschiedenen Gerstepopulationen sequenzieren und haben dabei fünf Millionen SNP-Marker gefunden. Das Projekt war so erfolgreich, dass wir diese Informationen benutzt haben, um wiederum zusammen mit dem JGI auch gleich noch eine Kartierungspopulation für Weizen zu sequenzieren und diese Daten dann dem Internationalen Weizen-Genom-Sequenzierungskonsortiums zur Verfügung zu stellen.“

Durch die Kooperation mit Kalifornien konnte das TRITEX-Team nicht nur Ressourcen aus der Projektförderung einsparen. „Mit den frei gewordenen Mitteln konnten wir zwei weitere Gerstechromosomen sequenzieren und hatten dann also schon drei von insgesamt sieben Chromosomen. Damit war plötzlich eine kritische Masse erreicht, und so konnten wir jetzt internationale Partner dafür gewinnen, die Sequenzierung des gesamten Genoms anzupacken“, erinnert sich Nils Stein. Arbeitsgruppen aus Australien, China, Groß-



*Weizen mit seinen verschiedenen Arten und Sorten ist zusammen mit Mais und Reis die am häufigsten angebaute Nutzpflanze der Welt. Rund ein Fünftel der vom Menschen verzehrten Kalorien stammen aus dem Korn des Weichweizens *Triticum aestivum*, der wegen seiner guten Backeigenschaften auch Brotweizen genannt wird.*

Foto: IPK Gatersleben/ Nils Stein

britannien und Dänemark schlossen sich zusammen und sequenzierten schließlich das gesamte Gerstengenom. Am Fritz-Lipmann-Institut wurde dabei erstmals eine Technik der 3. Generation eingesetzt, berichtet Matthias Platzer: „Damit lassen sich einzelne DNA-Moleküle sequenzieren, ohne dass man diese – wie bei allen früheren Techniken – vor der Analyse vervielfältigen muss. So konnten wir eine große Anzahl alternativ gesplissener mRNA-Moleküle analysieren, die man klar und eindeutig den jeweiligen Genen zuordnen kann. Das ist an der Gerste hier in Jena weltweit zum ersten Mal gemacht worden.“ Neben der Verfeinerung der physischen Kartierung des Gerstengenoms war ein erklärtes Ziel der TRITEX-Mitglieder, an der Erforschung des Weizengenoms mitzuwirken. Im Rahmen des internationalen Konsortiums war dem deutschen Projektteam das Weizenchromosom 6A zugeteilt worden. „Wir konnten für die Erstellung der 6A-Karte alle Techniken, die wir vorher beim Gerstengenom etabliert hatten, übertragen. Dabei haben wir zehn Millionen genetische Marker

für dieses eine Weizenchromosom gefunden“, sagt Nils Stein. Wie sich zeigte, liegen auf Chromosom 6A wichtige Gene, die dem Weizen eine natürliche Widerstandskraft gegen gefürchtete Pilzkrankheiten wie Mehltau oder Schwarzrost verleihen.

Der deutsche Beitrag an der Erforschung der Getreidegenome geht natürlich weit über die Charakterisierung des einen Weizenchromosoms hinaus, betont Matthias Platzer: „Entscheidend ist, dass unter der organisatorischen Leitung von Herrn Stein, der auch Leiter des internationalen Gerstengenomprojekts war, ein sehr komplexes Genom analysiert wurde. Nur in diesem Zusammenhang ist das TRITEX-Projekt in seiner Bedeutung zu würdigen. Durch diese BMBF-geförderte Forschung wurden die internationalen Konsortien überhaupt erst angestoßen. Im Humangenomprojekt war Deutschland nur Trittbrettfahrer und hat insgesamt 2,5 Prozent des Genoms beigetragen. Bei Gerste waren wir als deutsche Wissenschaftler federführend.“

ANNO BEET Das Genom als Geschichtsbuch: Im Erbgut der Zuckerrübe lassen sich Stammes- geschichte und Züchtungshistorie der Kulturpflanze nachlesen

Ein internationales Forschungsteam hat das Erbgut der Zuckerrübe sequenziert sowie den Großteil seiner genetischen Strukturen lokalisiert und funktionell beschrieben. Damit steht nun erstmals ein Referenzgenom eines Vertreters aus der weit verzweigten Pflanzenordnung der Nelkenartigen zur Verfügung. An den fundierten Analysen waren neben akademischen Forschungseinrichtungen auch zwei deutsche Unternehmen maßgeblich beteiligt. Die Studien brachten überraschende Erkenntnisse zur Stammesgeschichte der Nelkenartigen. Zudem lassen sie Rückschlüsse darauf zu, wie das Genom der Zuckerrübe in den letzten Jahrhunderten durch Züchtung verändert wurde und erleichtern die weitere züchterische Optimierung dieser ökonomisch bedeutenden Kulturpflanze.

Die Zuckerrübe ist eine vergleichsweise junge Kulturpflanze. Sie entstand erst Ende des 18. Jahrhunderts aus der Runkelrübe, die ihrerseits durch gezielte Züchtung aus der wilden Strandrübe hervorging. In den zwei Jahrhunderten ihrer Kultivierung konnte der Zuckergehalt der Rüben von acht auf 20 Prozent gesteigert werden. Heute wird knapp ein Drittel der weltweiten Zuckerproduktion durch Rübenzucker gedeckt; Deutschland und

Frankreich verfügen nach Russland über die größten Anbauflächen in Europa. Um die Leistungsfähigkeit dieser wirtschaftlich bedeutenden Ackerpflanze auch künftig zu erhalten, werden laufend neue Sorten entwickelt, die den Anforderungen wandelnder Umweltbedingungen gewachsen sind. Ihre Fortschritte hängen davon ab, wie gut sie die genetische Architektur der Zuckerrübe verstehen. Deren Erforschung hat das Bundesministerium für Bildung und Forschung (BMBF) durch seine vorausschauende Förderpolitik entscheidend vorangetrieben. Das Ergebnis ist ein voller Erfolg: Durch die gemeinsame Anstrengung von akademischen und privatwirtschaftlichen Partnern konnte das Genom von *Beta vulgaris ssp. vulgaris* vollständig sequenziert und weitgehend annotiert werden.

Unter Annotation versteht man eine möglichst genaue räumliche und funktionelle Zuordnung genetischer Elemente innerhalb des Genoms. Das heißt, man bestimmt die Position von Genen auf den verschiedenen Chromosomen und prüft, welche Proteine und sonstige Biomoleküle von ihnen kodiert oder anderweitig kontrolliert werden. Um die aufwändige Annotation des Zuckerrüben-genoms zu realisieren, haben drei akademische und zwei privatwirtschaftliche Institutionen im Projekt ANNO BEET zusammengearbeitet. Pro-



Die Zuckerrübe ist eine vergleichsweise junge Kulturpflanze. Sie entstand erst Ende des 18. Jahrhunderts aus der Runkelrübe, die ihrerseits durch gezielte Züchtung aus der wilden Strandrübe hervorging. Heute wird knapp ein Drittel der weltweiten Zuckerproduktion durch Rübenzucker gedeckt. Foto: KWS SAAT SE

fessor Bernd Weisshaar vom Centrum für Biotechnologie (CeBiTec) der Universität Bielefeld leitete das Forschungsprojekt gemeinsam mit Professor Heinz Himmelbauer vom Centre for Genomic Regulation (CRG) in Barcelona, Spanien. Außerdem waren Wissenschaftlerinnen und Wissenschaftler vom Max-Planck-Institut für molekulare Genetik in Berlin und der Technischen Universität Dresden an dem Forschungsvorhaben beteiligt. Ihre Arbeiten bauen auf der vorherigen Sequenzierung des Zuckerrübengenoms auf, an der mehrere Forschungskonsortien beteiligt waren.

Heinz Himmelbauer, der mittlerweile am Department für Biotechnologie an der Universität für Bodenkultur in Wien forscht, befasst sich seit 2004 mit der Aufklärung des Zuckerrübengenoms und hat alle Etappen der genetischen Bestandsaufnahme begleitet. „Am Anfang hat man nur eine Menge DNA-Fragmente in Form von BAC-Klonen und versucht, sie möglichst genau im Genom zu lokalisieren. Dazu haben wir uns von allen bekannten Zuckerrübengenomenen, die damals in den Datenban-

ken zugänglich waren, synthetische Stücke herstellen und radioaktiv markieren lassen“, erklärt der gebürtige Österreicher. „Anschließend habe man diese markierten DNA-Stücke mit den BAC-Klonen reagieren lassen und so für jedes Gen ein Signal bekommen, das eine Entsprechung in einem der BAC-Klonen hatte“, sagt der Bioinformatiker. „Auf diese Weise haben wir etwa 10.000 Sequenzen untersucht und einen sehr großen Datensatz bekommen. Im Zuge der Auswertung der Daten am Rechner haben wir dann geprüft, ob manche BACs an den Enden überlappen; falls ja, dann lässt sich daraus schließen, dass sie benachbart sind. So konnten wir einen Großteil der BAC-Klone im Genom anordnen.“

Im nächsten Schritt sollte das gesamte Genom sequenziert werden. An diesen Arbeiten waren neben Himmelbauers Team in Barcelona Wissenschaftlerinnen und Wissenschaftler des Max-Planck-Instituts für Pflanzenzüchtung in Köln, des MPI für molekulare Genetik in Berlin und der Universität Bielefeld beteiligt. Dabei galt es, die Abfolge der



Foto: KWS SAAT SE/ Eberhard Franke

Die Zuckerrübe entstammt einem weit verzweigten Pflanzengeschlecht. Zu ihren nächsten Verwandten gehören so unterschiedliche Gewächse wie Kakteen und Lebende Steine, Nelken und Tamarisken, aber auch weitere Nutzpflanzen wie Spinat, Mangold, Rote Bete, Rhabarber, Amarant und Quinoa. Sie alle werden zu den Nelkenartigen (Caryophyllales) gezählt und bilden mit 33 Familien und knapp 11.500 Arten eine der vielfältigsten Ordnungen innerhalb der Blütenpflanzen. Mit der Sequenzierung und Annotation des Zuckerrübengenoms hat das ANNO-BEET-Konsortium wissenschaftliche Pionierarbeit geleistet: Es ist das erste vollständig sequenzierte Genom einer nelkenartigen Pflanze. Die genetischen Daten dieser Art dienen nun als Referenz für die Sequenzierung und molekularbiologische Erforschung verwandter Spezies. Bereits der grobe Vergleich der Genome von Zuckerrübe, Rote Bete und Spinat lieferte wichtige Erkenntnisse. So konnte das ANNO-BEET-Team nachvollziehen, welche ertragsrelevanten Gene innerhalb von zwei Jahrhunderten durch gezielte Züchtung in das Erbgut der Zuckerrübe eingekreuzt wurden. Außerdem konnten neue Einblicke in die Stammesgeschichte der Nelkenartigen gewonnen werden: Anders als bislang angenommen, haben sich die Nelkenartigen im Laufe der Evolution offenbar bereits vor der Entwicklung der Korbblütler und Rosengewächse als eigenständige Gruppe formiert.

Genbausteine möglichst eindeutig und lückenlos der schier endlos langen DNA-Kette zuzuordnen. Dies wurde dadurch erschwert, dass im Genom der Zuckerrübe sehr viele ähnliche oder identische genetische Elemente enthalten sind. Solche repetitiven Sequenzen finden sich in jedem Organismus, auch im Menschen; manche DNA-Fragmente kommen in hunderttausenden Kopien im Genom vor. „Wenn wir beim Sequenzieren auf ein repetitives Element stoßen, dann gibt es nicht nur eine, sondern oft viele verschiedene Möglichkeiten, wie diese Sequenz an andere Sequenzen anschließen kann. Das heißt, die Abfolge der DNA-Fragmente ist nicht mehr eindeutig“, erklärt Himmelbauer. Doch sein Team wusste sich zu helfen: „Wir konnten dieses Problem umgehen, indem wir besonders große DNA-Fragmente erzeugt haben. Die haben wir dann nicht vollständig sequenziert, sondern nur ihre Enden betrachtet und nach Überlappungen mit anderen Fragmenten abgesucht. Wir benutzen sie also wie Spangen und springen quasi über diese repetitiven Elemente drüber“. Durch diesen Trick konnten die Forscherinnen und Forscher große Fragmente zu noch größeren Einheiten verknüpfen (assemblieren) und ein grobes Gerüst der Gesamtsequenz erstellen.

Die nächste Herausforderung besteht darin, in dieser assemblierten Gesamtsequenz die eigentlichen Gene zu identifizieren, also die DNA-Abschnitte mit Kodierungsfunktion für bestimmte Proteine zwischen all den repetitiven und nichtkodierenden Sequenzen ausfindig zu machen und physikalisch im Genom zu verorten. „Dazu gibt es einen theoretischen und einen praktischen Ansatz“, erklärt Himmelbauer: „In der Bioinformatik wurden Programme entwickelt, die Gene anhand bestimmter Strukturmerkmale erkennen können. Wenn wir mit diesen Programmen die assemblierte Genomsequenz absuchen, dann zeigen sie uns Stellen an, die mit hoher Wahrscheinlichkeit ein Gen enthalten“. Diesen theoretischen Ansatz haben die

Forscherinnen und Forscher von ANNO BEET mit experimentellen Daten verknüpft. Dazu isolierten sie jene Biomoleküle namens mRNA, welche die Herstellung von Proteinen nach der Bauanleitung durch bestimmte Gene vermitteln. Kennt man die Sequenz eines mRNA-Moleküls, so lässt sich damit nach dem zugehörigen Gen suchen. „Wir haben aus sehr vielen unterschiedlichen Geweben der Zuckerrübe – aus Wurzeln, Blättern, Blüten, Keimlingen und aus nicht gekeimten Samenmaterial – mRNA isoliert und sequenziert und damit einen experimentellen Beweis für eine Menge Gene erbracht“, so Himmelbauer.

Zusammen mit der theoretischen Vorhersage mittels Bioinformatik konnten die Wissenschaftlerinnen und Wissenschaftler sehr gute Belege für die Existenz von 27.421 Genen finden; das sind mehr als im menschlichen Genom vorhanden sind. „Allerdings hat die Zuckerrübe weniger Gene, die für Transkriptionsfaktoren kodieren, als alle anderen Blütenpflanzen, deren Genom bereits bekannt ist“, sagt ANNO-BEET-Koordinator Bernd Weisshaar. Der Bielefelder Forscher vermutet, dass Zuckerrüben zum Ausgleich über bislang unbekannte Interaktionsnetzwerke verfügen, die an der Kontrolle der Transkription – sie bestimmt darüber, ob und wann bestimmte Gene in Proteine übersetzt werden – beteiligt sein könnten. Weisshaar glaubt, dass sich im Laufe der Zeit in der Rübe andere Interaktionsnetzwerke zwischen den Genen entwickelt haben könnten als bei anderen Pflanzengruppen.

Für die Sequenzierung und Assemblierung des Zuckerrübengenoms hatte das Team eine Zuchtlinie ausgewählt, die unter dem Kürzel KWS2320 firmiert. Diese Elitelinie stellte die KWS SAAT SE bereits im Jahr 2000 als Projektpartnerin des GABI-BEET-Konsortiums zur Verfügung; seither dient sie als Referenzlinie für die molekulare Analyse des Zuckerrübengenoms. „Mit dieser Linie haben wir sämtliche Analysen gemacht, von den

ESTs über die BACs bis zur Sequenzierung und Assemblierung des Genoms. Dass wir immer denselben Genotyp bearbeiten konnten und jetzt eine hervorragend beschriebene Referenz haben, das war vorausschauende Planung“, sagt Heinz Himmelbauer. Zusätzlich wurden die Genome von vier weiteren, sehr unterschiedlichen Produktionslinien sowie von der Strandrübe *Beta maritima* – der wilden Stammform der Zuckerrübe – sequenziert und assembliert. Ein Vergleich mit der Referenzlinie KWS2320 belegt die große genetische Vielfalt der Rübe: Die Wissenschaftlerinnen und Wissenschaftler fanden in den fünf unterschiedlichen Genomen rund sieben Millionen Sequenzvarianten. Diese Mutationen sind nicht gleichmäßig über das Genom verteilt, sondern häufen sich in bestimmten Regionen; daneben finden sich Bereiche, in denen kaum Varianten vorkommen. Dies deutet darauf hin, dass die heutigen Zuckerrüben einer vergleichsweise kleinen Gruppe von Gründerpflanzen entstammen, die gezielt ausgewählt und weiterentwickelt wurden. Die genetischen Daten von *Beta vulgaris ssp. vulgaris* dienen nun als Referenz für die Sequenzierung und molekularbiologische Erforschung verwandter Spezies. Dabei konnten bereits neue Erkenntnisse über die Evolution der Blütenpflanzen gewonnen werden.

„Ohne die kontinuierliche Förderung durch das BMBF wäre es ganz unmöglich gewesen, diese qualitativ hochwertige Referenzsequenz des Rübengenoms zu erstellen und hochrangig in *Nature* zu publizieren. Auch die Züchtungsbetriebe haben eine bedeutende Rolle gespielt und Pflanzenmaterial geliefert, zu dem wir sonst keinen Zugriff haben“, so Himmelbauers Fazit. Umgekehrt haben auch die beteiligten Wirtschaftspartner profitiert, bestätigt Dr. Britta Schulz, Projektleiterin für Zuckerrüben Genomforschung der KWS SAAT SE in Einbeck: „Wir haben in den verschiedenen Projekten über einen Zeitraum von 15 Jahren mit wechselnden akademischen Partnern und mit allen



Die Erforschung des Zuckerrohrgenoms

Die Erforschung des Zuckerrüben-genoms wird bereits seit 1999 durch das Bundesministerium für Bildung und Forschung (BMBF) und mit finanzieller Beteiligung der deutschen Privatwirtschaft gezielt gefördert. Damals rief das BMBF die Initiative GENOMANALYSE IM BIOLOGISCHEN SYSTEM PFLANZE, kurz GABI ins Leben.

Mit dem Projekt GABI-BEET konnten die ersten Genomabschnitte von *Beta vulgaris subsp. vulgaris* sequenziert und in Form von BAC-Bibliotheken und EST-Dateien der weiteren Forschung zugänglich gemacht werden. BACs (*Bacterial Artificial Chromosomes*) sind künstliche ringförmige Chromosomen, die größere Abschnitte eines Pflanzengenoms in sich aufnehmen können. Sie werden in *E. coli*-Bakterien im Labor vermehrt und stehen damit für Sequenzierungen und weitere Studien zur Verfügung. ESTs (*Expressed Sequence Tags*) lassen sich mit Hilfe des Enzyms Reverse Transkriptase gewinnen, das mRNA-Sequenzen in DNA-Sequenzen rückübersetzt; sie stellen somit Bereiche im Genom dar, die im Organismus exprimiert werden, also kodierende

Funktion haben. In einem weiteren Projekt namens GABI BEET PHYSICAL MAP konnte eine physikalische Karte konstruiert werden; darin ist die Lage und Anordnung der derzeit bekannten DNA-Sequenzen innerhalb des Zuckerrüben-genoms beschrieben. Es folgte das Projekt BEETSEQ, das mit der Sequenzierung des Zuckerrüben-genoms endete. Nach Abschluss von GABI startete das BMBF 2011 mit PFLANZENBIOTECHNOLOGIE DER ZUKUNFT eine weitere Fördermaßnahme, um die Erkenntnisse der Pflanzengenomforschung in die züchterische Praxis zu überführen. Sie schließt das Projekt ANNO BEET ein, das auf den Ergebnissen der vorherigen Projekte aufbaut: Den beteiligten Wissenschaftlerinnen und Wissenschaftlern gelang es, einem Großteil der mittlerweile identifizierten und im Genom lokalisierten Gene ihre je eigene Funktion zuzuschreiben, sprich: sie zu annotieren. Das Ergebnis dieser kontinuierlichen Forschungsarbeit wurde 2014 in der angesehenen Fachzeitschrift *Nature* publiziert und hat die deutsche Pflanzen- und Genomforschung in der internationalen Wahrnehmung gestärkt.

wichtigen Firmen, die im deutschen Raum Zuckerrübenzüchtung betreiben, zusammengearbeitet. Dieser intensive Austausch über züchterische Probleme und neue methodische Entwicklungen im akademischen Bereich geht weit über die normale Züchtungsroutine hinaus. Dadurch konnten wir in unserer Firma das Bioinformatik-Know-how aufbauen und im Bereich Markerentwicklung die neuesten Technologien und Tools etablieren.“ Aufbaue auf den Ergebnissen des ANNO-BEET-Projekts, geht die KWS SAAT SE nun eigenen Fragestellungen nach, berichtet Britta Schulz: „Die funktionale Annotation hilft uns herauszufinden, was bestimmte Gene eigentlich bewirken. Wir haben ja nicht nur Sequenzdaten für genomische DNA bekommen, sondern auch Expressionsdaten in Form von mRNA aus dem Rübenkörper, der Blüte und dem Blatt. Inzwischen haben wir schon weitere wilde und Kulturlinien sowie Kreuzungen sequenziert und genetische Marker für die verschiedenen Genotypen entwickelt.“

Diese Marker wollen die Unternehmen nun nutzen, um agronomisch relevante Eigenschaften der Zuckerrübe besser zu verstehen und in ihrem Sinne zu selektieren. „Als Züchter wünschen wir uns natürlich eine weitere Steigerung des Zuckergehalts in der Wurzelmasse. Aber der Zuckergehalt ist negativ korreliert mit der Biomasse, wenn wir also mehr auf Zucker selektieren, dann geht der Ertrag insgesamt zurück. Deswegen suchen wir im annotierten Genom immer noch nach Genen, die diese negative Korrelation erklären oder uns helfen, sie zu überwinden“, betont Britta Schulz. Ein weiteres Ziel ist die Stärkung der Widerstandskraft gegen verschiedene Schadorganismen, so die Wissenschaftlerin: „Wir liefern unser Saatgut in alle Gebiete, wo Rüben angebaut werden. Und für diese verschiedenen Märkte brauchen wir Linien mit unterschiedlichen Resistenzen“. So mindert in Italien vor allem die von *Cercospora*-Pilzen verursachte Blattfleckenkrankheit die Erträge. In den

USA schädigt dagegen der Schlauchpilz *Fusarium* die Rübenwurzeln. Und in Deutschland machen Fadenwürmer und *Rhizomania*-Viren den Rüben zu schaffen. Einige wilde Rübenarten besitzen eine natürliche Resistenz gegen *Rhizomania*. Sie wird von mehreren Genen bestimmt, von denen eines einen besonders großen Einfluss hat. „Wir hatten dieses Major-Gen schon lange aus wilden Rüben in unsere Elitelinien eingekreuzt. Aber erst seit wir die annotierte Sequenz kennen und Marker entwickelt haben, konnten wir eine Feinkartierung machen. Jetzt kennen wir das Major-Gen, das die Resistenz gegen *Rhizomania* bestimmt“, berichtet Britta Schulz. Das Gen selber bleibt für andere Züchtungsunternehmen frei verfügbar; auf die künftige Verwendung eines modifizierten Gens hat die KWS SAAT SE ein Patent angemeldet.

Parallel zur Translation der Forschungsergebnisse aus dem ANNO-BEET-Projekt in die züchterische Praxis führen KWS SAAT SE und Südzucker AG die Kooperation mit den akademischen Partnerinstitutionen weiter. Koordiniert von Professor Ekkehard Neuhaus von der Universität Kaiserslautern, wollen die fünf Projektmitglieder in einem Konsortium namens BETAHIMIS bis 2019 die genetischen Grundlagen ermitteln, die der Rübenwurzel zu einer erhöhten Frosttoleranz und Winterhärte verhilft. „In diesem Projekt sind Deutschlands beste Pflanzenphysiologinnen und -physiologen von den Universitäten Kaiserslautern, Würzburg und Erlangen-Nürnberg mit von der Partie. Sie haben sich früher vor allem mit Grundlagenforschung an der Modellpflanze *Arabidopsis* befasst. Unsere aktuelle Zusammenarbeit wäre nicht zustande gekommen, wenn wir nicht die Sequenz des Zuckerrüben-genoms und die Annotation dazu in *Nature* publiziert hätten“, ist Britta Schulz überzeugt: „Durch diese exzellenten Arbeiten in den BMBF-Projekten ist nun auch die Zuckerrübe für führende Pflanzenphysiologen und Biologen als Forschungsobjekt attraktivattraktiv geworden“.

PRE-BREED YIELD

Schlummernde Talente fördern: Die Forschung will die genetische Vielfalt von Raps zurückgewinnen und besser nutzen

Dank zielgerichteter Züchtung sind die aktuellen Rapsorten weitgehend frei von Bitterstoffen und gesundheitsschädlichen Fettsäuren. Bei diesem Auswahlprozess gingen neben den beiden unerwünschten Merkmalen jedoch auch etliche vorteilhafte Anlagen verloren. Um das verschollene Kapital neu zu erschließen, haben sich Wissenschaftlerinnen und Wissenschaftler aus 14 deutschen Universitäten, Forschungsinstituten und Züchtungsunternehmen zusammengeschlossen. Das Konsortium hat den natürlichen Variantenreichtum alter und exotischer Rapsformen erfasst und für die Entwicklung neuer ertragreicher und klimaangepasster Sorten zugänglich gemacht.

Blühende Rapsfelder sind heute in weiten Teilen Deutschlands ein gewohnter Anblick. Tatsächlich stellt Raps hierzulande die mit Abstand wichtigste Ölpflanze dar; weltweit ist sie auf Platz drei hinter Ölpalme und Soja aufgerückt. Mittlerweile wird drei Viertel des in Deutschland erzeugten Rapsöls zur Energiegewinnung oder in der chemischen Industrie verwendet. Denn als nachwachsender Rohstoff sind die Pflanzensamen eine erneuerbare Alternative zu fossilen Quellen und werden daher

zunehmend zu Biokraftstoffen, Biodiesel und weiteren Treibstoffen verarbeitet. Darüber sollte jedoch nicht aus dem Blick geraten, dass Rapssaat ein hochwertiges Speiseöl liefert, das wegen seines hohen Anteils an ungesättigten Fettsäuren als besonders gesundheitsfördernd gilt. Das war nicht immer so, im Gegenteil: Weil das „Rüböl“ große Mengen an Bitterstoffen sowie die ernährungsphysiologisch bedenkliche Erucasäure enthielt, wurde es nur in Notzeiten als Nahrungsmittel genutzt und kam ansonsten vor allem als Lampenöl, Schmiermittel und zur Seifenherstellung zur Anwendung. Erst vor wenigen Jahrzehnten gelang es insbesondere kanadischen und deutschen Züchtungsunternehmen, neue Rapsorten mit veränderter Ölzusammensetzung zu entwickeln. Diese so genannten Doppelnull-Sorten weisen nur noch geringe Anteile an Erucasäure und an bitter schmeckenden Glucosinolaten auf und eignen sich deshalb hervorragend als Speiseöl und Tierfutter. Derzeit wird in Deutschland fast die gesamte Anbaufläche mit 00-Raps bestellt. Seine Entwicklung ist ein großer Erfolg der Pflanzenzüchtung. Doch sie forderte einen hohen Preis: den Verlust genetischer Diversität.

„Man hat sich bei der Auswahl des Zuchtmaterials auf diese beiden Merkmale konzentriert und da-



Raps ist hierzulande die mit Abstand wichtigste Ölpflanze dar; weltweit ist sie auf Platz drei hinter Ölpalme und Soja aufgerückt. Mittlerweile wird drei Viertel des in Deutschland erzeugten Rapsöls zur Energiegewinnung oder in der chemischen Industrie verwendet. Foto: Norddeutsche Pflanzenzucht KG

bei die restliche Vielfalt außer Acht gelassen. Jetzt will man diese Diversität wieder zurückholen, um damit den Ertrag unserer Hochleistungs-Sorten zu steigern und deren Ertragsstabilität zu verbessern“, betont Dr. Amine Abbadi von der NPZ Innovation GmbH in Holtsee und erklärt, wie dieses Ziel erreicht werden kann: „Wir wollten zunächst die genetische Diversität, die es in alten und exotischen Rapsformen gibt, neu erschließen und strukturieren, damit man sie für systematische Zuchtprogramme nutzbar machen kann. Dazu sollten auch neue Methoden der Genomik genutzt werden, die eine sorgfältige Materialprüfung ermöglichen. Diese Aufgabe überfordert ein einzelnes Unternehmen; daher haben sich sieben mittelständische und große Züchtungsunternehmen aus Deutschland zusammengetan und akademische Arbeitsgruppen aus sieben Forschungseinrichtungen dazu genommen“. Dieser Verbund aus 14 Partnern einigte sich über das angestrebte Ziel, gab sich den Namen PRE-BREED YIELD und erhielt für seinen überzeu-

genden Projektentwurf vom Bundesministerium für Bildung und Forschung (BMBF) ab 2011 vier Jahre lang Fördermittel von gut vier Millionen Euro; dazu kamen F&E-Mittel der beteiligten Unternehmen.

Nicht zufällig lag die Koordination des Gesamtprojekts bei der NPZ, konkret: bei Dr. Gunhild Leckband. „Die Züchtungsbetriebe verfügen über die historischen Daten zu den alten Rapsorten. Und sie haben das Wissen und die Erfahrung, welche Eigenschaften diese Sorten hatten oder haben könnten“, betont Leckbands Kollege Amine Abbadi: „Die Auswahl des Pflanzenmaterials, das zur Sichtung und Nutzung der genetischen Diversität herangezogen wurde, hat die NPZ sehr intensiv mitgestaltet. Dazu haben wir historische und, falls vorhanden, molekulare Daten aus aller Welt ausgewertet und aus einem Kontingent von etwa 3.000 Linien 50 ausgewählt, die zusammen die genetische Diversität von Raps sehr weitgehend repräsentieren.“ Das Saatgut von 30 dieser 50 ausgewählten

Vitaler Spross einer Zufallsbekanntschaft

Streng genommen dürfte es den Raps gar nicht geben; er verdankt seine Entstehung einer Reihe von Zufällen. Andere Kulturpflanzen wie Mais, Sonnenblumen oder Zuckerrüben haben sich allmählich aus einer wilden Vorläuferform zur Kulturpflanze entwickelt. Nicht so der Raps: Seine ersten Exemplare entsprangen der spontanen Vereinigung zweier unterschiedlicher Kohllarten, dem europäischen Gemüsekohl *Brassica oleracea* und dem Chinakohl oder Rübsen *Brassica rapa*. Dass es diesem ungleichen Elternpaar gelang, sich über die Artgrenzen hinweg zu paaren, ist schon ungewöhnlich genug. Noch erstaunlicher ist es, dass die daraus hervorgegangenen Mischlinge fruchtbar waren, sich vermehrten und ausbreiteten. Zwar brachte allein die Natur das Unwahrscheinliche zustande. Doch es war der Mensch, der - wohl ohne Absicht - die ungewöhnliche Liaison angebahnt hat. Der Rübsen wuchs ursprünglich nur in Asien, während sich der Kohl auf Europa beschränkte; die beiden Spezies waren durch eine geographische Barriere getrennt. Als jedoch Menschen beider Kontinente über die Seidenstraße Waren auszutauschen begannen, standen Rübsen und Kohl gelegentlich im selben Gemüsegarten - und fanden dort zueinander.

Die so genannte molekulare Uhr - sie gibt anhand von DNA-Vergleichen Hinweise auf den Entstehungszeitpunkt einer Spezies - datiert das Alter von Raps auf etwa 7.500 Jahre. „Wir gehen jedoch davon aus, dass der Raps erst vor 500 bis 1.000 Jahren durch zufällige Artkreuzungen hervorgegangen ist, vermutlich wenige Male unabhängig voneinander in drei verschiedenen Regionen“, sagt der Gießener Pflanzengenetiker Professor Rod Snowdon und betont: „Das ist ein Paradox der Evolution. Wenn nämlich eine ganze Spezies nur aus wenigen Individuen hervorgeht, müsste sie eigentlich eine sehr geringe genetische Vielfalt aufweisen. Tatsächlich aber hat der

Raps heute eine relativ große Diversität, und man fragt sich, wie das denn gekommen ist.“ Die Erklärung liege in der komplexen Struktur des Genoms, das aus der Verschmelzung der unterschiedlichen elterlichen Genome entsprang, so der Wissenschaftler: „Wir glauben, dass ein Großteil der Variation, die zum Erfolg dieser Spezies beigetragen hat, durch die Umstrukturierung des Genoms nach den ersten spontanen Kreuzungen entstanden ist. Da muss sich quasi in einigen wenigen Generationen eine beschleunigte Evolution abgespielt haben“. Zwar seien die beiden elterlichen Genome ähnlich, weil beide Kohllarten einen gemeinsamen Vorfahren haben, so Snowdon: „Doch der Chinakohl hat mit seinen zehn Chromosomen im einfachen Satz ein Chromosom mehr als der europäische Kohl. Dass die Genome überhaupt kompatibel sind, konnte nur durch eine spontane Verdopplung beider Chromosomensätze erreicht werden.“ Damit besitzt das Rapsgenom nun 38 Chromosomen - 20 vom Chinakohl und 18 vom Gemüsekohl - und lässt sich bei der Herstellung von Geschlechtszellen problemlos halbieren.

Was die Natur vormacht, ahmt Professor Heiko Becker an der Universität Göttingen im Labor nach. Mit Zellgiften aus der Herbstzeitlose und einigen weiteren Tricks gelang es Beckers Team, Kohlblüten mit Rübsenpollen - oder umgekehrt - zu bestäuben und fruchtbare Nachkommen zu erzeugen. Resynthesen werden solche künstlich erzwungenen neuen Rapsformen genannt, die - genau wie natürlich entstandenen Rapsvarianten - ihre Lebensfähigkeit einer Verdopplung der elterlichen Chromosomensätze verdanken. Insgesamt 20 stark unterschiedliche Resynthesen aus Göttingen wurden im Rahmen des PRE-BREED-YIELD-Projekts ausgewählt und mit 30 natürlichen Rapsformen aus aller Welt zu einer Forschungskollektion zusammengestellt, die den Großteil der genetischen Vielfalt von Raps repräsentiert.



Um robuste Leistungsdaten zu bekommen, muss man mindestens zwei Jahre auf mehreren Standorten aussäen und alle wichtigen Merkmale dokumentieren. Foto: Norddeutsche Pflanzenzucht KG

Linien stammt von Genbanken aus ganz Europa; es umfasst alte und neue Sorten und Futterraps-Linien aus aller Welt. Die restlichen Linien sind so genannte Resynthesen: Sie wurden von Göttinger Pflanzenzüchterinnen und Pflanzenzüchtern durch artüberschreitende Kreuzungen zwischen Kohl und Rübsen oder weiteren wilden Kohlarten neu erschaffen und zeichnen sich durch einen besonders hohen Variantenreichtum im strukturellen Aufbau ihrer Genome aus. Diese enorm breit gefächerte Sammlung aus exotischen und durch Züchtung entwickelten Rapslinien ergab schließlich die angestrebte PRE-BREED-YIELD-Kollektion. Um diesen Schatz an bislang kaum genutzten genetischen Ressourcen zu heben, gingen die Wissenschaftlerinnen und Wissenschaftler systematisch vor: „Zunächst haben wir alle 50 Linien mit derselben Elitelinie gekreuzt und jeweils etwa 50 Nachkommenschaften erzeugt. Einen Teil davon haben wir wieder mit der Elitelinie zurückgekreuzt; so sind ungefähr 3.500 neue Linien entstanden“, berichtet Amine Abbadi.

War schon diese Prozedur äußerst aufwändig gewesen, so folgte nun die eigentliche Arbeit: Alle 3.500 Linien mussten zugleich phänotypisiert und genotypisiert werden, will heißen: Die Forschenden protokollierten von jedem einzelnen Pflänzchen das äußere Erscheinungsbild, den Phänotyp. Dazu notierten sie zum Beispiel, wie schnell die Sämlinge im Feld aufgingen, wie hoch sie vor und nach dem Winter standen, wann sie erstmals blühten oder ob sie durch ungewöhnliche Merkmale auffielen. Dr. Stefan Abel hat für die Limagrain GmbH, einem der größten Züchtungsunternehmen Europas, bei der Phänotypisierung mitgewirkt: „Wir haben alle Merkmale erfasst, die einen Züchter interessieren. Dazu gehören neben Winterhärte oder Trockenresistenz auch unerwünschte Merkmale wie der Gehalt an Erucasäure und Bitterstoffen, die durch das Einkreuzen alter Rapslinien in moderne Rapsorten mit guter Ölqualität wieder auftraten. Tatsächlich erhöhte sich der Erucasäuregehalt an den Gesamtfettsäuren im Öl auf etwas bis zu 55 Prozent. Doch wir wissen, dass diese unerwünschte Fettsäure

In Jülich wird der Raps von der Wurzel her betrachtet

Die genetische Vielfalt von Raps findet ihren Ausdruck in den Merkmalsausprägungen unterschiedlicher Pflanzen. Manche Linien zeichnen sich durch einen kräftigen Wuchs oder hohen Ölgehalt der Saat aus, andere setzen besonders früh Blütenknospen an oder kommen besser mit Nässe oder Trockenheit zurecht. Zu den agronomisch bedeutenden Eigenschaften zählt auch der unsichtbare Teil der Pflanze: die Wurzel. Denn sie bestimmt darüber, wie effizient die Pflanze die im Boden enthaltenen Nährstoffe aufnehmen und zur Anlage von Stängeln, Blättern und Blüten nutzen kann. Damit entscheidet sie über die Produktivität

von Pflanzen und ihre Anpassungsfähigkeit an die gegebenen Umweltbedingungen. Um ein Bild von der Architektur der Rapswurzeln zu bekommen, hat ein Forschungsteam um Dr. Kerstin Nagel am Institut für Bio- und Geowissenschaften des Forschungszentrums Jülich spezielle Untersuchungsmethoden entwickelt. So lassen sich die Wurzel erforschen, ohne sie aus ihrem Substrat herauszunehmen und dabei womöglich zu beschädigen, erklärt Nagels Kollege Dr. Fabio Fiorani, Leiter der Pflanzen-Phänotypisierungs-Plattform: „Wir nutzen zur Beschreibung der Rapswurzel nicht-invasive Methoden, basierend auf digitalen Bildern und Automatisierungstechniken. Dazu ziehen wir die Pflanzen in Agar heran, weil dieses Substrat transparent ist und die Silhouette der Wurzel hervortreten lässt. Ausgewählte Genotypen lassen wir für die detaillierte Charakterisierung in bodengefüllten Boxen mit transparenter Seitenwand heranwachsen, so dass wir die Wurzeln fotografieren können.“ Die zweidimensionale Vermessung und Quantifizierung der Wurzelarchitektur geschieht mit einem in Jülich entwickelten automatisierten System (GROWSCREEN-Rhizo) und einer bildbasierten Software (GROWSCREEN-Root). Mit diesem Analysesystem lassen sich die Länge der Hauptwurzel sowie Anzahl und Gesamtlänge der Seitenwurzeln und deren Verzweigungswinkel relativ zur Hauptwurzel automa-

relativ leicht durch die Selektion von Mutationen in nur zwei Genen eliminiert werden kann“. Große Unterschiede zeigten die Linien auch in der für die Landwirtschaft wohl wichtigsten Eigenschaft, dem Ertrag. „Manche Linien schnitten sehr schlecht ab, aber es gab auch einige mit hohen Erträgen“, so Abel.

Um die genetische Basis all dieser agronomisch relevanten Eigenschaften zu ergründen, wurde das Erbgut der 50 diversen Ausgangslinien und der Eli-

ten-Elterlinie auf Unterschiede der Genomsequenz analysiert. Das Ergebnis ist beeindruckend: An 4,2 Millionen Stellen wies die DNA Variationen einzelner Genbausteine (Nukleotide) auf. 85 Prozent dieser Einzelnukleotid-Polymorphismen (*Single Nucleotide Polymorphisms*, kurz SNP) befinden sich in Bereichen, die nachweislich keine codierende Funktion haben; der Rest betraf Gene oder andere codierende Elemente. Weil ein einzelnes Gen mehrere SNP enthalten kann, können sich verschiedene



Die Züchtungsbetriebe verfügen über die historischen Daten zu den alten Rapsorten. Und sie haben das Wissen und die Erfahrung, welche Eigenschaften diese Sorten hatten oder haben könnten. Foto: Norddeutsche Pflanzenzucht KG

tisch bestimmen und in einer Falschfarbendarstellung anzeigen. Fabio Fiorani erklärt, welche Erkenntnisse er sich von diesen Analysen verspricht: „Die Grundfrage lautet: Wie sieht der Idealtyp der Wurzelarchitektur aus? Beeinflusst sie die Fähigkeit, wie gut die Pflanze Nährstoffe und Wasser aufnehmen kann? Gibt es überhaupt genügend Diversität in diesem Merkmal? Und falls ja, sind die Unterschiede relevant? Darüber weiß man noch sehr wenig. Wir haben erstmals eine Methode aufgebaut, um diese Kriterien zu untersuchen. Damit haben wir die Wurzelgeometrie aller 51 Linien der PRE-BREED-YIELD-Kollektion dokumentiert und ihre

Ausprägung in hohem bzw. niedrigem Stickstoffgehalt verglichen.“ Tatsächlich fand das Team aus Jülich große Unterschiede innerhalb der Linien; manche haben bis zu fünfmal mehr Seitenwurzeln als andere oder eine doppelt so lange Hauptwurzel. „Außerdem konnten wir zeigen, dass Pflanzen mit mehr Seitenwurzeln und solchen mit steilerem Winkel zur Hauptwurzel besonders effektiv Stickstoff aufnehmen können“, betont der Biologe. Nun gelte es in Feldversuchen zu überprüfen, ob diese Unterschiede erblich sind und wie sich Linien mit besonders effektiven Wurzelsystemen zur Entwicklung ertragreicherer Rapsorten nutzen lassen.

Individuen hinsichtlich desselben Gens mehr oder weniger stark unterscheiden. Tatsächlich identifizierte das Forschungsteam mehr als 11.800 Gene, die in fünf bis maximal 32 Varianten vorkamen und fast 500 weitere Gene, die es sogar in mehr als 32 Varianten gibt. Zur Identifizierung dieser SNP in den 3.500 Linien kam ein so genannter SNP-Chip zum Einsatz, der bereits vor Beginn des PRE-BREED-YIELD-Projekts durch ein internationales Konsortium entwickelt worden war. An dem Pro-

jekt waren Universitäten und Unternehmen aus allen Ländern mit bedeutenden Rapsanbaugebieten beteiligt; neben Deutschland haben auch Kanada, Australien, Großbritannien, China und Chile Gensequenzen beigesteuert. „Dieser Chip war essentiell für unsere Studien. Doch umgekehrt war auch das PRE-BREED-YIELD-Projekt sehr wichtig für die Realisierung des Chips“, behauptet Rod Snowdon und erklärt auch gleich, warum: „Die Entwicklung eines SNP-Chips ist nur wirtschaftlich, wenn eine große



Die Prüfungen der vielen Pflanzen haben sich die sieben Züchtungsunternehmen des PRE-BREED-YIELD-Konsortiums aufgeteilt. Denn diese gewaltige Aufgabe lässt sich nur gemeinsam bewältigen; außerdem werden von mehreren Standorten Daten gebraucht. Foto: Norddeutsche Pflanzenzucht KG

Anzahl von künftigen Nutzern zu erwarten ist. Denn nur wenn man genügend Zusagen zu Probenanalysen hat, amortisiert sich die Herstellung des Chips. Und das PRE-BREED-YIELD-Projekt, das durch BMBF-Gelder mitfinanziert war, gab uns die Sicherheit, dass mit dem Chip mehrere tausend Proben analysiert werden. Zusätzlich hatten noch weitere internationale Züchtungsunternehmen, die nicht im Projekt involviert waren, Interesse angemeldet“.

Die massenhaften genomweiten SNP-Daten waren nur ein Ergebnis des Projekts. Darüber hinaus wurden 51 sehr diverse Rapsgenome vollständig sequenziert und mit dem ersten komplett sequenzierten Rapsgenom verglichen. Dieses Referenzgenom war 2014 durch ein internationales Forschungsteam, dem auch Snowdons Gießener

Arbeitsgruppe angehörte, sequenziert und in der angesehenen Fachzeitschrift *Science* publiziert worden. Mit rund 101.000 Genen besitzt das Rapsgenom mehr codierende Sequenzen als alle Organismen, deren Genome bislang erforscht sind; der Mensch kommt mit etwa 23.000 Genen auf weniger als ein Viertel. Das Phänomen erklärt sich durch die Entstehungsgeschichte der Ölpflanze aus der Kreuzung zweier Arten; dabei wurde das Erbgut beider Eltern behalten und zu einem besonders großen Genom verschmolzen. Beim Vergleich der 51 Rapsgenome untereinander und mit dem Referenzgenom offenbarte sich die erhoffte genetische Diversität der Ölpflanze: „Dabei haben wir neben den erwarteten SNPs und weiteren Mutationen auf Sequenzebene eine bis dahin völlig ungeahnte Vielzahl an strukturellen Genomvariationen gefun-

den. Manche Chromosomenblöcke sind komplett umgeordnet oder fehlen ganz. Aufgrund dieser Daten konnten wir nachweisen, dass auch und gerade diese strukturellen Variationen im Rapsgenom eine große Rolle bei der Ausprägung agronomisch wichtiger Merkmale spielen“, berichtet Snowdon. „Sie beeinflussen zum Beispiel die Saatgutqualität oder die Blühzeit und können dazu führen, dass eine Rapsorte an subtropische oder aber an kältere, temperate Klimazonen angepasst ist. Für die Rapsforschung und -züchtung sind diese überraschenden Erkenntnisse bahnbrechend. Wir haben dadurch einen bislang nicht dagewesenen Einblick in die Evolution der Spezies bekommen und können dieses Wissen auch berücksichtigen, um weitere Resynthesen und kommerziell erfolgreiche Sorten zu erzeugen.“

Ein erster wichtiger Schritt wurde noch in der Laufzeit des PRE-BREED-YIELD-Projekts gemacht. Dazu wählten die Wissenschaftlerinnen und Wissenschaftler aus den neu erstellten 3.500 Kreuzungen insgesamt 1.000 aus und bestäubten mit deren Pollen blühende Pflanzen aus jeweils derselben Elitelinie. So erhielten sie 1.000 so genannte Hybride. Hybride sind dafür bekannt, dass sie häufig bessere Eigenschaften haben als die Elternlinien, denen sie entstammen. Dieses Phänomen bezeichnet man in der Biologie als Heterosiseffekt; es wird in der Pflanzenzüchtung seit langem genutzt, um leistungsfähigere Sorten zu erzeugen, so auch bei Sonnenblumen. „Auch beim Raps haben wir inzwischen fast ausschließlich Hybride auf dem Markt“, sagt Rod Snowdon, „weil sie aufgrund des Heterosiseffekts vor allem eine höhere Ertragsstabilität haben“. Von den neuen Kreuzungen, die aus der PRE-BREED-YIELD-Kollektion entstanden sind, erhofft man sich eine Steigerung des Heterosiseffekts. Zurecht, wie Rod Snowdon berichtet: „Wir haben tatsächlich, obwohl wir es hier mit sehr jungem Zuchtmaterial zu tun haben, unter den tausend Linien einige gefunden, die

eine starke Heterosisleistung zeigen. Bei einigen von ihnen beobachten wir auch unerwünschte Eigenschaften, die von exotischen Linien herrühren und den Ertrag wieder drücken. Doch das Entscheidende ist, dass die genetische Basis für die guten Heterosiseigenschaften in diesen Linien drin ist und durch Einkreuzung in unsere Elitelinien zurückgewonnen werden kann.“

Im nächsten Schritt soll diese genetische Basis für erhöhte Heterosiseffekte aufgespürt werden. „Um robuste Leistungsdaten zu bekommen, muss man mindestens zwei Jahre auf mehreren Standorten aussäen und alle wichtigen Merkmale dokumentieren. Wir machen das jetzt mit demselben Saatgut im 2. Jahr. Dazu prüfen wir jeweils die gleichen Hybriden auf Ertragsdaten und sehen nach, ob wir die Genombereiche identifizieren können, die zu erhöhten Heterosiseffekten beitragen“, erklärt Rod Snowdon und weiter: „Normalerweise säen wir jede Hybride auf einer Fläche von 10 bis 15 Quadratmeter aus, das macht mehrere tausend Pflanzen pro Hybride“. Die Prüfungen der vielen Pflanzen haben sich die sieben Züchtungsunternehmen des PRE-BREED-YIELD-Konsortiums aufgeteilt. Denn diese gewaltige Aufgabe lässt sich nur gemeinsam bewältigen; außerdem werden von mehreren Standorten Daten gebraucht. „Das ist die Umsetzung der Projektergebnisse in der Praxis“, betont Rod Snowdon. Neben dem Heterosiseffekt untersuchen die Gießener Wissenschaftlerinnen und Wissenschaftler die Fähigkeit der Raps-Hybriden, Stickstoff aus dem Boden aufzunehmen und in Biomasse umzusetzen. „Wir konnten feststellen, dass viele der erstellten Hybriden eine verbesserte Effizienz der Stickstoffnutzung besitzen, das heißt, sie bringen hohe Erträge auch bei geringen Stickstoffgaben. Das ist natürlich sehr interessant für den Anbau. Nun wollen wir die Genomdaten nutzen, um Vorhersagen treffen zu können, welche Linien unter geringer Stickstoffgabe besonders hohe Leistungen erbringen.“

INNO GRAIN-MALT

Gutes Bier braucht gute Zutaten:
Ein Chip hilft bei der Suche nach
ertragreichen Gerstensorten mit
höchster Brauqualität

Mit fast 1.400 aktiven Brauereien gilt Deutschland mit Großbritannien als Europas führende Biernation. Um gutes Bier zu brauen, benötigen die heimischen Mälzereien und Brauereien hochwertiges Gerstenmalz mit guter Brauqualität. In der Landwirtschaft wünscht man sich zudem Elitesorten, die mit dem bevorstehenden Klimawandel zurechtkommen und auch in heißen und trockenen Jahren hohe Erträge liefern. Daher entwickeln Züchtungsbetriebe Gerstenlinien, die alle diese Eigenschaften in sich vereinen. Molekulare Marker sollen ihnen dabei helfen, schneller und kostengünstiger als mit herkömmlichen Methoden Pflanzen mit den gewünschten Erbanlagen aufzuspüren.

Wenn die Entwicklungsbiologie grundlegende Lebensprozesse verstehen will, werden für Studien meist bestimmte Modellorganismen gewählt. So werden zum Beispiel Taufliiegen, Zebrafische oder Ratten quasi stellvertretend für alle Insekten, Fische und Säugetiere erforscht. Für die Pflanzen

steht seit vielen Jahrzehnten die unscheinbare Ackerschmalwand *Arabidopsis thaliana* Modell. Sie war auch die erste Pflanze, deren Genom 1999 vollständig entschlüsselt wurde. Im selben Jahr trafen weitsichtige Wissenschaftlerinnen und Wissenschaftler am Leibniz-Institut für Pflanzengenetik und Kulturpflanzenforschung (IPK) in Gatersleben eine folgenreiche Entscheidung: „Das IPK hat vor 20 Jahren für seine genetischen Studien eben nicht *Arabidopsis* als Modellpflanze ausgewählt, sondern die Kulturpflanze Gerste. Dazu brauchte es Mut. Denn Getreide gehört ja zu den Gräsern, und deren genetische Architektur war damals noch deutlich schwieriger zu analysieren als sie es heute noch ist“, erinnert sich Dr. Viktor Korzun.

Der in Weißrussland ausgebildete Genetiker war damals selbst am IPK mit der Erforschung des Gerstengenoms befasst. Kurz darauf wechselte er an die KWS LOCHOW GmbH in Einbeck, wo er heute die Abteilung Getreide-Biotechnologie leitet. In all den Jahren blieb er in regem wissenschaftlichem Austausch mit seinen einstigen Kollegen in Gaters-



„Das IPK hat vor 20 Jahren für seine genetischen Studien eben nicht Arabidopsis als Modellpflanze ausgewählt, sondern die Kulturpflanze Gerste. Dazu brauchte es Mut. Denn Getreide gehört ja zu den Gräsern, und deren genetische Architektur war damals noch deutlich schwieriger zu analysieren als sie es heute noch ist“, erinnert sich Dr. Viktor Korzun. Foto: KWS SAAT SE

leben. Gemeinsam mit Professor Andreas Graner, heute geschäftsführender Direktor des IPK, arbeitete er an Projekten im Rahmen der BMBF-Initiative GENOMANALYSE IM BIOLOGISCHEN SYSTEM PFLANZE, kurz: GABI. „Wir haben uns schon ab 1999 im Projekt GABI MALT mit der Malz- und Brauqualität von Gerste beschäftigt. Bei GABI GRAIN ging es dann um die Steigerung des Ertrags und der Kornqualität von Gerste unter Trockenstress“, erzählt Viktor Korzun. Zunächst sollten nur Gersentlinien aus Genbanken betrachtet werden. Doch Korzun schlug vor, auch Elitesorten in die Studien mit aufzunehmen. „Denn wir können ja nicht nur fürs Gewächshaus züchten; unsere Sorten sollen sich schließlich draußen auf dem Acker bewähren.

Und die Züchter haben doch in unterschiedlichen Regionen von Deutschland in den letzten hundert Jahren gute Arbeit geleistet. Also erwarte ich auch in den Elitesorten eine Variation von Eigenschaften, die mit dem Klima zu tun haben“, argumentiert der Forscher. Tatsächlich fanden die GABI-Projektmitglieder dann sowohl in Gerste aus Genbanken, als auch bei aktuellen Elitesorten eine große genetische Variation bei klimarelevanten Merkmalen. „Das war die entscheidende Vorarbeit zu INNO GRAIN-MALT“, betont Viktor Korzun, der das vom BMBF mit knapp 1,3 Millionen Euro geförderte PLANT-2030-Projekt koordiniert hat. Der KWS-Forscher erklärt, welche Ziele er sich zusammen mit Andreas Graner vom IPK gesetzt hatte: „Die Brauqualität der Gerste

Je mürber, desto besser: Was gutes Malz auszeichnet.

Wer Getreidekörner in Bier verwandeln will, ist auf die Hilfe von Hefen angewiesen. Denn diese Mikroorganismen verstehen sich darauf, Zucker in Alkohol zu verwandeln. Allerdings enthält ein reifes Getreidekorn neben etwas Eiweiß hauptsächlich Stärke, die erst während der Keimung in Zuckermoleküle gespalten wird. Deshalb bringen die Mälzer den Keimungsprozess in Gang, indem sie die Gerstenkörner mit Wasser anfeuchten. Zunächst zersetzen spezielle Enzyme die Zellwände um die Stärkekörner, sodass die Verdauungsenzyme eindringen und mit der Verzuckerung der Stärke beginnen können. Nach einigen Tagen wird dieser Prozess gestoppt: Der begehrte Zucker soll ja nicht vom Gerstenkeimling zum Wachsen aufgebraucht, sondern von den Bierhefen zu Alkohol vergoren werden. Also wird das angekeimte Malz getrocknet,

verrieben und mit Wasser zur Maische aufgegossen. Dann werden die Feststoffe abgefiltert, bis nur noch ein Extrakt aus Zucker, Eiweißbestandteilen und weiteren wasserlöslichen Substanzen zurückbleibt. Dieser Extrakt wird schließlich von speziellen Hefen vergoren; seine Qualität entscheidet über den Alkoholgehalt des Bieres.

„Bei der Mälzung besteht die Kunst darin, den Prozess der Keimung genau dann abubrechen, wenn die Zellwände im Nährgewebe aufgelöst sind und aus dem Keimblatt ausreichend Verdauungsenzyme zum Abbau der Stärke produziert wurden, sich aber noch nicht im Korn verteilt haben“, erklärt Andreas Graner und betont: „Es kommt darauf an, dass die Zellwände gerade eben aufgelöst sind. Denn nur, wenn die Zellwände samt der darin enthaltenen Pektine und β -Glucane gut genug abgebaut sind, kann der Brauer dieses Korn leicht zerreiben. Je leichter es sich zerreiben lässt, umso mürber nennt man es und umso weniger Energie benötigt das Vermahlen“.

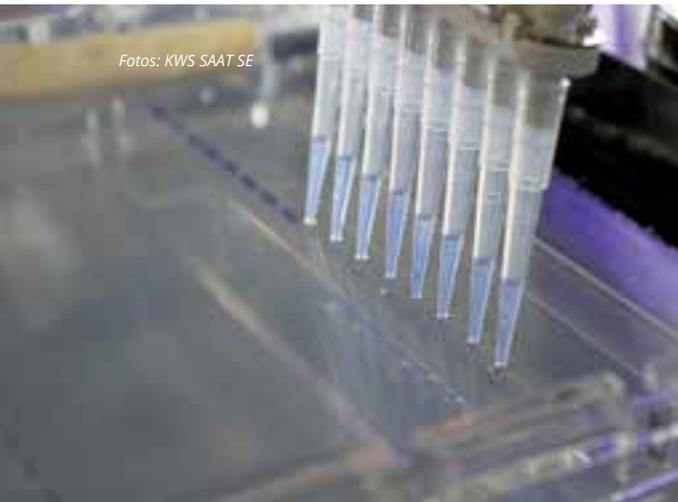
Tatsächlich gibt es große genetische Unterschiede in der Mürbigkeit verschiedener Gerstensorten – je nachdem, wie viel β -Glucan die Zellwand enthält und wie schnell diese zelluloseähnlichen Substanzen durch das Enzym β -Glucanase abgebaut werden. „Hier können die Züchter ansetzen, um eine gute Braugerste zu erzeugen“, erklärt Andreas Graner: „Sie können versuchen, den β -Glucan-Gehalt in der Zellwand zu reduzieren oder die Aktivität der β -Glucanase zu erhöhen.“ Graners Team ist es gelungen, im Genom der Gerste die genetischen Elemente zu lokalisieren, die den β -Glucan-Gehalt in der Zellwand und damit die Mürbigkeit einer Gerstensorte bestimmt. Durch dieses Wissen lassen sich mit Hilfe molekularer Marker nun auch in neuen Gerstenlinien oder Abkömmlingen von Kreuzungen aufspüren, um jene Pflanzen auszuwählen, die sich durch einen geringeren β -Glucan-Gehalt und eine entsprechend höhere Brauqualität auszeichnen.

soll stabil bleiben oder sogar besser werden. Außerdem wollen wir, dass die Sorten auch bei ungünstigen Konditionen, insbesondere bei Trockenheit, zuverlässig hohe Erträge liefern“.

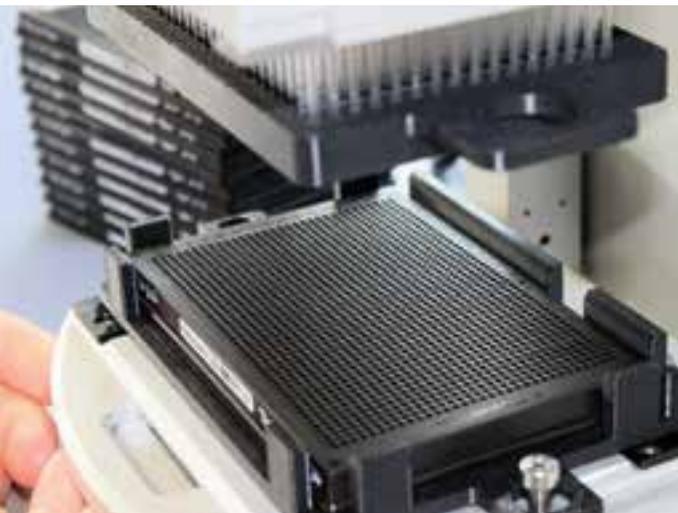
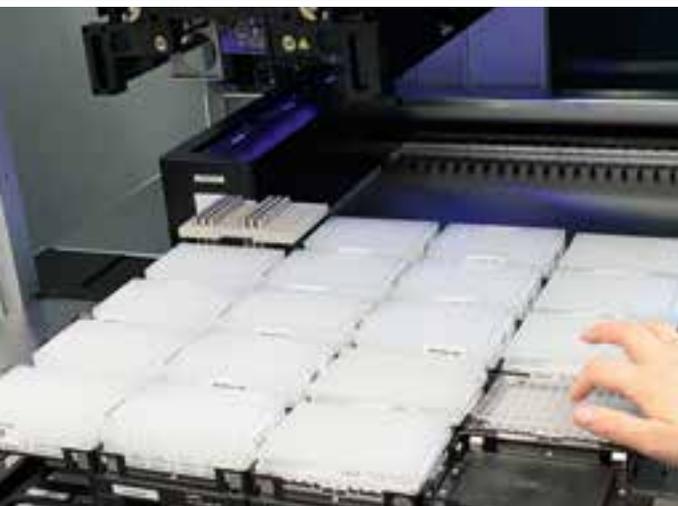
Neue Sorten zu entwickeln, ist für die Züchtungsbetriebe stets mit erheblichen Risiken verbunden. „Die Brauer und die Mälzer sind extrem penibel, was die Qualität ihres Ausgangsmaterials angeht. Und diese Qualität ist ein sehr sortenspezifisches Merkmal. Das bedeutet aber: Wenn ein Züchter eine Braugerstensorte züchten will, die besser ist als die auf dem Markt angebotenen Sorten, dann muss er sehr viel Zeit und Geld investieren“, erklärt Andreas Graner. Es beginnt damit, viel versprechende Gerstenlinien zu kreuzen und eine möglichst große Nachkommenschaft heranzuziehen. Die Körner dieser Nachkommen müssen erneut ausgesät und vermehrt werden, um genügend Saatgut für gezielte Feldversuche zu gewinnen. Erst werden an mehreren klimatisch unterschiedlichen Orten Gerstenpflanzen angesät und gründlich untersucht. Dann erntet man die reifen Körner, um ihre Brauqualität zu testen. Dazu werden in so genannten Kleinmälzungen jeweils wenige hundert Gramm der ausgewählten Gerstenkörner zu Malz verarbeitet. Anschließend kann in jeder einzelnen Probe jede interessierende Qualitätskomponente durch chemische Analysen exakt bestimmt werden. Von der ersten Kreuzung bis zur Ernte von reifen Körnern, welche auf Brauqualität getestet werden, vergehen in der Regel etwa vier bis sechs Jahre. „Die Züchter können sich solche zeit- und kostenintensiven Untersuchungen nicht leisten. Deshalb wollen wir ihnen genetische Marker für die Brauqualitätsmerkmale an die Hand geben. Damit können sie bereits an der einzelnen Pflanze selbst – und nicht erst nach Reifung, Ernte und Mälzung der Körner – erkennen, wie gut sie sich zum Brauen eignet und ob diese Pflanze es wert ist, im Zuchtprogramm weitergeführt oder aussortiert werden sollte“, sagt Andreas Graner.

Dabei gehe es nicht darum, das allerbeste Korn aus den vielen Kreuzungskörnern zu selektieren, so Graner weiter: „Das wird uns wahrscheinlich nicht gelingen. Wir wollen in erster Linie diejenigen Pflanzen identifizieren, von denen wir sicher sind, dass aus denen nichts werden kann. So eine Negativselektion würde schon sehr viel Geld sparen, weil eine Menge ungeeignetes Pflanzenmaterial gar nicht erst getestet werden müsste. Da sind wir durch INNO GRAIN-MALT einen guten Schritt vorangekommen. Es ist uns gelungen, die genetische Architektur des Merkmals Brauqualität bei Gerste aufzuklären und zu verändern.“ Brauqualität ist eine sehr komplexe Eigenschaft, deren Ausprägung vom Zusammenspiel von Umweltfaktoren und den genetischen Anlagen der Pflanzen abhängt. Bis dato sind ein gutes Dutzend erbliche Komponenten bekannt, die alle ihren Teil zur Braueignung beitragen und jeweils durch mehrere Gene gesteuert werden können. Dazu zählt etwa der Gehalt an bestimmten Zellwandbestandteilen wie den β -Glucanen oder die Aktivität und Hitzebeständigkeit diverser Verdauungsenzyme. „Will man die Brauqualität einer Probe prüfen, dann muss man alle einzelnen Qualitätsparameter und deren Wechselspiel betrachten. Das ist sehr aufwändig. Wir haben im Projekt zwei Gerstenlinien gekreuzt und davon 100 Nachkommen-Linien auf diese Merkmale hin untersucht. Aus dem Korn diesen Linien haben wir von der Versuchs- und Lehranstalt für Brauerei in Berlin e. V. Kleinmälzungen machen lassen und diese auf die Braueigenschaften geprüft“, führt Andreas Graner aus.

Als Ausgangsmaterial für die Kreuzung wählten die Projektmitglieder zwei Elitesorten mit speziellen Eigenschaften aus, die sich günstig auf die Brauqualität auswirken: Eine Sorte namens *Stay green* zeichnet sich dadurch aus, dass ihre Körner nach der Blüte besonders langsam reifen; so nutzt sie das Sonnenlicht länger als herkömmliche Sorten zur Zucker- und Stärkeproduktion. Eine zweite Sor-



Fotos: KWS SAAT SE



te namens *Remobilisierend* kann durch einen Nachreifeprozess auch aus dem Stroh noch zusätzliche Energie herausholen und zum Aufbau von Stärke verwerten. *Stay green* und *Remobilisierend* erzeugen also durch zwei unterschiedliche Eigenschaften einen ähnlichen Effekt. Diese beiden Linien dienen als Eltern für die insgesamt 100 Kreuzungsnachkommen, die in den Feldversuchen und Kleinmälzungen untersucht wurden. Die Feldversuche fanden an drei verschiedenen Standorten statt – am IPK in Gatersleben, in der KWS-Zuchtstation in Wetzze und im polnischen Walevice. Dort wurden die Pflanzen unter verschiedenen Umweltbedingungen angebaut: Ein Teil wurde normal bewässert, ein Teil wuchs unter Wassermangel auf. „Wir wollten prüfen, inwieweit die Brauqualität unserer Linien sich unter Trockenstress verändert. Die Frage war vor allem, ob es genetische Faktoren in unserem Pflanzenmaterial gibt, die sicherstellen können, dass Brauqualität durch Trockenstress nicht beeinträchtigt wird“, betont Andreas Graner.

Das Ergebnis übertraf alle Erwartungen: Die Nachkommen der Kreuzungen aus *Stay green* und *Remobilisierend* unterschieden sich beträchtlich darin, wie stark die relevanten Merkmale zur Ausprägung kamen. Nun galt es, diejenigen Regionen (Loci) im Erbgut der Gerste zu finden, von denen aus diese quantitativen Merkmale (*quantitative traits*) gesteuert werden. Dies gelang dem INNOGRAIN-MALT-Team mithilfe molekularer Marker: Die Wissenschaftlerinnen und Wissenschaftler konnten mehrere *Quantitative Trait Loci*, kurz: QTL, identifizieren, die mit bestimmten Merkmalen für Brauqualität gekoppelt sind. In bestimmten Regionen der sieben Gersten-Chromosomen, insbesondere auf Chromosom 3, fanden sie eine große Häufung von QTL für die Malzqualität wie den Gehalt an löslichem Protein, die Mürbigkeit und den Gehalt an β -Glucanen. Hypothese ist, dass Unterschiede in einem relevanten Merkmal auf Unter-

schieden in der Expression der Gene beruhen, die an der Ausprägung dieses Merkmals beteiligt sind. Denn es ist ja in letzter Instanz der Expressionsunterschied, der Unterschiede im Phänotyp einer Pflanze, also in ihrem Erscheinungsbild ausmacht“, erklärt IPK-Forscher Graner. Um diese Expressionsunterschiede zu erfassen, extrahierten die Genetikerinnen und Genetiker aus gemälzten Körnern der Gerstenpflanzen jene Substanzen, die die Expression bestimmter Gene vermitteln: die RNA-Moleküle. Das Vorkommen und die Menge bestimmter RNA-Moleküle lassen sich ebenfalls als quantitatives Merkmal auffassen und physikalischen Regionen im Genom zuordnen; man spricht in diesem Fall von *expressed Quantitative Trait Loci* oder eQTL. „Wir haben uns etwa 35.000 RNA-Transkripte bei allen 100 Kreuzungsnachkommen angesehen. Deren eQTL wollen wir ebenfalls alle untersuchen und genetisch kartieren – und dann in Bezug setzen zu den phänotypischen Merkmalen und deren QTL“, sagt Andreas Graner. Zusammen mit den genetischen Markern, helfen die QTL und eQTL bei der gezielten Suche nach Kandidatengen. Die Auswertung und Darstellung der eQTL ist noch nicht abgeschlossen. Zwar habe man bereits jetzt eine umfangreiche Diversität gefunden, so der Forscher: „Doch die Unterschiede zu quantifizieren und mit den phänotypischen Merkmalen in Bezug zu setzen, ist wegen der immensen Datenmengen sehr schwierig. Das ist die Herausforderung bei der Auswertung von Big Data.“

Die wissenschaftliche Aufarbeitung der durch INNO GRAIN-MALT gewonnenen Daten wird also noch einige Zeit in Anspruch nehmen. Die akademischen Mitglieder erhoffen sich davon die Aufklärung der molekularen und biochemischen Grundlagen, die über die Brauqualität der Gerste entscheiden. Die Züchtung muss aber nicht so lange warten, bis die Wissenschaft Licht in die Blackbox des Gerstengenoms gebracht hat. Sie

kann schon jetzt die Früchte des BMBF-Projekts ernten: Denn parallel zu Andreas Graners aufwändigen Studien am IPK, hat Viktor Korzuns Team an der KWS einen DNA-Chip angewendet. Damit wurde ein machtvolles Werkzeug zur Vorhersage quantitativer Merkmale geschaffen, die durch eine Vielzahl von Genen beeinflusst werden. „Das Gerstengenom besitzt rund 35.000 Gene. Wir wissen nicht, welche davon im Hinblick auf den Ertrag die wichtigsten sind, aber wir gehen von 100 bis 300 QTL aus. Trotzdem können wir schon jetzt auf positive Merkmale selektieren. Denn wir nutzen eine Genotypisierungsplattform mit bis zu 10.000 molekularen Markern, die zufällig über das ganze Genom verteilt sind“, erklärt Viktor Korzun. Mit einem an der KWS entwickelten Analyseprogramm lassen sich die meisten Gene mit positiver Korrelation zu dem gesuchten Merkmal ausfindig machen – ein Verfahren, das unter dem Begriff Genomische Selektion firmiert.

„Als wir mit dem INNO-GRAIN-MALT-Projekt angefangen haben, war Genomische Selektion noch ein großes Fragezeichen bei Pflanzen, besonders bei Gerste im Hinblick auf Ertrag und Qualität. Wir haben das Projekt genutzt, um diese Technologie auszuprobieren und dafür Standards zu entwickeln. Dabei ist ein Chip entstanden, der es uns erlaubt, allein aufgrund des Markermusters auf positive Merkmale zu selektieren – ohne zu wissen, welche Gene daran beteiligt sind“, sagt Viktor Korzun und weiter: „Dieser Chip konnte nur dank der Public-Private-Partnership zwischen IPK und KWS etabliert werden. Mit diesem Ausschreibungskriterium, das bereits in der Fördermaßnahme GABI zur Anwendung kam, hat das BMBF frühzeitig die richtigen Weichen gestellt. Denn so kommen exzellente Wissenschaftlerinnen und Wissenschaftler mit konkreten Fragestellungen ans Produkt mit den Züchtungsunternehmen zusammen, und beide können mit dem bestem Material arbeiten.“

SUNRISE Genombasierte Züchtung von Sonnenblumen: Molekulare Marker beschleunigen die Entwicklung ertragreicher Sorten

Sonnenblumen zählen zu den weltweit meist genutzten Ölpflanzen. Ihr Kernöl findet als Nahrungsmittel, Biodiesel oder als Zusatz in Motorölen sowie in Farben und Lacken, Medikamenten und Kosmetikartikeln Verwendung. Um die Produktivität dieser vielseitigen Kulturpflanze zu sichern und zu steigern, arbeitet man in der Pflanzenzüchtung an der Entwicklung neuer Sorten mit hohem Ertrag und natürlicher Widerstandskraft gegen Schadorganismen und widrige Umweltbedingungen. Zur Beschleunigung des Ausleseprozesses haben vier Partnerinstitutionen aus Wissenschaft und Wirtschaft im PLANT-2030-Projekt SUNRISE gemeinsam einen Chip zur genetischen Analyse der Sonnenblume hergestellt. Er enthält molekulare Marker, um Resistenzen gegen gefürchtete Pflanzenkrankheiten und weitere züchtungsrelevante Merkmale aufzufinden und dient damit als hocheffizientes Werkzeug zur Züchtung leistungsfähiger Sorten.

Wer im Blumenladen nach Sonnenblumen Ausschau hält, findet Varianten in Gelb, Rostrot und Braun, im Topf und für die Vase, mit einem oder mehreren Blütenköpfen je Stängel. Für Dr. Silke

Wieckhorst, Agrarbiologin bei der KWS SAAT SE in Einbeck und Koordinatorin des SUNRISE-Projekts, sind solche Äußerlichkeiten Nebensache. „Für uns steht als Zuchtziel der Körner- und Ölertrag an erster Stelle. Wir wollen dem Landwirt Sorten zur Verfügung stellen, die möglichst viel und verlässlich Öl liefern – ob mit vielen kleinen Körnern oder mit weniger größeren Körnern, darauf kommt es nicht an“, betont die Forscherin. Moderne Hochleistungssorten liefern schon heute 2.000 Liter pro Hektar. Für die Zukunft erhofft sich die Landwirtschaft neuartige Züchtungen, die noch mehr Ertrag bringen. „Vor allem aber wünscht sie sich Pflanzen, deren Anbau nicht durch Krankheitserreger erschwert oder vereitelt wird“, betont Silke Wieckhorst.

Um solche produktiven und zugleich robusten Sorten zu entwickeln, braucht es eine Vielzahl von Sonnenblumen, die sich in agronomisch wichtigen Eigenschaften unterscheiden. Durch Kreuzungen entstehen jede Menge neuer Varianten, von denen sich manche durch besonders vorteilhafte Merkmale auszeichnen. Diese seltenen Exemplare gilt es in der Masse gewöhnlicher Pflanzen aufzufinden und auszuwählen. Generationen von Züchtern mussten diese Auswahl treffen, indem sie die Nachkommen unzähliger Kreuzungen auspflanzten und



Sonnenblumen zählen zu den weltweit meist genutzten Ölpflanzen. Ihr Kernöl findet als Nahrungsmittel, Biodiesel oder als Zusatz in Motorölen sowie in Farben und Lacken, Medikamenten und Kosmetikartikeln Verwendung. Foto: Universität Hohenheim, Landessaatzuchtanstalt

in Augenschein nahmen. Molekulare Techniken unterstützen heutzutage die Selektion von Pflanzen mit wichtigen Eigenschaften und können den Züchtungsprozess somit vereinfachen und beschleunigen. Denn sobald die genetischen Grundlagen eines Merkmals bekannt sind, genügen geringste Probenmengen aus Blättern oder Samen, um auf das Erscheinungsbild der ganzen Pflanze zu schließen. Auch für die Sonnenblume gibt es bereits einige molekulare Marker für agronomisch wichtige Eigenschaften – jedoch längst nicht für alle.

Hier setzt das SUNRISE-Konsortium an. „Wir haben uns den Falschen Mehltau *Plasmopara halstedii* vorgenommen und einen diagnostischen Marker

entwickelt, der uns sagt, ob eine Pflanze anfällig oder resistent gegen diesen Erreger ist“, betont Professorin Chris-Carolin Schön, die den Lehrstuhl für Pflanzenzüchtung an der Technischen Universität München innehat. *Plasmopara* gehört zu den Scheinpilzen und gilt als eine der gefährlichsten Krankheiten der Sonnenblume; befallene Pflanzen wachsen langsamer, bekommen fleckige Blätter und sterben häufig schon vor der Samenreife ab. Einige wilde Sonnenblumenarten besitzen eine natürliche Widerstandskraft gegen die Erreger. Nun will Chris-Carolin Schön die zugrundeliegenden Gene identifizieren und in Hochleistungssorten übertragen. Dabei kann die Wissenschaftlerin auf der Vorarbeit einer Arbeitsgruppe um Dr. Gerald



Foto: Universität Hohenheim, Landessaatzuchtanstalt

Flower-Power mit Zukunft Die Heimat der Sonnenblume ist Nordamerika. Dort wurde sie bereits von der Urvölkerung kultiviert: Sie aßen ihre Kerne, die wegen ihres Gehalts an Kohlenhydraten, Eiweiß, Fettsäuren und Vitaminen ein wertvolles Nahrungsmittel sind. Im 16. Jahrhundert gelangte die Blume nach Europa, wo sie zunächst als Zierpflanze angebaut wurde. Erst später begann man, sie als Ölpflanze zu nutzen und durch die Auswahl besonders reichhaltiger Exemplare den Ölgehalt ihrer Kerne zu erhöhen. Heute sind Sonnenblumen nach Ölpalmen, Soja und Raps weltweit die viertwichtigste Quelle für Speiseöl. Sie werden hauptsächlich im Süden und Südosten Europas sowie in Südamerika angebaut. In Deutschland nimmt *Helianthus annuus* mit derzeit rund 20.000 Hektar nur einen Bruchteil der Anbaufläche von Raps – sie betrug 2016 rund 1,3 Millionen Hektar – ein. Durch den Klimawandel könnte die Sonnenblume jedoch an Bedeutung gewinnen: Obwohl sie viel Wasser benötigt, laugt sie den Boden nicht aus, sondern holt mit ihrem gut ausgebildeten Wurzelsystem Wasser und Nährstoffe aus tieferen Schichten nach oben. Außerdem kommt sie im Vergleich zu Raps mit einem Viertel des Stickstoffs und mit deutlich weniger Agrochemikalien aus; das schont die Umwelt und macht die Ölpflanze insbesondere für den Ökolandbau attraktiv.

Seiler vom Landwirtschaftsministerium der USA aufbauen: „Unsere amerikanischen Kollegen haben es geschafft, ein Stück eines Chromosoms der Silberblättrigen Sonnenblume, auf dem eine Resistenz gegen alle bekannten *Plasmopara*-Stämme liegt, in eine Zuchtlinie einzukreuzen. Die Linie mit der eingelagerten Resistenz haben wir dann mit beträchtlichem Aufwand mit einer weiteren Zuchtlinie gekreuzt und dabei den Chromosomenabschnitt aus der Wildart weiter verkleinert. Durch die Untersuchung von Tausenden von Nachkommen konnten wir die Resistenz auf eine kleine Region einengen“, berichtet Schön: „Schließlich ist es uns gelungen, einen diagnostischen Marker zu entwickeln, der eine fast vollständige Korrelation zu dieser Resistenz zeigt. Das ist ein schöner Erfolg des SUNRISE-Projekts und ein großer Fortschritt für die Züchtung.“

Im Gegensatz zur *Plasmopara*-Resistenz wird der Ertrag nicht von einzelnen Genen, sondern von einer Vielzahl meist unbekannter genetischer Elemente beeinflusst. Um künftig auch solche komplexen Merkmale in ausgewählten Sonnenblumen zu analysieren und Vorhersagen über ihre Ausprägung treffen zu können, hat das SUNRISE-Konsortium einen leistungsfähigen Gen-Chip entwickelt. Er vereint die genetischen Informationen aus zahlreichen Zuchtlinien und bildet so einen Großteil der genetischen Vielfalt dieser Kulturpflanze ab. Dr. Volker Hahn von der Landessaatzuchtanstalt in Hohenheim erklärt, wie diese Vielfalt entstanden ist: „Die Sonnenblume wird heute als Hybridsorte verkauft“, sagt der Agrarwissenschaftler und führt aus, was darunter zu verstehen ist: „Wenn man zwei Linien miteinander kreuzt, sind die Nachkommen deutlich wuchskräftiger und ertragreicher als beide Eltern. Das beobachtet man beim Mais und Roggen, auch beim Reis und vielen anderen Nutzpflanzen“. In der Biologie spricht man vom Heterosiseffekt; erklären lässt sich das auch bei Tieren verbreitete Phänomen bisher nicht vollständig. Tatsache ist: Je unter-



Um produktive und zugleich robuste Sorten zu entwickeln, braucht es eine Vielzahl von Sonnenblumen, die sich in agronomisch wichtigen Eigenschaften unterscheiden. Durch Kreuzungen entstehen jede Menge neuer Varianten, von denen sich manche durch besonders vorteilhafte Merkmale auszeichnen. Foto: Universität Hohenheim, Landessaatzuchtanstalt

Genetische Vielfalt ist das A und O der Pflanzenzüchtung

Wer neue Sorten züchten will, braucht dazu eine möglichst große Auswahl an unterschiedlichen Pflanzen. Eine Vielzahl von Varianten findet sich in der Natur. Das gilt auch für die Sonnenblume, die in ihrer nordamerikanischen Heimat mehrere hundert wilde Verwandte hat. Viele dieser Wildarten wachsen auf kargen Böden und trotzen extremen Witterungsbedingungen oder aggressiven Schadorganismen. Diese und weitere Eigenschaften, die noch längst nicht alle wissenschaftlich erfasst sind, machen sie interessant für die Züchtung.

Eine weitere Möglichkeit, Pflanzen mit vorteilhaften Eigenschaften zu finden, bietet eine Technik namens TILLING. Die Abkürzung steht für *Targeting Induced Local Lesions in Genomes*; sie beschreibt eine molekularbiologische Methode, um in einem bekannten DNA-Abschnitt gezielt Punktmutationen zu identifizieren, die zuvor durch geeignete Chemikalien künstlich herbeigeführt wurden. Die Technik, mit Chemikalien oder Strahlen im Saatgut zufällige

Mutationen zu erzeugen, ist nicht neu. „Doch früher musste man die Pflanzen dann aufwachsen lassen und aufwändig untersuchen, um eventuell veränderte Merkmale zu erfassen“, erklärt Dr. Volker Hahn von der Landessaatzuchtanstalt an der Universität Hohenheim: „Mit TILLING machen wir das jetzt umgekehrt: Wir kennen inzwischen sehr viele interessante Gene der Sonnenblume, die zum Beispiel Resistenzen oder den Ölgehalt beeinflussen. Die können wir jetzt gezielt mit TILLING untersuchen – und pflanzen dann nur solche Pflanzen aus, bei denen die Chemikalien relevante Gene verändert haben“.

Der Wissenschaftler hat mit seinen SUNRISE-Partnerinnen Dr. Silke Wieckhorst und Dr. Milena Ouzunova von der KWS SAAT SE rund 5.000 TILLING-Linien erzeugt. Diese Pflanzen stehen nun für weitere Forschungsprojekte zur Verfügung – so auch in einem beim Bundesministerium für Ernährung und Landwirtschaft (BMEL) beantragten Projekt: Darin werden sie auf veränderte Gene hin untersucht, die die Ölzusammensetzung der Sonnenblumenkerne beeinflussen. „Dahinter steckt das Interesse der Industrie nach Ölen mit hohem Ölsäuregehalt. Denn diese eignen sich besonders gut als Hydraulik- und Motoröle“, erklärt Volker Hahn. Mit klassischen Züchtungsmethoden lassen sich hier nur schwer Fortschritte erzielen; deshalb liegt die Hoffnung nun auf neuen Genvarianten in der Vielfalt der TILLING-Populationen.

schiedlicher die Elternlinien, umso größer der Effekt. Durch geschickte Kombination der väterlichen und mütterlichen Sonnenblumenlinien erhält man hybride Nachkommen, die einen höheren Ertrag zeigen als beide Eltern. Die Sache hat jedoch einen Haken: „Wenn sich die Hybriden miteinander kreuzen, verliert sich der Heterosiseffekt in den nachfolgenden Generationen“, erklärt Volker Hahn, „daher sind wir gezwungen, immer wieder neue Hybriden zu erzeugen.“ Dazu haben Generationen von Sonnenblumenzüchtern zwei deutlich unterschiedene Pools von Linien angelegt, die als Pollenspender respektive Samenerzeuger dienen.

Für die Entwicklung des Chips wählten Volker Hahn und seine SUNRISE-Teammitglieder von der KWS SAAT SE aus diesen Pools 48 Linien aus, die sich in möglichst vielen Merkmalen unterscheiden, beispielsweise im Blühzeitpunkt, in ihrer *Plasmopara*-Resistenz, im Ölgehalt oder in der Ölzusammensetzung. Parallel zu dieser Merkmalerfassung erfolgte die Analyse spezieller Genombereiche mit züchterisch relevanten Genen; zusätzlich wurde von vier besonders interessanten Linien das komplette Genom sequenziert. In dieser Fülle an Genmaterial suchten Dr. Martin Ganai, Dr. Hartmut Luerßen und weitere Angehörige der TraitGenetics GmbH nach genetischen Varianten. Dabei konzentrierten sie sich auf so genannte Punktmutationen, die über das gesamte Genom der Sonnenblume verteilt sind: Sie betreffen die kleinsten ge-

netischen Einheiten der DNA und äußern sich in unterschiedlichen Ausprägungen einzelner Nucleotide (*Single Nucleotide Polymorphisms*, kurz SNP). Die Ausbeute der SUNRISE-Mitglieder war enorm: Sie konnten mehr als 500.000 SNP identifizieren und schließlich 25.000 ausgewählte SNP auf einem Chip fixieren. Durch eine Zuordnung von äußeren Merkmalen (Phänotyp) zu den maßgeblichen Erbanlagen der jeweiligen Pflanzen (Genotyp) werden Referenzdaten geschaffen: Durch einen Abgleich mit bestimmten SNP, die als Marker für die beteiligten Gene dienen, lassen sich nun die Eigenschaften neuer, unbekannter Sonnenblumenlinien allein anhand ihrer genetischen Ausstattung weitgehend vorhersagen; die zeitintensive Merkmalerfassung zur Bewertung ihres Phänotyps entfällt.

„Mit dem Chip steht nun ein Werkzeug zur Verfügung, das für alle molekularen Arbeiten an Sonnenblumen genutzt werden kann“, betont Silke Wieckhorst: „Der Züchter kann es zum Beispiel für Qualitätsanalysen seiner Linien nutzen, um eventuelle Saatgutverwechslungen aufzuklären oder nachzuprüfen, ob die Produktion einer Linie ohne Verunreinigungen gelungen ist.“ Vor allem aber ermöglicht der Chip die markergestützte Analyse und Selektion von Pflanzen mit agronomisch wertvollen Eigenschaften: So lässt sich zum Beispiel schnell und zielsicher überprüfen, welche Pflanzen eine *Plasmopara*-Resistenz besitzen und welche nicht. Dass sich mit dem Chip auch komplexe Merkma-

„Die akademischen Partner haben wichtige wissenschaftliche Erkenntnisse erzielt und gleichzeitig den Züchtern effiziente Werkzeuge an die Hand gegeben.“

le identifizieren lassen, konnte Chris-Carolin Schön am Beispiel der Stängelfäule *Sclerotinia* demonstrieren. Auch gegen diese gefürchtete Pflanzenkrankheit besitzen manche Sonnenblumen eine geringere Anfälligkeit; doch anders als jene gegen *Plasmopara* wird sie von mehr als einem Gen beeinflusst. „Wir hatten in einem früheren Projekt sehr aufwändige Versuche zur Identifizierung dieser Resistenzgene gemacht“, so Schön. Damals habe man widerstandsfähige und anfällige Pflanzen gekreuzt und etwa 100 Nachkommen aus dieser Kreuzung daraufhin überprüft, ob und wie anfällig sie gegen *Sclerotinia* waren. Dazu mussten die Sonnenblumenpflanzen auf dem Feld experimentell mit den Erregern infiziert und ihre weitere Entwicklung dokumentiert werden. „Die damals erfassten phänotypischen Daten haben wir mit den korrespondierenden Genotypen zusammengeführt, die mit dem Chip neu analysiert worden waren“, erläutert die Professorin: „So konnten wir die Bereiche, wo wir die Resistenz vermuteten, stark eingrenzen. Nun können wir viel genauer sagen, wo die entsprechenden Gene liegen.“ Damit habe der Chip gezeigt, welches Potenzial in ihm stecke, betont Schön: „Erstens haben wir schon vorhandene Informationen über die *Sclerotinia*-Resistenz bestimmter Pflanzen überprüft und bestätigen können. Zweitens hat der Chip zusätzliche Informationen über die Lokalisation der Resistenzgene gebracht. Und drittens liefert er uns auch für weitere komplexe Merkmale eine Art genetischen Fingerprint und erlaubt eine Vorhersage des Phänotyps, ohne dass wir die entsprechenden Gene alle einzeln ansehen müssen.“

Dieser genetische Fingerprint ergibt sich aus den 25.000 SNP, die über das ganze Genom der Sonnenblume verteilt sind. Manche dieser SNP befinden sich innerhalb oder in unmittelbarer Nähe von DNA-Regionen, die die Ausprägung agronomisch relevanter Merkmale steuern – und können deshalb als molekulare Marker dafür dienen. Ein Großteil der SNP hat aber keine oder eine bislang noch

nicht bekannte funktionelle Bedeutung. Doch in ihrer Gesamtheit ergeben sie ein Muster, das ebenfalls als diagnostisches Werkzeug genutzt werden kann: Kennt man nämlich das SNP-Muster einer besonders ertragreichen oder leistungsfähigen Sonnenblumenlinie, dann werden sehr wahrscheinlich auch andere Pflanzen, die dieses SNP-Muster zeigen, besonders ertragreich oder leistungsfähig sein. So lassen sich allein anhand des SNP-Musters in einer Vielzahl von Pflanzen mit unbekanntem Phänotyp jene Varianten aufspüren, die die gewünschten Eigenschaften tragen. Das innovative Verfahren – man bezeichnet es als Genomische Selektion – ist eine Weiterentwicklung der markergestützten Selektion; es wurde 2001 innerhalb der Tierzucht entwickelt und wird seither insbesondere in der Bullenzucht als Standardmethode erfolgreich angewendet. Die Vorteile liegen auf der Hand: Man kann damit auch Merkmale selektieren, für die keine Phänotypen vorliegen und spart zudem Zeit und Geld. Chris-Carolin Schön ist überzeugt, dass die Genomische Selektion bald auch in der Pflanzenzüchtung die Methode der Wahl zur Optimierung komplexer Merkmale wie Ertrag und Schädlingsresistenz sein wird.

Für die Sonnenblume liefert der neue Chip hier die besten Voraussetzungen. Aus einem Teil der 48 Linien, deren genetische Daten auf ihm gespeichert sind, wurden im Rahmen des SUNRISE-Projekts durch Kreuzungen weitere 5.000 Linien geschaffen. Beide Ressourcen können nun für eine Vielzahl von Nachfolgestudien genutzt werden. „Für mich ist dieses Projekt ein schönes Beispiel, wie man Grundlagenforschung mit angewandter Forschung sinnvoll kombinieren kann“, so das Fazit von Chris-Carolin Schön: „Dabei wurden Ressourcen geschaffen, von denen nun beide Seiten langfristig profitieren. Die akademischen Partner haben wichtige wissenschaftliche Erkenntnisse erzielt und gleichzeitig den Züchtern effiziente Werkzeuge an die Hand gegeben.“

TARULIN Von der Pustebblume zum Autoreifen: Löwenzahn als nachhaltige Quelle für Naturkautschuk

Kaum eine andere heimische Blütenpflanze sticht so ins Auge wie der Löwenzahn: Seine gelben Köpfchen leuchten auf Wiesen, Rasenflächen und Straßenrändern. Womöglich wächst das allseits bekannte Wildkraut bald in Reih und Glied auf dem Acker – als nachhaltige Quelle für Gummi und weitere Naturstoffe. Denn aus dem milchigen Saft in seinen Wurzeln lässt sich Kautschuk, Latex und Inulin gewinnen. Ob und wie sich diese Rohstoffe im wirtschaftlichen Maßstab erzeugen und zur Herstellung hochwertiger Produkte und Lebensmittel nutzen lassen, hat ein Konsortium aus Expertinnen und Experten aus Wissenschaft, Pflanzenzüchtung und Wirtschaft, im PLANT-2030-Projekt TARULIN ausgelotet. Das Fazit nach fünf Jahren Forschung und Entwicklung: Die Pustebblume ist eine echte Alternative zum tropischen Gummibaum.

„Als ich im Jahr 2001 erstmals den Löwenzahn als Kautschukquelle ins Gespräch brachte, hat das keiner so richtig ernst genommen“, erinnert sich Professor Dirk Prüfer, Leiter der Abteilung Funktionelle und Angewandte Genomik am Fraunhofer Institut für Molekularbiologie und Angewandte Ökologie IME in Münster: „Da kam stets sofort die Frage, ob

sich das wohl rentiert. Immerhin konkurriert man ja gegen einen Baum“. Also hat Prüfer, der zudem als Professor für Biotechnologie der Pflanzen an der Universität Münster lehrt, nachgerechnet: „Ein Kautschukbaum produziert pro Jahr höchstens 1,5 Kilogramm Kautschuk, und das erst im siebten Jahr nach dem Anbau. Auf einen Hektar passen etwa 800 bis 900 Bäume, das macht einen Hektarertrag von maximal 1,5 Tonnen. Da kann der kleine Löwenzahn gut mithalten. Wenn wir nämlich den Kautschukgehalt in der Wurzel von derzeit 5 auf 15 Prozent des Trockengewichts erhöhen können – und davon gehe ich aus –, dann kommen wir pro Hektar ebenfalls auf eine Tonne Kautschuk oder mehr.“

Um dieses Ziel zu erreichen, sind natürlich noch einige Hürden zu nehmen. Die Steigerung des Kautschukgehalts ist nur eine davon; außerdem müssen umweltfreundliche Trennverfahren entwickelt werden, um den begehrten Rohstoff zu extrahieren und seiner weiteren Nutzung zuzuführen. Vor allem aber gilt es, leistungsfähige Löwenzahnlinien zu züchten, die den Anforderungen des modernen Pflanzenbaus entsprechen. Der Gewöhnliche Löwenzahn *Taraxacum officinale* ist dabei nicht die erste Wahl, denn sein Kautschukgehalt ist ver-



Löwenzahn – womöglich wächst das allseits bekannte Wildkraut bald in Reih und Glied auf dem Acker – als nachhaltige Quelle für Gummi und weitere Naturstoffe. Denn aus dem milchigen Saft in seinen Wurzeln lässt sich Kautschuk, Latex und Inulin gewinnen. Foto: ESKUSA GmbH/ Fred Eickmeyer

gleichsweise gering. Weitaus ergiebiger ist der Russische Löwenzahn. Seine Heimat ist Kasachstan und der Nordwesten Chinas, doch er gedeiht auch in unseren Breitengraden. Dass die ganze Pflanze, besonders aber ihre Wurzel, einen Milchsaft mit hohem Kautschukanteil enthält, ist seit ihrer Entdeckung 1931 bekannt. Darauf weist auch ihr wissenschaftlicher Artnamen *Taraxacum koksaghyz* hin, der sich vom turksprachigen *kok* = Wurzel und *sagiz* = Gummi ableitet. Tatsächlich gab es daraufhin Versuche, den Russischen Löwenzahn im großen Stil als Kautschuklieferanten anzupflanzen: Sowohl Stalin als auch Hitler wollten sich mit einer eigenen Produktion des kriegswichtigen Rohstoffs von Importen aus Asien unabhängig machen. Als jedoch in den 1950er-Jahren der Naturkautschuk aus Südostasien wieder bezogen werden konnte, war der kostenintensive Anbau der Blütenpflanzen nicht mehr rentabel und kam schließlich zum Erliegen.

Mittlerweile steigt die Nachfrage nach Naturkautschuk weltweit an und befeuert die Suche nach alternativen Quellen. Das Bundesministerium für Bildung und Forschung (BMBF) hat diesen Trend frühzeitig erkannt und mit dem PLANT-2030-Projekt TARULIN ein interdisziplinäres Forschungsvorhaben zur nachhaltigen Kautschukgewinnung aus Löwenzahn gefördert. „Unser Konsortium adressiert die gesamte Wertschöpfungskette. Mit diesem Konzept haben wir das BMBF überzeugt und den Zuschlag bekommen“, erzählt Dirk Prüfer. Entsprechend ihrer Expertisen haben die Projektmitglieder im Förderzeitraum von 2012 bis 2017 vier sehr unterschiedliche Themenfelder bearbeitet: Das Fraunhofer IME bemühte sich zusammen mit der niederbayerischen ESKUSA GmbH mit der Züchtung neuer, ertragreicher und für den Anbau geeigneter *T. koksaghyz*-Linien. Bei der dazu notwendigen Analytik der Inhaltsstoffe wurden sie von dem Regensburger Unternehmen numares GmbH und vom

Gummi ist aus unserem Alltag nicht mehr wegzudenken.

Das dauerelastische und wasserfeste Material wird durch ein chemisches Verfahren namens Vulkanisierung aus Kautschuk hergestellt. Derzeit werden knapp 60 Prozent des weltweiten Gummibedarfs durch synthetische Kautschuke gedeckt. Ihre elastischen Eigenschaften und die Abriebfestigkeit reichen natürlich nicht an die Qualität des Naturstoffs heran. Etwa 40.000 Produkte – vom Schnuller über Gummistiefel bis zu OP-Handschuhen und Matratzen – benötigen daher zu ihrer Herstellung pflanzlichen Kautschuk, der im Milchsaft (Latex) verschiedener Pflanzen vorkommt. Besonders groß ist der Bedarf in der Reifenindustrie; sie verbraucht etwa 70 Prozent der Weltproduktion von derzeit rund 12 Millionen Tonnen pro Jahr. Denn PKW-Autoreifen enthalten bis zu 30 Gewichtsprozent Naturkautschuk; bei LKW-Reifen, die besonders großen Belastungen ausgesetzt sind, liegt der Anteil sogar bei 40 Prozent.

Derzeit ist die einzige Quelle für Naturkautschuk der aus Südamerika stammende Kautschukbaum *Hevea brasiliensis*. Eine Pilzkrankheit verhindert den großflächigen Anbau dieser Bäume in ihrem Herkunftsland Brasilien; daher werden sie heute hauptsächlich in Thailand, Indonesien und Malaysia und in den tropischen Regionen im Süden Chinas auf Plantagen gezogen. Weil die Nachfrage stetig steigt, werden auch in benachbarten Ländern wie Vietnam, Laos und Kambodscha immer mehr solcher Plantagen angelegt. Dafür müssen dort die natürli-

chen Wälder weichen, die sich durch einen extrem hohen Artenreichtum auszeichnen und folglich als global bedeutende und besonders schützenswerte Biodiversitäts-Hotspots gelten.

Dieser Interessenkonflikt stellt die Nachhaltigkeit des Anbaus von Kautschukbäumen infrage und lässt den Ruf nach anderen Quellen laut werden. Die Botanik kennt rund 2.500 Pflanzenarten, die Kautschuk enthalten, darunter ein mexikanischer Wüstenstrauch namens Guayule. Aus dem holzigen Gewächs lassen sich die Kautschukpolymere jedoch schwer extrahieren und erreichen zudem nicht den für die Reifenherstellung erforderlichen Reinheitsgrad. Der Russische Löwenzahn bietet hier eine attraktive Alternative, denn sein Kautschuk ist von höchster Qualität. Die Pustebblume bietet noch weitere Vorteile: Sie lässt sich nach Bedarf großflächig aussähen und schon wenige Monate später ernten; somit kann die hiesige Landwirtschaft deutlich flexibler auf schwankende Nachfragen reagieren. Außerdem wächst sie in Europa, auch auf schlechteren Böden, die für andere Kulturpflanzen ungeeignet sind. Ihr Anbau könnte also die weitere Abholzung wertvoller Tropenwälder, aber auch die Abhängigkeit der heimischen Industrie von Importen und unkalkulierbaren Rohstoffpreisen mindern.



Max-Planck-Institut für Pflanzenzüchtung in Köln unterstützt. Eine Arbeitsgruppe am Julius-Kühn-Institut in Quedlinburg erforschte systematisch das agronomische Verhalten des Russischen Löwenzahns von der Saatgutgewinnung über den richtigen Zeitpunkt zur Aussaat und Ernte der Pflanzen bis hin zur Fragen der Unkrautbekämpfung und der biologischen Sicherheit. Das Stuttgarter Fraunhofer-Institut für Grenzflächen- und Bioverfahrenstechnik IGB erprobte Methoden, um die Rohstoffe – neben Kautschuk auch Latex und den Zuckersatzstoff Inulin – aus dem Pflanzenmaterial zu gewinnen. An der Prozessentwicklung war zudem das Institut für Grenzflächenverfahrenstechnik und Plasmatechnologie IGVT der Universität Stuttgart beteiligt. Ob die gewonnenen Rohstoffe den hohen Anforderungen der Industrie entsprechen, prüften als führende Anwender für Kautschuk die Continental Reifen Deutschland GmbH, für Latex die Synthomer Deutschland GmbH und für Inulin die Südzucker AG. Schließlich wurden die drei Naturstoffe von den Unternehmen zu Produktprototypen verarbeitet und gründlichen Praxistests unterzogen.

Das TARULIN-Konsortium hatte fünf Jahre Zeit, um seine anspruchsvollen Ziele zu erreichen. Im ersten Schritt begannen die Fraunhofer Forscherinnen und Forscher in den Gewächshäusern des IME jede Menge Löwenzahnpflanzen anzuziehen. Dann ging es darum, die Pflänzchen mit dem höchsten Gehalt an Latex, Kautschuk oder Inulin gezielt zu vermehren. „Wir wissen, welche Gene an der Produktion dieser drei Inhaltsstoffe beteiligt sind. Und wir haben molekulare Marker entwickelt, die uns die Expression dieser Gene in der Pflanze anzeigen. Durch wiederholte Kreuzungen der gehaltvollsten Pflanzen konnten wir einheitliche Populationen erzeugen, die etwa doppelt so viel Naturkautschuk hervorbringen wie unser Ausgangsmaterial.“, erklärt Dirk Prüfer. Markergestützte Züchtung nennt sich diese elegante Methode, mit der sich schnell

und effektiv jene Pflanzen erkennen lassen, welche die gewünschten Eigenschaften tragen.

Im Rahmen ihrer molekularbiologischen Analysen konnten die Fraunhofer Forscherinnen und Forscher in Zusammenarbeit mit den Universitäten Münster und München außerdem zwei bislang unbekannte Proteine identifizieren, die eine zentrale Rolle bei der pflanzlichen Kautschukproduktion spielen. Eines dieser neu entdeckten Enzyme ist essentiell zur Bildung des Naturstoffs; wenn es der Pflanze fehlt, unterbleibt seine Herstellung. Diese Entdeckung konnte das Team in der Onlineausgabe des renommierten Fachmagazins *Nature Plants* veröffentlichen. Das zweite neu entdeckte Enzym beeinflusst die Länge der Polyisoprenketten, welche dem Kautschuk seine typische Elastizität und Belastbarkeit verleihen. Dieser Coup gelang durch den Vergleich des kautschukreichen Russischen Löwenzahns mit der deutlich weniger gehaltvollen heimischen Art. So fanden die Wissenschaftlerinnen und Wissenschaftler heraus, dass dieses Enzym beim Gewöhnlichen Löwenzahn die Kettenlänge – und damit auch den Kautschukgehalt im Milchsaft – beschränkt. Dieses Grundlagenwissen eröffnet die Option, Naturkautschuk eines Tages auf biotechnologischem Wege im Labor herzustellen.

Doch zunächst ging es darum, den begehrten Rohstoff aus den Pflanzen selbst zu gewinnen. Dazu baute Prüfers Team am Fraunhofer IME eine kleine Laboranlage zur Extraktion von mehreren Kilogramm Kautschuk. Die Firma Continental hat damit einen PKW-Winterreifen mit besonders hohem Naturkautschukanteil gefertigt und ihn sowohl auf trockenem und nassem Asphalt als auch unter winterlichen Bedingungen getestet. Dr. Carla Recker von Continental, die das TAURULIN-Konsortium koordinierte, fasst das Ergebnis der Performance-Tests so zusammen: „Der Kautschuk aus Löwenzahn hat optimale Rohstoff- und Materialeigenschaften.“

Die Reifen daraus zeigen ein äquivalentes Eigenschaftsprofil im Vergleich zu Reifen aus herkömmlichem Naturkautschuk.“ Für ihre hervorragenden Leistungen erhielten die beiden IME-Forscher Dirk Prüfer und Christian Schulze Gronover zusammen mit Carla Recker den mit 50.000 Euro dotierten Joseph-von-Fraunhofer-Preis 2015. Ein Jahr zuvor war der Reifen bereits mit dem GreenTec Award 2014, Europas bedeutendstem Umwelt- und Wirtschaftspreis, ausgezeichnet worden. Im Herbst desselben Jahres stellte die Continental ihren Prototypen auf der Internationalen Automobilausstellung (IAA) in Hannover vor – unter dem griffigen Markennamen Taraxagum, abgeleitet aus *gum* für Gummi und *Taraxacum*, dem botanischen Namen für Löwenzahn. Innerhalb der nächsten fünf bis zehn Jahre will die Continental ihre Taraxagum-Reifen weiterentwickeln. Entsprechende Versuchsreihen zu ihrer Erprobung sind auf dem Testgelände Contidrom bei Hannover sowie im schwedischen Arvidsjaur bereits angelaufen. Wenn alles nach Plan geht, könnte die Produktion der Löwenzahnreifen ab 2020 in Serie gehen.

In puncto Kautschukqualität und -prozessierbarkeit hat *Taraxacum koksaghyz* die Feuertaupe bestanden. Jetzt muss die Pflanze beweisen, dass sie sich großflächig anbauen und im industriellen Maßstab ernten lässt; schließlich soll sie ihr Produkt bald tonnenweise liefern. Dies kann nur gelingen, wenn eine Gute Landwirtschaftliche Praxis für den Anbau des Russischen Löwenzahns entwickelt wird. Dieser Aufgabe hat sich ein Forschungsteam am Julius Kühn-Institut (JKI) in Quedlinburg gestellt: Sie sollten die agronomischen Merkmale des Korbblütlers testen und verbessern. Die Kultivierungsversuche in den 1930er-Jahren waren dabei keine Hilfe, stellt JKI-Mitarbeiterin Katja Thiele klar: „Wir mussten bei Null anfangen, denn die damaligen Methoden lassen sich nicht auf die Gegenwart übertragen. Wir haben also ganz basale Dinge gemacht, um den Löwenzahn als Pflanzkultur zu testen: Wann muss

ich aussäen, wie tief darf das Saatbett sein, wie verändern sich Wurzelmasse und Kautschukgehalt im Jahresverlauf, wann ist der günstigste Zeitpunkt für die Ernte?“ Um diese Fragen zu beantworten, haben Katja Thiele und ihre Kolleginnen und Kollegen auf dem Gelände des JKI mehr als 2.000 Parzellen von 20 bis 30 Quadratmetern Fläche angelegt. Später kamen weitere Parzellen in der Versuchsstation in Groß Lüsewitz bei Rostock dazu, wo die Pflänzchen sich in einem rauerem Klima und auf kargen Sandböden bewähren mussten.

Das Fazit dieser aufwändigen Freilandversuche: Im Prinzip lässt sich der Russische Löwenzahn in Deutschland gut kultivieren; die anspruchslose Pflanze wächst auch auf mageren Böden. Damit sich der Anbau lohnt, müssen jedoch noch eine Reihe von Problemen gelöst werden. Schon die Aussaat ist schwierig: Die Erdschicht über den winzigen Pflanzensamen darf höchstens einen halben Zentimeter dick sein; andernfalls kann der Keimling sie nicht durchstoßen. „Man braucht also zum Einsäen spezielle Maschinen und muss das Saatbett sehr sorgfältig vorbereiten. Es muss feinkrümelig und gut abgesetzt sein und möglichst vor der Aussaat noch einmal angewalzt werden, damit es keine großen Unebenheiten gibt“, erklärt Thieles Kollegin Dr. Marie Kreuzberger. Bis die Samen auskeimen, dauert es mehrere Wochen. Und die anschließende Jugendentwicklung kann weitere zwei bis drei Monate in Anspruch nehmen. In dieser Zeit sprießen schnellwachsende Unkräuter und beschatten die empfindlichen Blattrosetten des Löwenzahns. „Ohne wirksame Unkrautbekämpfung drohen signifikante Ertragseinbußen bis hin zu einem Totalverlust der Kultur. Hier suchen wir noch nach praktikablen Lösungen“, so Thiele. Für die Versuche am JKI wurden ausschließlich Wildpflanzen aus selbstgezoogenem Saatgut untersucht. Das müsse man bei der Bewertung der agronomischen Eigenschaften im Auge behalten, gibt die Agrarwissenschaftlerin zu Bedenken: „Im Moment empfehlen



Fotos: ESKUSA GmbH/ Fred Eickmeyer

Latex ist im Prinzip Kautschuk in flüssiger Form

Außer zur Kautschukgewinnung lässt sich der milchige Saft der Löwenzahnwurzel auch als Latex für die Herstellung von Handschuhen oder Kondomen nutzen. „Latex ist im Prinzip Kautschuk in flüssiger Form“, erklärt Dr. Susanne Zibek vom Fraunhofer-Institut für Grenzflächen- und Bioverfahrenstechnik IGB: „Doch wenn der Milchsaft aus dem Löwenzahn längere Zeit mit Sauerstoff in Berührung kommt, verklumpen die Kautschukpartikel zu einer festen Masse. Man muss sich also entscheiden, welche der beiden Rohstoffe man haben möchte. Will man den Latex, dann muss man die frisch geernteten Wurzeln möglichst direkt am Feld in einer geeigneten Flüssigkeit konservieren und

zerkleinern; im Labor kann diese Latexemulsion dann zentrifugiert werden, um sie von unerwünschter Biomasse zu trennen.“ Aus den Rückständen lassen sich weitere Rohstoffe gewinnen, insbesondere Inulin sowie bereits koagulierte Kautschukpartikel. „Wir haben den Proof of Principle erbracht, dass eine Kaskadennutzung aller drei Naturstoffe möglich ist“, betont Zibeks Kollege Dr. Thomas Hahn. Die Firma Synthomer, eine der weltweit führenden Anbieterinnen von Latex und Industriepartnerin im TARULIN-Verbund, hat mit dem aus Löwenzahn gewonnenen Latex den Prototypen eines Handschuhs angefertigt. Auch die Bewertung des Inulins durch die Firma Südzucker fiel positiv aus: Die aus Fruktose zusammengesetzten Kohlenwasserstoffe können sich in puncto Kettenlänge mit jenen Inulinmolekülen messen, die aus Chicoréewurzeln – der herkömmlichen Quelle – gewonnen werden. „Die Nachfrage nach Fruktose und also auch nach Inulin wird künftig auf jeden Fall steigen, betont Thomas Hahn: „Denn sie lässt sich durch biotechnologische oder chemische Umwandlung zu Polyester, Perlon oder PEF-Kunststoffflaschen verarbeiten. Als nachwachsender Rohstoff wird diese Basischemikalie für die Kunststoffindustrie interessant“



Könnte man nicht den russischen mit dem hiesigen Löwenzahn kreuzen und Nachkommen erzeugen, die von jedem Elternteil das Beste – hier den vielen Kautschuk, dort die dicke Wurzel – erben? Tatsächlich sind solche Kreuzungen möglich, aber alles andere als einfach. Foto: ESKUSA GmbH/ Fred Eickmeyer

wir die Aussaat im Frühjahr, sobald man auf den Acker kann. Die Ernte sollte so spät wie möglich im Herbst desselben Jahres erfolgen. Das kann sich aber ändern, sobald leistungsfähigere Zuchtlinien zur Verfügung stehen.“

An der Zucht solcher Linien arbeitet Dr. Fred Eickmeyer, Geschäftsführer der ESKUSA GmbH im niederbayerischen Parkstetten. „Das Ziel ist es, eine Tonne Kautschuk pro Hektar zu bekommen. Im Moment liegen wir unter 30 Kilogramm. Da können wir also nicht graduell vorgehen, sondern brauchen Multiplikatoreffekte“, sagt der Pflanzenzüchter. Und hier kommt der einheimische Löwenzahn ins Spiel: Der Kautschukanteil in seinem Milchsafte ist zwar deutlich geringer als im Latex seines russischen Verwandten. Doch seine Wurzel ist zehnfach so groß. Könnte man nicht den russischen mit dem hiesigen Löwenzahn kreuzen und Nachkommen erzeugen, die von jedem Elternteil das Beste – hier den vielen Kautschuk, dort die dicke Wurzel – er-

ben? Tatsächlich sind solche Kreuzungen möglich, aber alles andere als einfach. Individuen zweier unterschiedlicher Arten paaren sich generell nur in seltenen Ausnahmefällen. Außerdem ist das Erbgut von *T. officinale* auf mehr Chromosomen verteilt als das von *T. koksaghyz* – ein zusätzliches Hindernis einer Vereinigung. Die größte Schwierigkeit liegt in der unterschiedlichen Fortpflanzungsbiologie der beiden Löwenzahnarten. Die russische Pustebblume erzeugt ihre Samen auf sexuellem Wege, indem der Pollen einer Pflanze die Narbe einer anderen Pflanze bestäubt. Dagegen vermehrt sich die deutsche Pustebblume asexuell; ihre Blüten produzieren massenhaft identische Klone ihrer selbst.

Doch allen Hindernissen zum Trotz ist Fred Eickmeyer das Unwahrscheinliche geglückt: „Wir haben mehrere tausend Kreuzungen zwischen deutschen und russischen Löwenzahnblüten durchgeführt. Die werden einfach per Hand aneinander gekuschelt; der Rest passiert von alleine – oder eben

nicht. Insgesamt haben wir nur wenige Körner erzielt, das ist also wirklich ein seltenes Ereignis. Zum Glück waren alle Körner fruchtbar. Durch Rückkreuzungen mit russischen Eltern haben wir daraus sieben unterschiedliche Hybrid-Populationen erzeugt, die wir jetzt auf ihre Eigenschaften untersuchen und weiterzüchten.“ Die hybriden Pflanzen lassen sich schon mit bloßem Auge vom Russischen Löwenzahn unterscheiden, sagt der ESKUSA-Chef: „Das erste Laubblatt ist runder und weniger länglich, die Pflanze ist insgesamt größer und das Tausendkorngewicht ist dreimal so hoch“. Diese neuen Eigenschaften haben enorme Auswirkungen auf den Anbau, betont Eickmeyer: „Die schwereren Samen der Hybriden lassen sich etwas tiefer ablegen und können stärkere Bodenschichten durchstoßen. Damit bekommen wir einen sichereren Feldaufgang. Außerdem dauert die Anfangsentwicklung mit höchstens drei Wochen nur noch halb so lange, was den Unkrautdruck gewaltig reduziert. Das heißt, die Probleme mit dem Russischen Löwenzahn werden durch die Einkreuzung des einheimischen Löwenzahns deutlich abgemildert.“

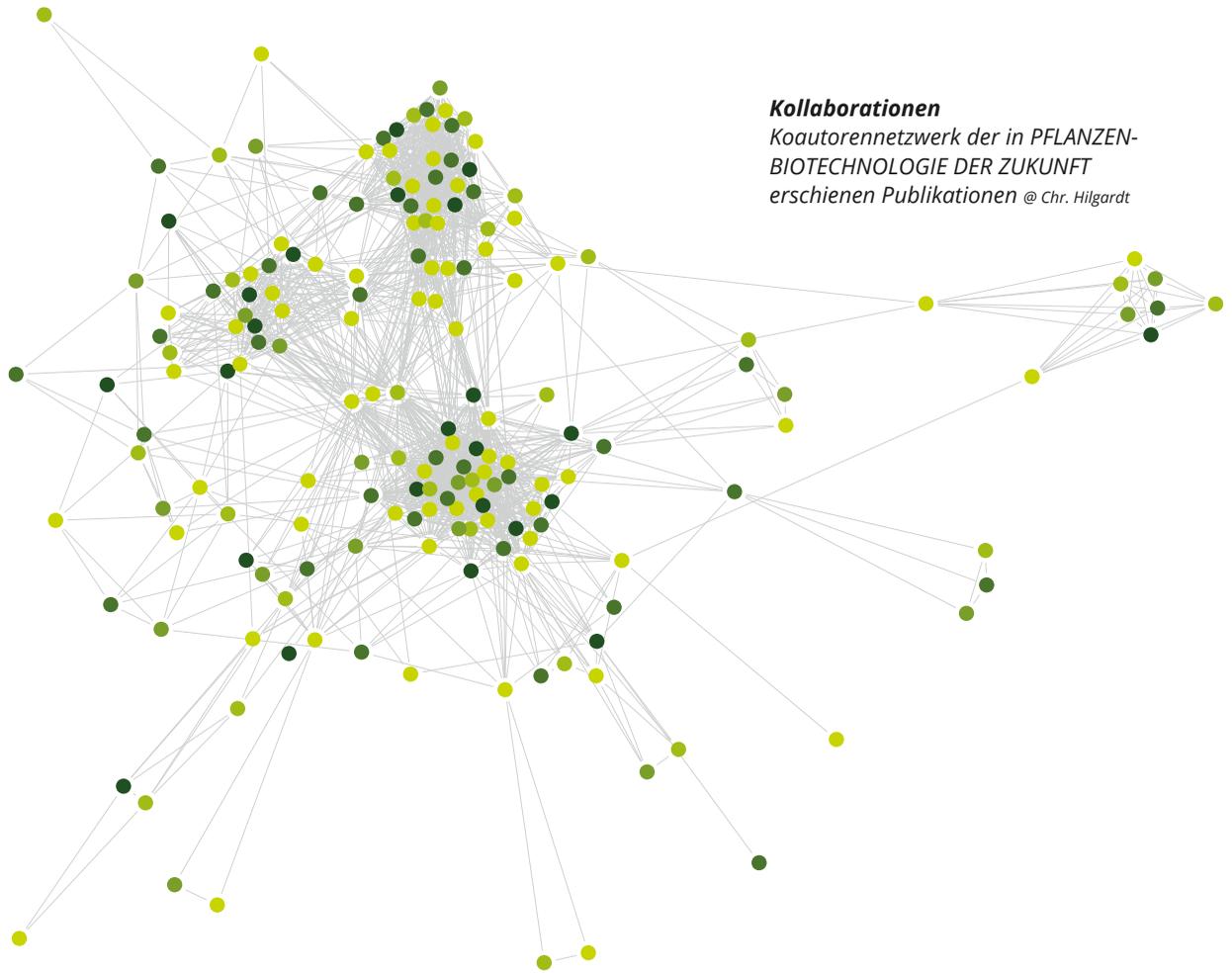
Neben dem Tausendkorngewicht ist auch die Blattstellung der Pflanzen ein wichtiges Zucht Kriterium. Die meisten Löwenzahnpflanzen bilden eine Rosette am Boden. Aber es gibt auch Exemplare mit aufrechtem Laub, die sich viel leichter ernten lassen, erklärt Fred Eickmeyer: „Die könnten wir ähnlich

wie Möhren oben am Blattwerk packen und mit dem Klemmbandrodessystem ernten. Dann würde die Wurzel fertig abgeschnitten und gebürstet im Anhänger landen.“ Das Beispiel macht deutlich: Ob *Taraxacum koksaghyz* sich zu einem profitablen Rohstofflieferanten entwickeln kann, hängt nicht nur von seinem Kautschukgehalt ab. Entscheidend sind auch seine agronomischen Merkmale. Sie zu benennen und auf ihre Verbesserung hinzuarbeiten, ist die Kompetenz von erfahrenen Pflanzenzüchtern wie Fred Eickmeyer: „Wir geben den Wissenschaftlern im Labor das Feedback aus der Praxis. Durch TARULIN ist es uns gelungen, viel versprechende Hybride herzustellen. Damit können wir jetzt weiterzüchten. Es ist noch viel zu tun, aber wie es aussieht, gibt es keinen limitierenden Faktor“. Parallel zur Zucht verbesserter Linien erzeugt Eickmeyer im Auftrag der Continental Reifen Deutschland GmbH in den nächsten Jahren kiloweise Saatgut aus den verfügbaren Hybridpflanzen: Sie sollen auf großen Versuchsflächen in Mecklenburg-Vorpommern ausgesät werden, um ökonomische Anbauverfahren zu erproben. 35 Millionen Euro steckt der Reifenhersteller in dieses ökologisch und ökonomisch sinnvolle Vorhaben. Damit erweist sich das PLANT-2030-Projekt als voller Erfolg: Es hat den Weg dafür bereitet, einen unverzichtbaren Rohstoff aus nachwachsenden Quellen künftig lokal und somit näher an seinem Verarbeitungsort zu gewinnen.

Das Projekt hat den Weg dafür bereitet, einen unverzichtbaren Rohstoff aus nachwachsenden Quellen künftig lokal und somit näher an seinem Verarbeitungsort zu gewinnen.

Geförderte Projekte

AMAIZING	Gezielte Übertragung von vorteilhaften Allelen aus tropischen Mais-Ressourcen in adaptiertes Elite-Material
ANNO BEET	Annotation des Genoms der Zuckerrübe unter Berücksichtigung von Genfunktionen und struktureller Variabilität für die Nutzung von Genomdaten in der Pflanzenbiotechnologie
BARLEY-FORTRESS	Gezielte Nutzung von Genen der basalen Abwehr für Pathogenresistenz in Gerste
BARSELECT	Genomische Selektion in der Gerstenzüchtung
BETAMORPHOSIS	Zuckerrübe (<i>Beta vulgaris</i>) - Manipulation des Pfahlwurzelmetabolismus und der Verteilung von Photosyntheseprodukten durch eine Erhöhung der Sink- und Source Kapazitäten
CEREAL-ROOTS	Identifizierung und Nutzung von Genen, die an Krankheitsresistenz und Trockentoleranz von Getreide beteiligt sind
CLIMATE CHANGE	Assoziationsgenetische Studien für eine kombinierten Hitze- und Trockentoleranz in Gerste (<i>Hordeum vulgare</i>)
CROPTIMISE	Verbesserung der Trockenheitstoleranz und Stickstoffverwertung durch kombinatorische genetische Transformation und "multiple gene stacking"
FROWHEAT	Evaluierung von Weizen Pre-Breeding-Material hinsichtlich Frosttoleranz mittels genomweiter Betrachtung und kandidatengenbasierter Analysen
HAPLOIDS	Herstellung von Hapliden mittels uniparentaler Genomeliminierung
HYWHEAT	Vorhersage der Hybridleistung bei Winterweizen mittels genomischer und metabolomischer Ansätze
INNO GRAIN-MALT	Entwicklung trockenoleranter Gerste mit verbessertem Samenertrag und gesteigerter Brauqualität
NITRO SUS	Genomische Ansätze zur Verbesserung der Stickstoff-Nachhaltigkeit von Getreiden
NUGGET	Entwicklung und Anwendung der neusten Generation genetischer Technologien bei Kulturpflanzen
OPTIMAL	Genetik- und Biomarkerbasierte prädiktive Züchtung von Maiskultivaren
PHENO VINES	Hochdurchsatz-Phänotypisierung von Ertragsparametern und Mehлтаubefall bei Weinreben
POP MASS	Entwicklung und Einsatz neuer Gentechnologien zur Steigerung der Biomasse in der Pappel
PPD	Pflanzen Primärdatenbank
PRE-BREED YIELD	Zielgerichtete Züchtung zur Ertragssteigerung bei Raps



Kollaborationen

Koautorennetzwerk der in PFLANZEN-
BIOTECHNOLOGIE DER ZUKUNFT
erschiedenen Publikationen @ Chr. Hilgardt

RYE SELECT

Genom-basierte Präzisionszuchtungsstrategie für Roggen

SELECT

Auswahl und Identifikation molekularer Marker in spezifischen genomischen Regionen mit züchterisch wichtigen Eigenschaften und für die allgemeine genetische Kartierung in hexaploidem Weizen für eine beschleunigte Pflanzenzüchtung

SUNRISE

Genomics-basierte Züchtung von Sonnenblumen für gesteigerten Ertrag, höhere Ertragsstabilität und verbesserte Züchtungseffizienz

TAMOCRO

Gezielte Genmodifikation in der Kulturpflanze Zuckerrübe

TARULIN

Taraxacum koksaghyz als nachhaltige Quelle für die lokale Produktion von Latex, Kautschuk und Inulin

TRANSBULB

Genomics-basierter Ansatz zur Nutzbarmachung des sekundären Genpools für eine nachhaltige Gersteszüchtung

TRITEX

Erforschung von *Triticeae*-Genomen per Hochdurchsatz-Sequenzierung

VALID

Validierung und Identifikation von wichtigen Marker/Merkmal-Assoziationen für agronomisch bedeutsame Merkmale für die Entwicklung von verbesserten Weizensorten

Ausführende Stellen

Privatwirtschaftliche Unternehmen

Ausführende Stelle	Standort	Projekte
Syngenta Seeds GmbH	Bad Salzuflen	PRE-BREED YIELD · VALID
KWS LOCHOW GmbH	Bergen	HYWHEAT · INNO GRAIN-MALT · RYE SELECT · VALID
ImaGenes GmbH	Berlin	SELECT
LIMAGRAIN GmbH	Edemissen	BARSELECT · HYWHEAT · OPTIMAL
KWS SAAT AG	Einbeck	AMAIZING · OPTIMAL PRE-BREED YIELD SUNRISE · TAMOCRO
P & P Dienstleistungs GmbH & Co. KG	Eitelborn	POP MASS
TraitGenetics GmbH	Gatersleben	SELECT · SUNRISE · VALID
IT-Breeding GmbH	Gatersleben	BARLEY-FORTRESS
Bayer CropScience Raps GmbH	Grundhof	PRE-BREED YIELD
NORDSAAT Saatzeitgesellschaft mbH	Gudow	BARSELECT
Continental Reifen Deutschland GmbH	Hannover	TARULIN
OakLabs GmbH	Hennigsdorf	TRITEX
Saatzeit Josef Breun GmbH & Co. KG	Herzogenaurach	BARLEY-FORTRESS · CEREAL-ROOTS CLIMATE CHANGE
Norddeutsche Pflanzzeit	Holtsee	NUGGET · PRE-BREED YIELD
Hans-Georg Lembke KG		
Deutsche Saatzeitdelung AG	Käbschütztal	BARSELECT · PRE-BREED YIELD
German Seed Alliance GmbH	Köln	PRE-BREED YIELD
Phytowelt Greentechnologies GmbH	Köln	POP MASS
NORDSAAT Saatzeitgesellschaft mbH	Langenstein	HYWHEAT
SECOBRA Saatzeit GmbH	Lemgo	BARSELECT
Saaten-Union Biotec GmbH	Leopoldshöhe	CLIMATE CHANGE · FROWHEAT
W. von Borries-Eckendorf GmbH & Co.	Leopoldshöhe	BARSELECT
Synthomer Deutschland GmbH	Marl	TARULIN
Südzucker AG	Obrigheim (Pfalz)	TARULIN
Lantmännern SW Seed Hadmersleben GmbH	Oschersleben	HYWHEAT
LIMAGRAIN GmbH	Peine	PRE-BREED YIELD
Numares GmbH	Regensburg	TARULIN
Deutsche Saatzeitdelung AG	Salzkotten	FROWHEAT
AESKULAP GmbH	Steinach	TARULIN

Ausführende Stellen

Hochschulen & Universitäten

Ausführende Stelle	Standort	Projekte
Rheinisch-Westfälische Technische Hochschule Aachen	Aachen	BARLEY-FORTRESS
Freie Universität Berlin	Berlin	CLIMATE CHANGE CROPTIMISE · POP MASS
Universität Bielefeld	Bielefeld	ANNO BEET · NUGGET
Rheinische Friedrich-Wilhelms-Universität Bonn	Bonn	PRE-BREED YIELD
Universität Bremen	Bremen	NITRO SUS
Technische Universität Dresden	Dresden	ANNO BEET
Heinrich-Heine-Universität Düsseldorf	Düsseldorf	AMAIZING
Friedrich-Alexander-Universität Erlangen-Nürnberg	Erlangen	BETAMORPHOSIS CEREAL-ROOTS CLIMATE CHANGE
Technische Universität München	Freising	BARLEY-FORTRESS RYE SELECT · SUNRISE
Hochschule Geisenheim University	Geisenheim	PHENO VINES
Justus-Liebig-Universität Gießen	Gießen	AMAIZING · CEREAL-ROOTS PRE-BREED YIELD
Georg-August-Universität Göttingen	Göttingen	POP MASS · PRE-BREED YIELD
Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg	Halle (Saale)	BARLEY-FORTRESS
Technische Universität Kaiserslautern	Kaiserslautern	BETAMORPHOSIS
Christian-Albrechts-Universität zu Kiel	Kiel	CEREAL-ROOTS · NUGGET
Universität zu Köln	Köln	BETAMORPHOSIS
Westfälische Wilhelms-Universität Münster	Münster	CROPTIMISE
Universität Potsdam	Potsdam	OPTIMAL · POP MASS
Universität Stuttgart	Stuttgart	TARULIN
Universität Hohenheim	Stuttgart	BARSELECT · HYWHEAT · OPTIMAL · RYE SELECT · SUNRISE
Julius-Maximilians-Universität Würzburg	Würzburg	BETAMORPHOSIS

Ausführende Stellen

Außeruniversitäre Einrichtungen & Ressortforschung

Ausführende Stelle	Standort	Projekte
Max-Planck-Institut für molekulare Genetik	Berlin	ANNO BEET
Julius Kühn-Institut (JKI)	Braunschweig	TRANSBULB
Leibniz-Institut für Pflanzengenetik und Kulturpflanzenforschung	Gatersleben	BARLEY-FORTRESS · BARSELECT FROWHEAT · HAPLOIDS · HYWHEAT INNO GRAIN-MALT · NUGGET OPTIMAL · PRE-BREED YIELD RYE SELECT · SELECT · TRANSBULB TRITEX · VALID
Johann Heinrich von Thünen-Institut	Großhansdorf	POP MASS
Leibniz-Institut für Altersforschung - Fritz-Lipmann-Institut e. V. (FLI)	Jena	TRITEX
Forschungszentrum Jülich GmbH	Jülich	PPD · PRE-BREED YIELD
Karlsruher Institut für Technologie (KIT)	Karlsruhe	TAMOCRO
Max-Planck-Institut für Pflanzenzüchtungsforschung	Köln	CLIMATE CHANGE · PRE-BREED YIELD TAMOCRO · TARULIN
Fraunhofer-Institut für Fabrikbetrieb und -automatisierung (IFF)	Magdeburg	BARLEY-FORTRESS
Bayerische Landesanstalt für Landwirtschaft (LfL)	München	TRANSBULB
Helmholtz Zentrum München GmbH	Neuherberg	AMAIZING · TRITEX
Leibniz-Institut für Agrartechnik Potsdam-Bornim e.V. (ATB)	Potsdam	POP MASS
Max-Planck-Institut für Molekulare Pflanzenphysiologie	Potsdam	CROPTIMIZE · OPTIMAL PLANT 2030 Geschäftsstelle
Fraunhofer-Institut für Angewandte Polymerforschung (IAP)	Potsdam	POP MASS
Julius Kühn-Institut (JKI)	Quedlinburg	BARSELECT · CLIMATE CHANGE FROWHEAT · PRE-BREED YIELD RYE SELECT · TARULIN
Fraunhofer-Institut für Molekularbiologie und Angewandte Ökologie (IME)	Schmallenberg	TARULIN
Julius Kühn-Institut (JKI)	Sieboldingen	PHENO VINES
Max-Planck-Institut für Entwicklungsbiologie	Tübingen	NUGGET

Bildnachweise

Alle Infografiken (S. 8-20, 63) beziehen sich ausschließlich auf das BMBF-Förderprogramm PFLANZENBIOTECHNOLOGIE DER ZUKUNFT und die darin geförderten Projekte.

Datengrundlage der Abbildungen mit Bezug zu den Teilprojekten (S. 8-12) waren Datenbankauszüge des Projekträger Jülich (PTJ).

Für alle Abbildungen mit Bezug zu den Veröffentlichungen (S. 13–17, 63) wurden nur unmittelbare Publikationen aus PFLANZENBIOTECHNOLOGIE DER ZUKUNFT herangezogen und ein strikt konservativer Rechercheansatz gewählt. Berücksichtigt wurden nur Publikationen aus wissenschaftlichen Fachjournalen (Peer-Reviews) und aus Fachliteratur bei eindeutiger Identifizierung des Förderprogramms oder Projekts durch Angabe von Förderkennzeichen, Akronym oder Titel. Die Anzahl mittelbarer Publikationen kann weitaus höher liegen. Publikationen aus anderen Fördermaßnahmen wurden nicht berücksichtigt. Dieses Vorgehen kann sich von den statistischen Analysen vorangegangener Förderprogramme unterscheiden. Bei allen diesen Abbildungen handelt es sich um Momentaufnahmen. Die Darstellung wurde so gewählt, dass keine Rückschlüsse auf einzelne Personen gezogen werden können. Ebenso findet kein Ranking der Projekte statt.

Stand der Literaturrecherche: Januar 2018

Stand der Ermittlung der Zitationszahlen: Mai 2018

Alle Angaben sind ohne Gewähr.

S. 8: Ausführende Stellen in Deutschland nach Teilprojekten

An Standorten mit mehreren Teilprojekten eines Projekts, wird nur jeweils ein Teilprojekt angezeigt. Die Anzahl der Markierungen an einem Ort entspricht demnach nicht zwangsläufig der Anzahl der dort ausgeführten Teilprojekte.

S. 9: Ausführende Stellen in Deutschland nach Forschungspflanzen

Bei Standort an denen mehrere Teilprojekte die gleiche Forschungspflanze bearbeiteten, wird diese Pflanze nur einmal angezeigt. Umgekehrt kann ein Teilprojekt mehrere Forschungspflanzen aufweisen. Die Anzahl der Markierungen an einem Ort entspricht demnach nicht zwangsläufig der Anzahl der Teilprojekte.

S. 10: Modell- und Forschungspflanzen in den Projekten

Die PLANT 2030 Geschäftsstelle wird nicht aufgeführt.

S. 13: Wissensnetz der Angewandten Pflanzenforschung nach Schlüsselwörtern

Semantisches Netzwerk aus den Schlüsselwörtern aller Publikationen. Berücksichtigt wurden alle Autorenstichworte und Schlüsselwörter aus den Metadaten der Publikationen. Diese werden durch die Knoten des

Graphen repräsentiert. Kanten zwischen zwei Knoten wurden gezogen, wenn zwei Schlüsselwörter innerhalb einer Publikation gemeinsam auftraten. Die Größe der Knoten repräsentiert die Häufigkeit ihres Auftretens. Die Clusterung des Graphen wird durch Farben symbolisiert. Es wurden 1787 Schlüsselwörter einbezogen (Stand: Januar 2018).

Referenz: Van Eck, N.J., & Waltman, L. (2010). Software survey: VOSviewer, a computer program for bibliometric mapping. *Scientometrics*, 84(2), 523–538.

S. 14: Publikationsleistungen

Quantitative Angaben betreffen die Gesamtheit aller unmittelbaren Veröffentlichungen. Forschungsfelder beziehen sich auf die Journale, in denen diese Veröffentlichungen erschienen sind (Stand: Januar 2018).

S. 15: Europäische Dimension

S. 16: Internationale Dimension

Quantitative Angaben beziehen sich auf die Anzahl der beteiligten Institutionen in den Ländern. Jeder Standort wurde pro Publikation nur einmal berücksichtigt. Unterschiedlich große Markierungen symbolisieren die Beteiligung einer Institution an mehreren Publikationen. Ihre Größe ist jedoch nicht proportional. Benachbarte Standorte können sich überlappen (Stand: Januar 2018).

S. 16: Nachhaltigkeit der Förderung (in aufsummierter Darstellung)

50 % der Publikationen wurden nach Januar 2015 veröffentlicht. Zu diesem Zeitpunkt war die Förderung zahlreicher Projekte bereits abgeschlossen (Stand: Januar 2018).

S. 17: Wissenschaftliche Beachtung

- 1: Bolger A.M., Lohse M. & Usadel B. (2014): Trimmomatic: A flexible trimmer for Illumina sequence data, *Bioinformatics* 30
- 2: The International Barley Genome Sequencing Consortium (2012): A physical, genetic and functional sequence assembly of the barley genome, *Nature* 491
- 3: Brenchley R. et al. (2012): Analysis of the bread wheat genome using whole-genome shotgun sequencing, *Nature* 491
- 4: The International Wheat Genome Sequencing Consortium (2014): A chromosome-based draft sequence of the hexaploid bread wheat (*Triticum aestivum*) genome, *Science* 345
- 5: Fiorani F. & Schurr U. (2013): Future scenarios for plant phenotyping, *Annual Review of Plant Biology* 64

S. 63: Kollaborationen

Die Knoten des Graphen repräsentieren die Autorinnen und Autoren dieser Publikationen. Zwischen zwei Knoten wurde immer dann eine Verbindung gezogen, wenn die entsprechenden Personen mindestens einmal gemeinsam die Autorschaft einer Publikation innehatten. Von den rund 900 Knoten wurden 16 nichtvernetzte Knoten entfernt. Nicht alle dieser Personen waren zwangsläufig Projektmitglieder (Stand: Januar 2018).

Impressum

© 2018 PLANT 2030 Geschäftsstelle

Herausgeber

PLANT 2030 Geschäftsstelle
c/o Max-Planck-Institut für Molekulare Pflanzenphysiologie
Am Mühlenberg 1 · 14476 Potsdam
E-Mail: PLANT2030@mpimp-golm.mpg.de

PLANT 2030 Geschäftsstelle

Dr. Matthias Arlt, Geschäftsstellenleiter
Dr. Hanna Berger
Dr. Christiane Hilgardt
Dr. Henrike Perner
Joram Schwartzmann
Juliane Vosswinkel

Redaktion

Dr. Christiane Hilgardt

Autorin

Dr. Monika Offenberger
Wissenschaftsjournalistin, München

Layout

Dirk Biermann Grafk Design, Potsdam

Druck

GS Druck & Medien, Potsdam

ISBN 978-3-947237-99-9

GEFÖRDERT VOM



Bundesministerium
für Bildung
und Forschung





 **PLANT
2030**

