

# Pflanzenbiotechnologie für die Landwirtschaft – Stand und Perspektiven

Ralf-Michael Schmidt

Der Transfer von Erbmaterial in eine Pflanze – Tabak – gelang zum ersten Mal 1983. Damals noch eine Sensation, lassen sich heutzutage neben den Hauptkulturpflanzen (z.B. Weizen, Mais, Reis, Soja, Raps, Kartoffeln) auch die meisten Gemüsepflanzen und einige Bäume und Stauden (z. B. Apfel, Pappel, Banane) gentechnisch verändern. Im Unterschied zur klassischen Saatzucht, die schon seit Menschengedenken betrieben wird, geschehen diese Veränderungen gezielt:

- durch das Einfügen von Genen,
- durch das Entfernen oder Abschalten von Genen.

Die Beeinflussung der gewebe-, organ- und entwicklungspezifischen Genexpression in Pflanzen ist durch die Verwendung entsprechender Promotoren möglich. Auch die Beeinflussung der zellkompartimentspezifischen Genexpression ist mit Hilfe entsprechender DNA-Signalsequenzen durchführbar. Kurzum, es stehen alle Werkzeuge zur Verfügung, um Pflanzen gentechnisch verändern zu können.

Die Pflanzenbiotechnologie nimmt im zunehmenden Maße Einfluß auf die landwirtschaftliche Wertschöpfungskette. Diese beginnt mit dem Saatgut. Aus dem Saatgut wird das Erntegut gewonnen. Das Erntegut geht dann entweder direkt in den Lebensmittel- und den Futtermittelsektor oder wird zunächst in die Hauptkomponenten Stärke, Öl und Protein aufgetrennt. Nach der Trennung schließen sich weitere Veredlungsstufen an: die Auftrennung von Stärke in Amylopektin und Amylose oder die Überführung von Stärke in Stärkesirupe und Glukose. Glukose ist selbst wieder Rohstoff für die Herstellung von „high fructose corn sirup“ (HFCS) oder für zahlreiche Fermentationsprodukte, beispielsweise Lysin und Vitamin C.

Auch das Pflanzenöl und das Pflanzenprotein sind Ausgangspunkte für eine lange Veredlungskette, von der in Abb. 1 nur ein Teil gezeigt ist. Wichtigste Produkte sind Reinöl, Fettsäuren, Vitamin E sowie spezielle Proteinfractionen.

Die Hauptabnehmer der Produkte aus dieser Veredlungskette sind wiederum der Lebensmittel- und der Futtermittelsektor. Weitere Abnehmer sind z. B. die Textilindustrie für Amylose und Amylopektin, die Waschmittelindustrie für Öle und die Fermentationsindustrie für Glukose, HFCS und diverse Proteinfractionen.

Die Pflanzenbiotechnologie wird genutzt, um die Wertschöpfung in der geschilderten Wertschöpfungskette zu erhöhen. Konkret geforscht und gearbeitet wird in drei verschiedene Richtungen:

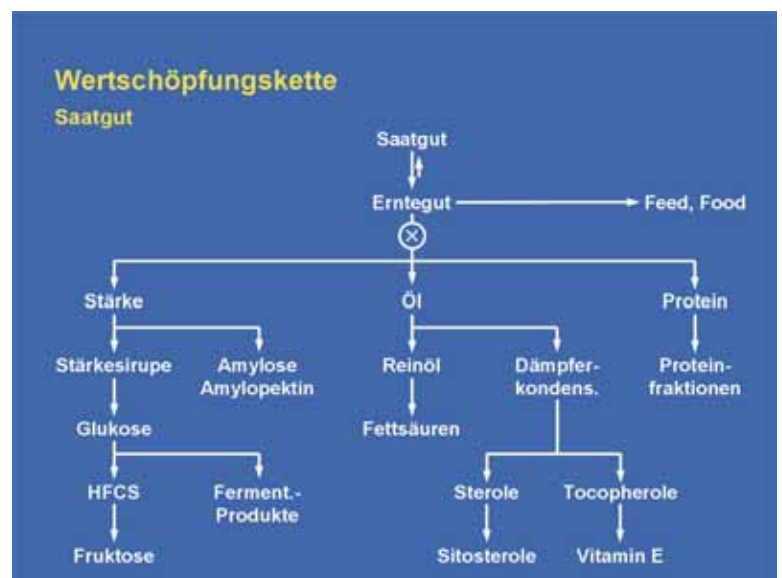
1. Optimierung der agronomischen Eigenschaften von Pflanzen: Die Herstellung herbizidtoleranter, insekten-/virusresistenter und pilzpathogenresistenter Kulturpflanzen sowie die Herstellung von Kulturpflanzen, welche sich

durch eine erhöhte Kälte-, Trocken- und Salztoleranz auszeichnen, soll Ernterträge sichern und erhöhen und somit zu einer effizienteren Landwirtschaft beitragen.

2. Optimierung der Qualität des Ernteguts: Durch Veränderung der Zusammensetzung und des Gehaltes an Pflanzeninhaltsstoffen will man zu einer besseren, gesünderen Ernährung beitragen und gleichzeitig den Wert des Ernteguts erhöhen.
3. Nachhaltige Produktion: Durch Herstellung von Spezialchemikalien in Pflanzen will man Ressourcen schonen und Pflanzen als Fabriken nutzen.

Durch gentechnische Veränderung von Saatgut haben Pflanzenschutzfirmen und Saatzüchter in

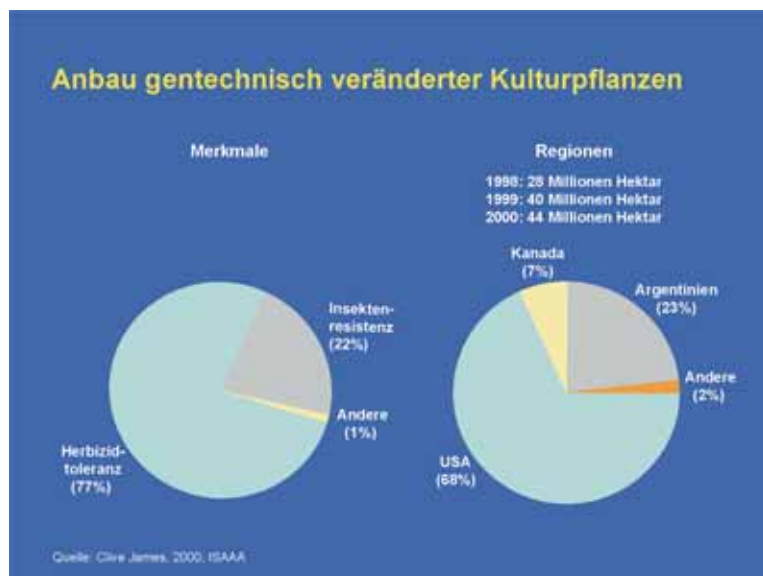
Abb. 1  
Wertschöpfungskette  
Saatgut



Zusammenarbeit mit Universitäten und Biotechnologie-Firmen mittlerweile erste Marktprodukte entwickelt: Einerseits handelt es sich um herbizidtolerante Mais-, Raps-, Soja- und Baumwollpflanzen, welche tolerant gegen die nichtselektiven Herbizide Roundup und Basta sind. Die Resistenzen wurden erzeugt durch den Einbau von Genen, welche aus Bodenmikroorganismen isoliert wurden. Im Fall von Roundup kodiert dieses Gen für ein Stoffwechselprotein (EPSP-Synthase), das im Gegensatz zur EPSP-Synthase nicht-toleranter Pflanzen nicht mehr durch Roundup inhibiert wird. Im Fall von Basta kodiert dieses Gen für ein Protein, welches Basta in ein biologisch inaktives Molekül überführt. Andererseits handelt es sich um Mais- und Baumwollpflanzen, welche durch das Einbringen des aus Bodenbakterien (*Bacillus thuringiensis*) stammenden Bt-Toxins eine stark erhöhte Resistenz gegen Schadinsekten aufweisen. Im Jahre 2000 wurden derartige gentechnisch optimierte Kulturpflanzen zwecks Sicherung und Erhöhung des Ernteertrags auf 44 Mio. ha landwirtschaftlicher Fläche angebaut (Abb. 2), 98 % hiervon in Nord- und Südamerika. Im Jahr 2001 wird eine nochmalige Steigerung dieser Anbauflächen auf voraussichtlich 50 Mio. ha verzeichnet werden.

Die derzeitigen Pflanzenbiotechnologie-Forschungsarbeiten für die Landwirtschaft konzentrieren sich auf die Herstellung pilzpathogenresistenter und streßtoleranter Kulturpflanzen (gegen Kälte, Trockenheit, hohe Salzkonzentrationen). Hierbei wird auch in aller Regel das Konzept verfolgt, natürlicherweise vorkommende Mechanismen zur Abwehr von Pathogenen oder zur Überwindung von Kälte-, Trocken- und Salzstreß aufzuklären und für die Herstellung entsprechend resistenter Pflanzen zu nutzen. Bereits jetzt sei angemerkt, daß greifbare Ergebnisse in Form kommerzialisierbarer Produkte noch nicht vorliegen.

Abb. 2  
Anbau gentechnisch veränderter Kulturpflanzen nach Merkmalen und Regionen



Die Vorgehensweise und derzeit vorliegende Ergebnisse aus den laufenden Forschungsarbeiten am Beispiel der Pilzpathogenresistenz:

Trotz Fungizideinsatz verursacht Pilzbefall an Kulturpflanzen nach wie vor alljährlich hohe Ernteauffälle (im Wert von 5 Mrd. EUR z. B. bei Getreide). Für die Behandlung bestimmter Pilzkrankheiten, z.B. Fusariosen, fehlen geeignete Fungizide. Bei Pflanzen, welche von Pilzen befallen werden, kann es zur Anreicherung von für den Menschen giftigen Pilztoxinen kommen. Diese Gründe rechtfertigen in hohem Maße Forschungsarbeiten zur Herstellung pilzpathogenresistenter Pflanzen.

Die Interaktion zwischen einem Pilz und einer Pflanze ist sehr häufig von einer „Immunität“ der Pflanze gegen den angreifenden Pilz geprägt. Hierzu ein Beispiel: Kartoffelpflanzen (*Solanum tuberosum*) werden durch das Pilzpathogen *Phytophthora infestans* ausgesprochen stark geschädigt. Eine nahe Verwandte der Kartoffelpflanze, *Solanum nigrum* (Schwarzer Nachtschatten), dagegen ist resistent gegen *Phytophthora infestans*.<sup>1</sup> Die Abwehrreaktion von *Solanum nigrum* gegen *Phytophthora infestans* geht einher mit induziertem Zelltod und starken Zellwandablagerungen, pflanzlichen Reaktionen, welche ein weiteres Vordringen des Pilzes von der Infektionsstelle in benachbarte Gewebereiche verhindern. Andere Abwehrreaktionen können sein: eine starke Kallose-Synthese – Kallose ist ein komplexes Glukose-Polymer – an der Infektionsstelle, die Bildung von Phytoalexinen, kleinen antifungal wirkenden Metaboliten, die Synthese von „pathogenesis related“ (PR)-Abwehrproteinen und auch die Synthese von Signalmolekülen zum Auslösen systemischer Resistenz. „Immunität“ von Pflanzen gegen Pilzbefall ist in vielen Fällen die Konsequenz. Der Versuch, solche in der Natur vorkommenden Resistenzmechanismen zur Herstellung pilzpathogenresistenter Pflanzen zu nutzen, hat bei Modellpflanzen in der Tat zu einer erhöhten Resistenz gegen Pilzpathogene geführt (Abb. 3).

Der einzige Erfolg bei der Herstellung pilzpathogenresistenter Pflanzen ist bis heute die durch das Mlo-Gen bewirkte, breite Resistenz gegen verschiedenste *Blumeria graminis f. sp. hordei*-Isolate (Mehltau) in Gerste<sup>3</sup>. Die Mlo-Resistenz wurde 1937 in äthiopischen Gerste-Rassen entdeckt. Resistenz wird nur dann ausgeprägt, wenn das Wildtyp-Allel Mlo zur inaktiven Form mutiert wurde bzw. rezessiv vererbt wird (mlo). 1980 wurde mlo in europäische Sommergersten eingekreuzt und ist seitdem im Feld stabil. Das verantwortliche Gen wurde mittlerweile isoliert und molekular charakterisiert<sup>3</sup>. Inwieweit es genutzt werden kann, um auf biotechnologischem Wege resistente Kulturpflanzen zu erzeugen, wird die Zukunft zeigen.

Neue Ansatzpunkte für das Voranbringen der laufenden Forschungsarbeiten werden sich aus

der pflanzlichen Genomforschung ergeben, welche in den letzten Jahren zunehmend in den Fokus molekularbiologischer und biochemischer Arbeiten gerückt ist. Erste Erfolge dieser weltweit durchgeführten Arbeiten liegen vor: Die Basensequenz sämtlicher Gene von *Arabidopsis thaliana* (Ackerschmalwand)<sup>4</sup> und der Kulturpflanze Reis<sup>5</sup>. Die Genomforschung an weiteren Kulturpflanzen wie Mais, Soja, Raps, Gerste ist in vollem Gange. Das Interesse der Forscher konzentriert sich in zunehmendem Maße auf die funktionelle Genomforschung, d.h. die Aufklärung der biologischen Funktion von Genen. Hierzu ist es notwendig, den Informationsfluß innerhalb der Pflanze ausgehend von der DNA über die Bildung von mRNA, Proteinen und Metaboliten bis hin zu pflanzlichen Phänotypen zu untersuchen und die Ausprägung bestimmter Eigenschaften direkt mit der DNA-Sequenz zu korrelieren (Abb. 4). Kenntnisse über die biologische Funktion von Genen bilden die Grundlage für die Identifizierung von Leitgenen, d.h. Genen, welche für die Ausprägung eines gewünschten Merkmals in einer Pflanze absolut essentiell sind. Eine Strategie zur Erreichung dieses Ziels stellt das sogenannte „metabolic profiling“<sup>6,7</sup> dar: Ausgangspunkt dieses Ansatzes sind Mutantpopulationen (z.B. von *Arabidopsis* und Moos), bei denen nur eines (oder sehr wenige) der insgesamt ca. 25000 vorhandenen mutiert wurde(n) bzw. ein zusätzliches Gen eingefügt wurde (Abb. 5). Danach wird einerseits untersucht, ob und wie sich die Änderung des Genotyps im „metabolic profile“, dem biochemischen Stoffwechselprofil, der Pflanzen (Vorhandensein und Gehalt an Zuckern, Aminosäuren, Fettsäuren usw.) niederschlägt. Andererseits werden die Phänotypen der Pflanzen analysiert. Unterschiede im „metabolic profile“ und im Phänotyp zwischen genetisch veränderten und nicht veränderten Pflanzen werden auf diese Weise erkennbar, können direkt Gensequenzen zugeordnet werden und lassen somit eine Aussage über die biologische Funktion definierter DNA-Sequenzen zu. In dem Maße wie es gelingt, die biologische Funktion von Genen aufzuklären, ergeben sich auch Perspektiven für die Anwendung in der Landwirtschaft, z.B. im Hinblick auf Pflanzen, welche resistent bzw. resistenter sind gegen Pathogene und Insekten oder gegen Hitze und Trockenheit.

#### Anschrift des Verfassers:

Dr. Ralf-Michael Schmidt  
 BASF Plant Science GmbH  
 BPS – A 30  
 67056 Ludwigshafen  
 E-mail: ralf-michael.schmidt@basf-ag.de

Von der Natur lernen ?

Einige Beispiele<sup>2</sup>

(Kultur-) Art	Schaderräger	Gen für
Tabak / Raps	Rhizoctonia	Chitinase (Bohne)*
Tabak	Rhizoctonia	Chitinase (Geste)*
Tabak	Phytophthora	PR-1 (Tabak)*
Reis	Rhizoctonia	Silbensynthase (Wein)*

\* PR-Proteine  
 \* Phytoalexin-synthetisierendes Protein

Abb. 3  
 In der Natur vorkommende Resistenzmechanismen zur Herstellung pilzpathogenresistenter Pflanzen (Beispiele)

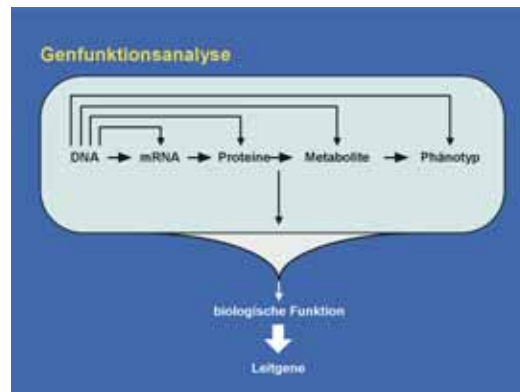


Abb. 4  
 Von der Genfunktionsanalyse zu Leitgenen

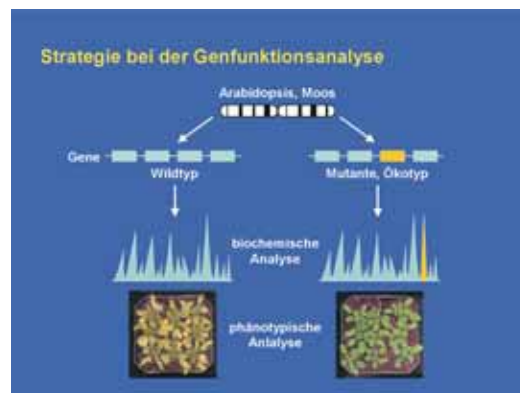


Abb. 5  
 Strategie bei der Genfunktionsanalyse

#### Anmerkungen

- Kamoun S, Huitema E, and Vleeshouwers, V.G.A.A. (1999). Resistance to oomycetes: a general role for the hypersensitive response? *Trends in Plant Science* 4, 196-201.
- Honeé, G. (1999). Engineered resistance against fungal plant pathogens. *European Journal of Plant Pathology* 105, 31-326.
- Schulze-Lefert, P., and Vogel, J. (2000). Closing the ranks to attack by powdery mildew. *Trends in Plant Science* 5, 343-348.
- The Arabidopsis Initiative (2000). Analysis of the genome sequence of the flowering plant *Arabidopsis thaliana*. *Nature* 408, 796-815.
- Barry, G. F. (2001). The use of the Monsanto draft rice genome sequence in research. *Plant Physiology* 125, 1164-1165.
- Trethewey, R.N., Krotzky, A., and Willmitzer, L. (1999). Metabolic profiling: a Rosetta Stone for genomics? *Current Opinion in Plant Biology* 2, 83-85.
- Roessner, U., Luedemann, A., Brust, D., Fiehn, O., Linke, T., Willmitzer, L., and Fernie, A.R. (2001). Metabolic profiling allows comprehensive phenotyping of genetically or environmentally modified plant systems. *The Plant Cell* 13, 11-29.