Anlage 2 zu Pressemitteilung Nr. 89 des MWK vom 30. Mai 2011

Professor Dr. Detlef Weigel vom Max-Planck-Institut für Entwicklungsbiologie in Tübingen erhält den Landesforschungspreis für Grundlagenforschung

Den Genen auf der Spur: Wie Pflanzen sich an ihre Umwelt anpassen und welche Rolle diese Prozesse bei der Artenbildung spielen

Professor Dr. Detlef Weigel, Direktor des Max-Planck-Instituts für Entwicklungsbiologie in Tübingen, erhält den mit 100.000 Euro dotierten Landesforschungspreis für Grundlagenforschung. Ausgezeichnet wird Weigel für seine Arbeiten zur Blütenentwicklung und Steuerung des Blühzeitpunkts sowie für seine Erkenntnisse zur Entstehung von Pflanzenarten, ihrer Anpassungsfähigkeit und ihren Unterschieden in Merkmalen wie Blühverhalten oder Resistenz gegen Krankheitserreger. Seine Ergebnisse sind sowohl für die Grundlagenforschung als auch für die Pflanzenzüchtung von großer Bedeutung.

Gleich zu Beginn seiner Karriere als Molekularbiologe am Salk Institut in Kalifornien gelangen Weigel und seinen Mitarbeitern zwei wichtige Entdeckungen. Bei der Untersuchung der Entwicklungsprozesse in der Ackerschmalwand *Arabidopsis thaliana*, der Modellpflanze der Genetiker, finden sie heraus, welche Faktoren dafür verantwortlich sind, dass eine Blüte überhaupt entsteht und wie der Blühbeginn genetisch Ebene gesteuert wird.

Gene treiben Blüten

„Das Blüten-Identitätsgen LEAFY sorgt dafür, dass die Pflanze eine Blütenknospe ansetzt“, erläutert Weigel. „Fehlt das Gen, entstehen zwar neue Blätter, die Blütenbildung bleibt jedoch aus.“ Weigel und seinem Team gelingt es, das von ihnen in der Ackerschmalwand neu entdeckte LEAFY-Gen auf Zitterpappeln zu übertragen. So verkürzt sich der Zeitraum bis zur Blüte dieses Baumes auf nur wenige Wochen; normalerweise beträgt er mehr als zehn Jahre. Die Erkenntnisse sind Aufsehen erregend: Immerhin lässt sich so die Züchtungsphase bei langlebigen Pflanzen deutlich reduzieren.

Für Weigel erwächst daraus die Frage: „Woher wissen Pflanzen, wann sie blühen müssen?“ Bekannt ist, dass die Tageslänge die Anlage der Blüten beeinflusst. Die Forschergruppe, damals auf dem Sprung von Kalifornien nach Tübingen, entdeckt, wie diese Information vom Blatt zum Spross gelangt: Sie identifizieren das FT-Gen, das Umweltsignale wie die Tageslänge in sich aufnimmt. Es ist zugleich Auslöser des mobilen Blühsignals, das vom Blatt zum Wachstumskegel wandert, um dort die Blütenbildung anzuregen.

Genetische Vielfalt in Zeiten den Klimawandels

Die Erkenntnisse um den Blühbeginn führen den Molekularbiologen zu den genetischen Grundlagen der Umweltanpassung von Pflanzen. Denn Individuen einer Art können sich sehr stark unterscheiden: So blühen beispielsweise Pflanzen derselben Familie in wärmeren Gefilden früher als in kälteren Regionen.

Welche Gene sind für das unterschiedliche Verhalten einer Pflanze verantwortlich? Wie wird ihre Aktivität verändert? Sind es dieselben Gene, die in verschiedenen Arten variieren? „Um das zu verstehen, muss man die Gene identifizieren, die für das unterschiedliche Erscheinungsbild von Pflanzen verantwortlich sind. Wenn wir die Funktionsweise genetischer Netzwerke kennen, können wir erklären, wie sich die Variation von Pflanzen auf die Anpassung an ihren Lebensraum auswirkt“, sagt der Molekularbiologe. Von Weigel entwickelte Methoden erlauben es, die Funktionsfähigkeit aller Gene im Genom der Pflanze gleichzeitig zu untersuchen. Die Tübinger sind weltweit die ersten, die für eine Pflanze eine artweite Karte der Variationen im Erbgut erstellen: So lässt sich die Wirkung einzelner Gene vergleichen und ihre Beziehung untereinander präzise analysieren.

Der praktische Nutzen der Erklärung von Anpassungsprozessen liegt für Weigel auf der Hand: „Wissen wir, welchen Beitrag die Gene auf die Vielfalt innerhalb einer Art haben, können wir vorhersagen, wie bestimmte Wild- und Nutzpflanzen auf Umweltveränderungen reagieren – in Zeiten des Klimawandels ein wichtiges Thema.“ Sein Ziel ist es, anhand des Erbguts abzulesen, welches Potenzial eine Pflanzenart hat, Umweltveränderungen zu überdauern.

Artenbildung ist kein Zufall

Eine Folge zunehmender genetischer Vielfalt ist, dass im Laufe der Evolution immer wieder neue Arten entstehen. Das Team um Weigel beschäftigt sich deswegen seit einigen Jahren mit Hybriden, die aus Kreuzungen zwischen sich neu bildenden oder gerade gebildeten Arten hervorgehen. Ihre Nachkommen weisen oft Defekte auf – im Extremfall überleben sie nicht bis zur nächsten Blüte. Das Phänomen war lange bekannt, als die Tübinger die Erklärung dafür finden: „Bei den Hybriden stuft ein Pathogenrezeptor aus dem Erbgut des einen Elternteils ein pflanzeigenes Protein des anderen Elternteils als schädlich ein“, erläutert Weigel. Das ruft die Immunabwehr auf den Plan, die besonders heftig ausfällt, weil alle Zellen betroffen sind. „Die Pflanzen begehen gewissermaßen Selbstmord durch Autoimmunität“, fasst er zusammen. Dass man heute weiß, welches Gen als Pathogenrezeptor fungiert, hilft in der Züchtung, Ausfälle zu vermeiden.

Weil die konventionelle Kreuzung bewährter Elitearten nahezu ausgeschöpft ist, wird es außerdem immer interessanter, verwandte Wildarten zu nutzen. Die von Weigel entwickelten genetischen Methoden öffnen den Weg, einzelne Gene mit bekannten Eigenschaften von einer Pflanze auf die andere zu übertragen, ohne das übrige Erbgut zu verändern. So ließen sich zum Beispiel Resistenzgene aus wilden Pflanzen gezielt in Zuchtpflanzen einbringen.

Weigel: Pflanzengenetik sichert die Zukunft

Weigel ist überzeugt, dass der Übertragung von Pflanzengenen eine wachsende Bedeutung zukommt: „Die Ernährung der Weltbevölkerung wird in den nächsten Jahrzehnten zu einer enormen Herausforderung.“ Für immer mehr Menschen stehe immer weniger Ackerland zur Verfügung, bessere Erträge zu erzielen, werde zur überlebensnotwendigen Aufgabe. „Wir erreichen das nicht allein durch verbesserte landwirtschaftliche Praxis“, ist sich Weigel sicher. „Die Pflanzengenetik wird die Züchtung schneller und effizienter machen.“

Methoden und Forschungsergebnisse von Weigel und seinen Kollegen finden weltweit Anerkennung und praktische Anwendung. So hat z. B. das Internationale Reisforschungsinstitut (IRRI) auf den Philippinen die von Weigel entwickelte Genkartierung übernommen, um seine Züchtungen zu verbessern. Im Moment forschen sie gemeinsam zu Virusresistenzen.

Den Wissenschaftler selbst interessiert aktuell, wie schnell sich das Erbgut verändert. Die direkte Messung der Geschwindigkeit von Mutationen könnte z. B. erklären, warum Unkrautvernichtungsmittel oft in kurzer Zeit ihre Wirksamkeit verlieren. „Es ist mir wichtig, immer neue Forschungsgebiete zu erschließen – die anderen Themen sind bei den hier ausgebildeten Kollegen in guten Händen“, sagt Weigel. Da ihm Ausbildung und interdisziplinäre Zusammenarbeit große Anliegen sind, will er das Preisgeld entsprechend investieren: „Ich möchte ein Stipendium einrichten für Doktoranden aus Asien und Afrika, die bei uns modernste Methoden der Genomforschung lernen, um sie in ihren Heimatländern sinnvoll einzusetzen.“

Vita Prof. Dr. Detlef Weigel

Detlef Weigel wurde 1961 in Dannenberg geboren. Nach seinem Studium der Biologie und Chemie an den Universitäten in Bielefeld und Köln promovierte er von 1986 bis 1988 an der Universität Tübingen über die Musterbildung im Drosophilaembryo. Als Postdoktorand forschte er von 1989 bis 1993 am California Institute of Technology in Pasadena erstmals zur Pflanzengenetik. Erste bahnbrechende Ergebnisse in der Forschung zur Blütenbildung gelangen ihm in der Zeit von 1993 bis 2002 am Salk Institute for Biological Studies in La Jolla, San Diego, wo er zunächst als Assistant und später als Associate Professor arbeitete. Seit 2002 ist Detlef Weigel Direktor der seinerzeit neu gegründeten Abteilung für Molekularbiologie am Max-Planck-Institut für Entwicklungsbiologie in Tübingen. Seit 2003 bzw. 2004 hat er darüber hinaus Honorarprofessuren am Salk Institute for Biological Studies in La Jolla bzw. an der Eberhard-Karls-Universität in Tübingen inne. Neben zahlreichen anderen Auszeichnungen erhielt Detlef Weigel 2007 den renommierten Wilhelm-Leibnitz-Preis der Deutschen Forschungsgesellschaft (DFG) und wurde 2010 mit dem Otto-Bayer-Preis geehrt.