

## 25. HÜLSENBERGER GESPRÄCHE

---

### Innovation Pflanzenzüchtung

#### – Leistungsvorhersage mittels tiefer genetischer und biologischer Markerinformationen

*Prof. Dr. Thomas Altmann, Leibniz-Institut für Pflanzengenetik und Kulturpflanzenforschung (IPK), Gatersleben*

Angesichts des weltweit steigenden Bedarfs an landwirtschaftlicher Produktion von Nahrungs- und Futtermitteln sowie nachwachsender Rohstoffe und Energieträger und den Einschränkungen, die sich aus einer begrenzten Ackerfläche, limitierten Ressourcen wie Wasser oder Düngemitteln und Auswirkungen des Klimawandels ergeben, besitzt die züchterische Weiterentwicklung und Leistungssteigerung von Kulturpflanzen als die wesentlichen Primärproduzenten genutzter Biomasse eine herausragende und entscheidende Bedeutung. So werden für Regionen mit technisch hoch entwickelter Landwirtschaft zukünftig sogar noch mehr als die in der Vergangenheit erzielten 50 % der agrarischen Produktivitätssteigerungen von der Pflanzenzüchtung über die Entwicklung verbesserter Elitesorten erwartet.

Am Beispiel von Mais, dessen Anbaufläche in Deutschland auf Grund des wachsenden Bedarfs an pflanzlicher Biomasseproduktion, u.a. für die Biogaserzeugung, im vergangenen Jahrzehnt erheblich zugenommen hat (von ca. 1,52 Mio. ha in 2002 auf ca. 2,56 Mio. ha in 2012) und der nach Weizen damit inzwischen den zweitgrößten Flächenanteil einnimmt, werden Entwicklungen und Innovationen in Züchtungsverfahren aufgezeigt, die aus der fortschreitenden Genomanalyse und der Entwicklung neuartiger analytischer Verfahren zur Erhebung molekularer Daten (tiefe Genotypisierungsdaten sowie Transkriptom- und Metabolomdaten) und phänotypischer Daten erwachsen. In dem genannten Zeitraum ist die Erhebung und Nutzung molekularer genetischer Marker für die Koppelungs- und Assoziationskartierung, die Marker-gestützte Selektion und Introgression (Rückkreuzungen) und die (zunächst in der Rinderzüchtung entwickelten und eingesetzten) genomischen Selektion dramatisch gewachsen (mit mehr als 1000-facher Steigerung der in Züchtungsprogrammen jährlich erhobenen Datenpunkte). Der Fortschritt der bei Mais betriebenen Hybridzüchtung wird ferner durch den Einsatz der ebenfalls verfügbar gewordenen Doppelhaploidentechnik stark befördert. Mit ihrer Hilfe können in einem Kreuzungs- und Fortpflanzungsschritt große Zahlen neuer reinerbiger, rekombinanter Linien („Inzucht-“ bzw. „DH-Linien“) innerhalb der beiden verwendeten heterotischen Gruppen (Flint, Dent) erzeugt werden, die jeweils als neue (potenzielle) Elternlinien für die Erzeugung von Hybriden zur Verfügung stehen. Mit der im Quadrat (bzw. Produkt) der Anzahl neuer Elternlinien in den beiden heterotischen Gruppen steigenden Zahl möglicher Hybriden, von denen nur ein kleiner Anteil in Feldversuchen geprüft werden kann, ergibt sich ein dringender Bedarf der Leistungsvorhersage der (möglichen) Hybriden auf Basis der von den Eltern erhobenen Daten. Stimuliert durch Beobachtungen an der Modellpflanze *Arabidopsis thaliana* zeigen jüngste Untersuchungen an Populationen von Mais DH- bzw. Inzuchtlinien und daraus erzeugter Hybriden, dass erhobene tiefe genetische (50k SNP) und biologische (Metabolitprofil) Markerdaten starke Vorhersagekraft für die Leistungen der Nachkommen (Kombinationseignung der Eltern) besitzen. Ähnliche Beobachtungen treffen auf die Nutzung von Transkriptomdaten der Elternlinien zu. Die Untersuchung des möglichen Einsatzes solcher prädiktiver (Hybrid-)Züchtungsverfahren bei Mais und bei anderen wichtigen Kulturpflanzen wie z.B. Weizen oder Raps ist Gegenstand aktueller Forschungsprojekte.