

26. HÜLSENBERGER GESPRÄCHE

Perspektiven der genomischen Selektion in der Pflanzenzüchtung

Prof. Dr. Rod Snowdon, Institut für Pflanzenzüchtung, Justus-Liebig-Universität Gießen

Die genombasierte Leistungsvorhersage stellt Pflanzenzüchtern neues Werkzeug und neuartige Ansätze für die Selektion bzgl. komplexer Merkmale bereit. Potentiell können hochauflösende, genomweite Genotypisierungsverfahren an unterschiedlichen Stellen in Pflanzenzüchtungsprogrammen eingesetzt werden, um einen erhöhten Zuchtfortschritt für schwierige Zuchtziele zu erreichen. Verbesserungen des Zuchtfortschrittes werden insbesondere durch die erzielten Zeitersparnisse erreicht, aber auch durch die Möglichkeit, wesentlich vergrößerte Familien auf Genombasis zu testen und somit den Selektionserfolg zu erhöhen.

In der klassischen Pflanzenzüchtung wird für die meisten Kulturen zunächst die genetische Zusammensetzung von neuen Zuchtlinien über zeitaufwändige und/oder teure Prozesse (z.B. Inzucht oder Haploidisierung) in nahezu homozygoter Form fixiert. Nach anschließender Saatgutvermehrung wird die Leistung dieser Stämme in diversen Umwelten geprüft.

Im Falle von Hybridkulturen wird F1-Saatgut aus Testkreuzungen ausgewählter, homozygoter Elternlinien erzeugt und geprüft. Erst nach mehrjährigen, mehrortigen Leistungsprüfungen stehen die aussichtsreichsten Sortenkandidaten fest. Zur Optimierung dieser Prozesse können genetische Selektionsmodelle an verschiedenen Ebenen geprüft und eingesetzt werden. Beispielsweise können (1) Genomsequenz- und Haplotypdaten zur Identifizierung und Introgression neuer Diversität, (2) genomweite SNP-Daten für die Vorselektion der bestgeschätzten Nachkommen aus vergrößerten Kreuzungsfamilien oder (3) genomweite Haplotypdaten zur Auswahl aussichtsreicher Hybridkombinationen mit hoher Kombinationseignung verwendet werden. Darüber hinaus verspricht für viele wichtige Kulturpflanzen (z.B. Raps, Gerste, Weizen) eine Umstellung von Liniensorten auf Hybridsorten verstärkte Renditen für Züchter und verbesserte Ertragssicherheit im Anbau. Die hierfür notwendige Differenzierung von bislang stark durchmischten Genpools in neue, strikt getrennte heterotische Pools, kann unter Einbeziehung von Genominformationen sehr gezielt und systematisch erfolgen. Dabei spielt u.a. merkmalsassoziierte Variation durch Chromosomenumstrukturierung, welche in Kulturpflanzengenomen stark ausgeprägt sein kann, eine ganz besondere Rolle.