

Das Synbreed-Projekt: Brücke zwischen Tier- und Pflanzenzüchtung

Der Synbreed-Cluster hat eine führende Rolle in der genom-basierten Züchtungsforschung eingenommen, wie Professorin Chris-Carolin Schön (München) näher erläutert.

In der ersten Dekade dieses Jahrtausends war klar, die Züchtung von Pflanzen und Tieren steht vor einem Paradigmenwechsel. Bahnbrechende Entwicklungen zeichneten sich ab, sowohl in der molekularbiologischen Analyse von Pflanzen- und Tiergenomen als auch in der Entwicklung statistischer Modelle und Algorithmen zur Datenanalyse. „Big Data“ sollte Antworten für eine erfolgreiche Züchtung liefern. Im Zuge dieser Entwicklungen wurde im Jahr 2009 der vom Bundesministerium für Bildung und Forschung geförderte Forschungscluster „Synbreed“ unter Leitung des Lehrstuhls für Pflanzenzüchtung der Technischen Universität München gegründet. Kollegen aus der Pflanzen- und Tierzüchtung, der Molekularbiologie und Bioinformatik setzten sich zum Ziel, gemeinsam die genom-basierte Züchtung bei Pflanzen und Tieren voranzubringen und in die züchterische Praxis zu etablieren. Weiteres Anliegen des Projekts war, eine neue Generation von Pflanzenzüchtern auszubilden und den wissenschaftlichen Nachwuchs mit Zukunftstechnologien vertraut zu machen.

Genetischer Fingerabdruck

Nach sechs Jahren Forschung und Entwicklung hat Synbreed eine beeindruckende Leistungsbilanz vorzuweisen. In Zusammenarbeit mit Experten aus der Humangenetik wurden zunächst für die drei bearbeiteten Spezies Mais, Huhn und Rind die notwendigen technischen Voraussetzungen für die genom-basierte Züchtung geschaffen. Die Synbreed-Wissenschaftler sequenzierten das Erbgut vieler verschiedener Maislinien sowie von Rindern und Hühnern und entwickelten daraus sogenannte Genotypisierung-Arrays. Diese Arrays dienen dazu, auf der DNA eines Individuums hunderttausende Genmarker abzulesen.

Genmarker oder Single Nucleotide Polymorphisms (SNPs) sind winzige Änderungen in der Basenabfolge eines DNA-Stranges, die durch Mutationen hervorgerufen werden. Viele dieser Unterschiede haben keine sichtbaren Auswirkungen auf wichtige Merkmale, aber die Gesamtheit der Variationen ermöglicht es, ein genetisches Muster, einen sogenannten genetischen Fingerabdruck, von einer bestimmten Pflanzen- oder Tierlinie zu erstellen. Mit Hilfe dieser Arrays wurden in Synbreed Tausende von Individuen analysiert und ihr genetischer Fingerabdruck erfasst.

Schneller zum Erfolg

Für die Forschung und Entwicklung in der Züchtung bieten diese Daten ein weites Feld. Bringt man das genetische Muster der Individuen mit ihrer Krankheitsresistenz oder Ertragsleistung in Verbindung, kann man unter Nutzung mathematisch-statistischer Modelle zum einen die merkmalsbestimmenden Gene auf dem Genom lokalisieren, zum anderen die Leistung von Individuen rein auf der Basis ihres DNA-Profiles vorhersagen. Kennt man zum Beispiel den genetischen Code eines Samenkorns, lässt sich sehr präzise vorhersagen, ob die daraus entstehende Pflanze zu den 10 % Besten ihrer Generation gehören wird. Sowohl die genom-basierte Selektion einzelner Genvarianten als auch die Vorhersage von Merkmalen, die von vielen Genen bestimmt werden, sind heute in der Züchtungspraxis implementiert und



Genomanalysen deuten darauf hin, dass sich beim Mais die genetische Vielfalt durch Züchtung verändert hat.

Foto: www.plantbreeding.wzw.tum.de

führen im Vergleich zur klassischen Züchtung deutlich schneller – und mit vorher-sagbaren Ergebnissen – zum Erfolg.

Zukunftsweisende Forschung

Mit diesen Arbeiten hat der Synbreed Cluster international und besonders im europäischen Umfeld eine führende Rolle in der genom-basierten Züchtungsforschung eingenommen. Besonders stolz sind wir auf die Ausbildung und Förderung einer neuen Generation von Nachwuchswissenschaftlern. Mit rund 30 Doktoranden, von denen heute ein Großteil in Agrarunternehmen und der Agrarforschung tätig ist, hat das Projekt einen nachhaltigen Beitrag zur Weiterentwicklung der deutschen Pflanzen- und Tierzüchtung geleistet. Aufbauend auf den in Synbreed erstellten Ressourcen und Daten sind zukunftsweisende Arbeiten zur Weiterentwicklung der genom-basierten Nutzung von Biodiversität sowie zur Selektionstheorie geplant.

Hier besteht dringender Handlungsbedarf, da die Selektionstheorie und Zuchtmethodik das Herzstück einer jeden erfolgreichen Züchtung bilden. ■



Prof. Dr. Chris-Carolin Schön

Lehrstuhl für Pflanzenzüchtung an der Technischen Universität München (TUM)