

Essen wir bald Big-Data-Äpfel?

Die Landwirtschaft braucht schnell neue Sorten, um die Welternährung zu sichern. Deshalb wird die Pflanzenzucht immer mehr zur Datenwissenschaft, die versucht, gewünschte Eigenschaften vorauszusagen. **Von Matthias Meili**

Wer heute in der Pflanzenzucht mitreden will, kommt um das Thema Genomeditierung nicht herum. Die Genscherer Crispr/Cas verspricht eine neue «sanfte» Genmanipulation ohne Fremdgene, mit der im Nu nachhaltigere Sorten gezüchtet werden können. So jedenfalls die Hoffnung.

Doch in den vergangenen zehn Jahren hat sich fast unbemerkt eine andere Methode etabliert, die heute viel bedeutender ist und immer wichtiger wird: die Zuchtauswahl durch eine Erbgutanalyse, im Fachjargon genomische Selektion. Dieses Verfahren kombiniert die Auswertung grosser Datenmengen mit den neusten Technologien der Genwissenschaft. Und sie arbeitet vollständig ohne Eingriffe ins Erbgut der Pflanzen. Die Grundlage für eine solch moderne Apfelzucht wurde 2016 auf dem Agroscope-Versuchsbetrieb Sandhof in Wädenswil geschaffen. Hier gedeihen in 20 Baumreihen über 500 verschiedene Apfelsorten, darunter viele alte Varietäten. Sie wird als sogenannte Referenzpopulation für Projekte der Züchtungsforschung gehegt.

Nun konnten Forschende um die Pflanzenwissenschaftlerin Michaela Jung erste Resultate veröffentlichen. Die Wissenschaftler haben die Genprofile aller Apfelbäume in dieser Anlage zusammen mit den systematisch erfassten Wuchseigenschaften der Bäume in mathematische Modelle einfließen lassen. «So können wir schon aus dem Erbgut von Apfel-Sämlingen mehrere Eigenschaften der künftigen Früchte herauslesen – bevor wir sie überhaupt im Feld wachsen lassen», sagt Michaela Jung. «Unsere Modelle haben zum Beispiel ergeben, dass wir allein aufgrund der Erbgutanalyse mit fast 80-prozentiger Sicherheit vorhersagen können, ob eine Apfelsorte Früchte mit einer roten Schale haben wird.» Auch Eigenschaften wie der Erntezeitpunkt, die Anzahl Früchte, die ein Baum tragen wird oder die Festigkeit des Fruchtfleisches liessen sich voraussagen. Die Studie ist im Fachjournal «Horticulture Research» erschienen.

Der Apfel gehört zu den wichtigsten Kulturpflanzen. Weltweit steht er auf der Liste der meistangebauten Früchte an dritter Stelle. Doch sein Anbau ist heikel. Pilzkrankheiten wie Schorf und Mehltau, aber auch Feuerbrand sind eine stete Gefahr. Bis zu zwanzigmal pro Saison fährt der Obstbauer mit Pestiziden durch die Anlage, damit die Früchte in genügender Qualität im Laden verkauft werden können.

Sämlinge gezielter auswählen

Seit Jahrzehnten suchen die Apfelzüchter auf der ganzen Welt deshalb fieberhaft nach neuen, resistenten und umweltfreundlichen Sorten. Die klassische Züchtung ist jedoch langwierig und aufwendig. Der ganze Prozess von der Kreuzung vielversprechender Elternsorten bis zur Markteinführung dauert rund zwanzig Jahre, durchschnittlich schafft es nur einer von 50 000 Sämlingen zur marktreifen Sorte.

Wenn man mit der neuen Methode die künftigen Eigenschaften einer potenziellen Sorte bereits aus den genomischen Daten herauslesen kann, können die Sämlinge gezielter ausgewählt werden. Das spart Kosten und verspricht einen grösseren Züchterfolg. In ihrer Studie haben die Züchtungsforscher über 300 000 Marker auf dem Apfelgenom ausgewertet. Das sind bekannte kurze Erbgut-Abschnitte, die über den ganzen 740 Millionen Bausteine langen Erbgut-Strang des Apfels verteilt sind. Diese Marker wurden dann mit 30 wichtigen Eigenschaften, die bei allen Sorten systema-



Apfel-Versuchsanlage am Agroscope-Standort in Wädenswil.

tisch erfasst und bewertet worden sind, statistisch verknüpft. Das Raffinierte: Die Methode funktioniert auch, wenn die Gene, welche die gesuchte Eigenschaft bewirken, unbekannt sind. «Wir analysieren nur die DNA-Profile der Sorten», erklärt Andrea Patocchi, der bei Agroscope die Gruppe Züchtungsforschung leitet. «Dabei hat jede Sorte einen eigenen Fingerabdruck.» Kennt man zum Beispiel das Muster eines Apfels mit roter Schale, dann werden Sämlinge mit

Künftig wird auch die künstliche Intelligenz eine Rolle spielen, um die grösser werdenden Datenmengen zu verarbeiten.

ähnlichem genetischem Muster auch eine rote Schale haben. Darüber hinaus hat die Studie zugleich ein Fenster in eine Landwirtschaft unter den Bedingungen der Klimaerwärmung geöffnet. Denn die Forschenden konnten nicht nur die Eigenschaften künftiger Sorten voraussagen, sondern auch die Auswirkungen von Umwelteinflüssen wie Klima oder Standort abschätzen. Der Grund: Im Rahmen einer internationalen Zusammenarbeit werden exakt dieselben über 500 Apfelsorten an fünf weiteren Standorten in Europa angebaut und erforscht: in Spanien, Italien, Frankreich, Belgien und Polen.

Von allen Standorten sind die gleichen Eigenschaften der Bäume wie in Wädenswil erfasst und in die Studie einbezogen worden. «In einer zweiten Schiene der Untersuchungen konnten wir so den Einfluss des Standortes und der Wetterbedingungen auf das Gedeihen einer Sorte modellieren», erklärt

Michaela Jung. Es zeigte sich, dass je nach Eigenschaft bis drei Viertel der Unterschiede bei einer Sorte auf Umwelteinflüsse zurückzuführen sind. Die genomische Selektion hielt zuerst vor rund 20 Jahren in der Tierzucht Einzug. Doch dann etablierte sich die Methode auch in der konventionellen Züchtungsforschung ziemlich schnell, vor allem in den grossen und am Markt erfolgreichen Züchtungsunternehmen wie Monsanto, Syngenta und anderen. «Heute wird die Methode immer weiterentwickelt. Wer vorne dabei sein will, kann nicht darauf verzichten», sagt Bruno Studer, Professor für Molekulare Pflanzenzüchtung an der ETH Zürich.

Im Biolandbau möglich

Trotzdem steht die genomische Selektion in der Öffentlichkeit oft im Schatten der Gentechnologie, insbesondere der neuen Genscherer Crispr/Cas. Diese hat den Vorteil, dass einzelne Gene im Erbgut direkt ersetzt, repariert oder auch stumm geschaltet werden können. Voraussetzung ist jedoch, dass die Gene und ihre Wirkung bekannt sind. Bei der genomischen Selektion werden dagegen Tausende und Abertausende Marker pro Genom untersucht, die über den ganzen DNA-Strang verteilt sind. Dafür gibt es heute automatisierte Chip-basierte Methoden und Sequenzier-Technologien, die zudem laufend günstiger werden. «Wenn ich für Vorträge oder Podiumsdiskussionen angefragt werde, geht es immer um die neue Genscherer», sagt Bruno Studer. «Aber in unserer Gruppe drehen sich viel mehr Forschungsprojekte um die genomische Selektion.»

Weil man damit nicht ins Genom eingreift, könnte das Verfahren auch im Biolandbau angewendet werden. «Ich sehe da ein grosses Potenzial», sagt Monica Messmer, Leiterin des Züchtungsprogramms am Forschungsinstitut für biologischen Landbau FiBL in Frick (AG). In den Züchtungsrichtlinien für den Biolandbau ist jegliche Manipulation am Erbgut der Pflanze nach wie vor verboten. Laut Messmer ist die genomische Selektion aber auch prinzipiell umfassender und ganzheitlicher als die Genomeditierung. Mittlerweile ist es zwar mit der Genscherer Crispr/Cas möglich, zehn bis fünfzig Gene in einem Schritt zu ändern. «Aber die Realität ist noch viel komplizierter», sagt Monica Messmer. «Züchtung ist eben mehr als ein Baukastensystem, in dem man nur einzelne Gene austauschen muss. Viele Eigenschaften der Pflanzen werden von einer grossen Anzahl Gene beeinflusst, von denen die meisten noch nicht einmal bekannt sind.»

Und nicht nur das: Pflanzen sind in einer engen Lebensgemeinschaft zum Beispiel mit Mikroorganismen im Boden eingebunden. So haben Untersuchungen des Max-Planck-Instituts für Pflanzenzüchtungsforschung in Köln gezeigt, dass Pflanzen, die ein breites Spektrum von Mikroorganismen in ihren Wurzeln rekrutieren können, auch weniger anfällig für Stress sind. In einem laufenden Projekt sequenzieren die FiBL-Forschenden nun die gesamte Mikrobiom-Gemeinschaft der Erbe und versuchen, die Pflanzengene, die den Austausch mit den Mikroorganismen fördern, zu lokalisieren und in die Züchtung mit einzubeziehen. «Wir werden immer mehr zur Datenwissenschaft», sagt Bruno Studer. Künftig wird auch die künstliche Intelligenz eine Rolle spielen, um die grösser werdenden Datenmengen zu verarbeiten, ist er überzeugt: «Der nächste Schritt ist, dass wir die genetischen Daten zum Beispiel mit Wetterdaten vom Standort der Pflanze verknüpfen, dass wir sie mit Informationen über die Bodenbeschaffenheit oder auch mit Spektral- und Bilddaten über die Früchte ergänzen, die mittels Drohnen im Feld erfasst werden.»

Grosse Vielfalt

500

Für die moderne Apfelzucht werden über 500 verschiedene Apfelsorten von Agroscope angebaut und untersucht.