

Züchtung im Wandel

Forschung für die Nutzpflanzen
von morgen



Bundesministerium
für Forschung, Technologie
und Raumfahrt

Vorwort

Pflanzen liefern Nahrungsmittel, Rohstoffe, Energie und prägen Kulturlandschaften. Doch eine global steigende Nachfrage, die Folgen des fortschreitenden Klimawandels, knapper werdende Ressourcen und neue Pflanzenkrankheiten stellen die Landwirtschaft vor enorme Herausforderungen. Wenn wir in Zukunft eine sichere und nachhaltige Versorgung mit Lebensmitteln gewährleisten wollen, benötigen wir Nutzpflanzen, die widerstandsfähig, ertragreich und im Kontext der Bioökonomie vielfältig einsetzbar sind.

Hier kommt die Pflanzenzüchtungsforschung ins Spiel. Sie schafft das Wissen und die Werkzeuge, um Sorten zu entwickeln, die Hitze, Trockenheit und Starkregen ebenso trotzen wie Schädlingen und Krankheiten. Sie ermöglicht es, den Einsatz von Dünger und Pflanzenschutzmitteln zu verringern und gleichzeitig Qualität und Ertrag zu sichern. Die moderne Züchtungsforschung verbindet dafür traditionelles Know-how mit modernsten Technologien, von der Genom-Editierung über digitale Zwillinge bis zur Künstlichen Intelligenz (KI).

Das Bundesministerium für Forschung, Technologie und Raumfahrt (BMFT) fördert dieses Forschungsgebiet als bedeutsames Element einer nachhaltigen Bioökonomie. Moderne Pflanzenzüchtung mit molekularen Methoden ist deshalb auch im Rahmen der Biotechnologie wesentlicher Teil der Hightech Agenda Deutschland (HTAD). Die in dieser Broschüre vorgestellten Projekte zeigen eindrucksvoll, wie breit und innovativ die deutsche Forschungslandschaft in diesem Feld aufgestellt ist und welchen wichtigen Beitrag sie unter Einsatz neuester technologischer Ansätze liefert.

Erfolge auf diesem Gebiet ergeben sich aus der intensiven Zusammenarbeit von Wissenschaft, Züchtungsunternehmen und landwirtschaftlicher Praxis. Gemeinsam sorgen sie dafür, dass wir auch morgen über Pflanzen verfügen, die unsere Ernährung sichern, das Klima schützen und die biologische Vielfalt bewahren.

Inhaltsverzeichnis

Die Bedeutung der Pflanzenzüchtung für Ernährung und Bioökonomie	2
Methoden und Werkzeuge der modernen Pflanzenzüchtungsforschung	4
Züchtungsforschung bei Getreide	8
Züchtungsforschung bei Ölpflanzen	22
Züchtungsforschung bei Gemüse	28
Züchtungsforschung bei weiteren Nahrungspflanzen	36
Ausblick: Züchtungsforschung für die Landwirtschaft der Zukunft	48
Impressum	51



Die Bedeutung der Pflanzenzüchtung für Ernährung und Bioökonomie

Die Pflanzenzüchtung ist ein Grundpfeiler unserer Ernährung und zugleich eine der dynamischsten Forschungsrichtungen der Bioökonomie. Ihre Erfolge entscheiden darüber, welche Sorten künftig auf unseren Feldern wachsen und welche Lebensmittel wir auf unseren Tellern vorfinden. Hand in Hand mit neuen und bewährten Ansätzen der landwirtschaftlichen Praxis und in Synergie mit anderen Technologien kann sie unsere Landwirtschaft zukunftsfest machen.

Seit Menschen sesshaft wurden und begannen Ackerbau zu betreiben, ist die Züchtung von Pflanzen ein zentraler Motor ihrer Entwicklung. Bereits vor rund 10.000 Jahren wählten unsere Vorfahren aus der Vielfalt wilder Pflanzen jene aus, die besonders große Körner, süße Früchte oder eine zuverlässige Ernte versprachen. Diese frühe Form der Selektion – das gezielte Auswählen von Pflanzen mit erwünschten Eigenschaften – war der erste Schritt hin zu den Kulturpflanzen, die wir heute kennen. Über Jahrtausende hinweg entstand so aus Wildgräsern der ertragreiche Weizen, aus einer unscheinbaren Ähre der große Maiskolben und aus den bitteren Knollen eines wilden Nachtschattengewächses die Kartoffel.

Mit der Zeit kamen neue Methoden der Züchtung hinzu: Kreuzungen verschiedener Sorten, um die Stärken beider Elternpflanzen zu vereinen, oder die gezielte Anpassung an Klima- und Bodenbedingungen zu erreichen. Jede dieser Innovationen half, Erträge zu steigern und Pflanzen widerstandsfähiger gegen Krankheiten, Schädlinge und Wettereinflüsse zu machen.

Große Errungenschaften, neue Herausforderungen

Im Zuge der Grünen Revolution in der zweiten Hälfte des 20. Jahrhunderts entwickelten Wissenschaftlerinnen und Wissenschaftler unter anderem Hochertragsorten von Weizen, Mais und Reis, die in Kombination mit modernen Anbaumethoden, Pflanzenschutz und Düngemitteln in vielen Ländern enorme Ertragssteigerungen ermöglichten. Vor allem in Asien und Lateinamerika konnten Hungersnöte abgeschwächt oder gar abgewendet und Millionen Menschen vor Unterernährung bewahrt werden. Allerdings zeigte die Grüne Revolution auch, dass rein auf Ertragssteigerung ausgerichtete Züchtung Grenzen hat, etwa in Bezug auf Umwelt- und Gesundheitsbelastungen durch Überdüngung (beispielsweise erhöhte Nitratwerte im Grundwasser) oder die Abhängigkeit von Landwirtinnen und Landwirten von bestimmten Betriebsmitteln, um Erträge halten zu können.

Heute steht die Pflanzenzüchtung erneut vor gewaltigen Herausforderungen: Der rasch voranschreitende Klimawandel, eine wachsende Weltbevölkerung und der Schutz natürlicher Ressourcen verlangen nach Sorten, die sowohl ertragreich als auch robust sind und

weniger Ressourcen erfordern. Außerdem sind häufig ganz neue Eigenschaften gefragt, wenn es um innovative Anwendungen in der Bioökonomie geht.

Pflanzenzüchtungsforschung für die Bioökonomie

Pflanzenzüchtungsforschung ist ein wichtiger Baustein, um die Landwirtschaft zukunftsfähig zu machen. Die Weltbevölkerung und ihr Bedarf an Nahrungsmitteln und pflanzlichen Rohstoffen werden in den kommenden Jahrzehnten noch weiter zunehmen, während die für Ackerbau verfügbare Fläche global stetig abnimmt. Um dennoch genug Nahrungsmittel und Rohstoffe zu erzeugen, müssen die Flächenerträge steigen. Das bedeutet, auf derselben Fläche mehr und stabiler zu ernten, und zwar auch dann, wenn die Witterung ungünstig ist oder Schaderreger auf den Plan treten.

Neue Sorten müssen Krankheiten, Schädlingen und der Konkurrenz von Unkräutern besser standhalten und zugleich an wechselnde Klimabedingungen angepasst sein, von Trockenperioden bis hin zu plötzlichen Starkregenereignissen.

Mehr Ertrag auf weniger Fläche reduziert die Emissionen aus der Landwirtschaft und bremst die für die Artenvielfalt so bedrohliche Umwandlung von Ökosystemen in landwirtschaftlich genutzte Flächen. Kulturarten, die Kohlenstoff besonders gut im Boden binden und den Humusaufbau unterstützen, tragen zudem direkt dazu bei, klimaschädliche Treibhausgase aus der Atmosphäre zu entfernen.

Züchtung muss auch helfen, den Einsatz von Pflanzenschutzmitteln und Düngern zu reduzieren, indem Sorten entwickelt werden, die Resistenzen besitzen oder Nährstoffe effizienter nutzen. Gleichzeitig können neue Sorten helfen, die Landwirtschaft in ökologisch sensiblen Regionen so zu gestalten, dass Lebensräume erhalten bleiben. Die Pflanzenzüchtung eröffnet aber auch ganz neue Nutzungen. Öl- und Proteinpflanzen können fossile Rohstoffe ersetzen oder neue Eiweißquellen für die Ernährung werden.

Damit knüpft die moderne Züchtung an ihre lange Geschichte an und schreibt sie mit neuen wissenschaftlichen Werkzeugen fort.



Methoden und Werkzeuge der modernen Pflanzenzüchtungsforschung

Die Pflanzenzüchtung hat sich in den vergangenen Jahrzehnten in großen Sprüngen weiterentwickelt. Während früher vor allem auf Beobachtung, Erfahrung und Kreuzung gesetzt wurde, greifen Züchterinnen und Züchter heute zusätzlich auf ein breites Arsenal wissenschaftlicher Methoden zurück, die durch Voraussagen und präzise Veränderungen die Entwicklung neuer Pflanzen beschleunigen.

Werkzeuge der modernen Pflanzenzüchtung ermöglichen es, gewünschte Eigenschaften schneller und präziser in neue Sorten zu bringen, genetische Ressourcen besser zu verstehen und gezielter zu nutzen. Dabei arbeiten klassische Ansätze der Kreuzungszüchtung heute Hand in Hand mit modernen molekularbiologischen Verfahren, datengetriebener Analyse und automatisierter Pflanzenbewertung.

Es folgt ein alphabetisch geordneter Überblick über die wichtigsten Methoden und Werkzeuge der Pflanzenzüchtung. Weitere werden in den Projektbeschreibungen der folgenden Kapitel auftauchen und dort jeweils erklärt.

Bioinformatik und Big Data: Moderne Züchtung erzeugt riesige Datenmengen – von Genomsequenzen über Wachstumsparameter bis hin zu Klimadaten. Bioinformatik hilft, diese Daten zu verknüpfen und Muster zu erkennen. Künstliche Intelligenz (KI) unterstützt dabei, Zusammenhänge zu finden und immer bessere Vorhersagen zu treffen, welche Kreuzung zu den erwünschten Eigenschaften führt.

Digitale Zwillinge und Modellierung: Digitale Zwillinge von Pflanzen oder ganzen Anbausystemen simulieren Wachstum und Entwicklung unter unterschiedlichen Umweltbedingungen. Sie helfen, Züchtungsentscheidungen virtuell zu testen, bevor sie im Feld umgesetzt werden.

Genbanken und Pre-Breeding: Genbanken bewahren das genetische Erbe von Kultur- und Wildpflanzen. Diese Vielfalt ist eine wichtige Ressource für die Züchtung neuer Sorten, insbesondere bei der Suche nach Resistenzgenen oder besonderen Inhaltsstoffen. Pre-Breeding bezeichnet die Vorarbeit, mit der Gene aus Wildarten in züchterisch nutzbare Linien übertragen werden.

Genom-Editierung: Mit Werkzeugen wie CRISPR/Cas oder der neueren Cas-Exo-Technologie lassen sich gezielt einzelne Gene oder größere Abschnitte ausschalten, anpassen oder neu kombinieren. So können gewünschte Eigenschaften direkt in bestehende Sorten eingebracht werden, ohne andere Eigenschaften zu verändern. Genom-Editierung ist besonders schnell und präzise, unterliegt aber in vielen Ländern spezifischen rechtlichen Regelungen.

Genomsequenzierung und Genomik: Dank moderner Sequenzierungstechnologien können komplette Pflanzen-

genome heute schnell und kostengünstig entschlüsselt werden. Die Genomik erlaubt es zudem, die genetische Grundlage wichtiger Merkmale zu verstehen und neue Zielgene für die Züchtung zu identifizieren. Genomdaten dienen auch als Basis für weitere Methoden wie Genom-Editierung oder Genomweite Assoziationsstudien (GWAS).

Genomweite Assoziationsstudien (GWAS): Bei GWAS handelt es sich um statistische Analysen, die große Pflanzensammlungen genetisch und phänotypisch untersuchen, um Zusammenhänge zwischen Genvarianten und erwünschten Eigenschaften zu finden. GWAS ist oft ein Ausgangspunkt für die Marker-gestützte Züchtung oder Genom-Editierung.

Genomweite Selektion (GS): Hierbei werden Zuchtentscheidungen auf Grundlage vieler genetischer Marker im gesamten Genom getroffen, auch wenn die Funktion einzelner Gene nicht genau bekannt ist. GS wird oft mit Vorhersagemodellen kombiniert, die sich auf KI stützen.

Hybridzüchtung: In der Hybridzüchtung werden gezielt zwei genetisch möglichst unterschiedliche Inzuchtlinien miteinander gekreuzt. Die erste Generation (F1)

Klassische Gentechnik vs. Genom Editierung

Bei der klassischen Gentechnik werden Transgene eingeführt, also artfremde Gene, die aus ganz anderen Organismen stammen können, wie etwa ein Bakteriengen, das eine Pflanze resistent gegen Schädlinge macht. Solche gentechnisch veränderten Organismen (GVO) unterliegen in der EU einer strengen Zulassungspflicht und umfangreichen Risikoprüfung.

Die Genom-Editierung hingegen funktioniert präziser und kann potenziell Sorten ohne artfremde DNA hervorbringen. Mit Werkzeugen wie CRISPR/Cas wird das Erbgut punktgenau an bestimmten Stellen verändert, zum Beispiel ein einzelnes Basenpaar ausgetauscht oder ein Genabschnitt gezielt ausgeschaltet. Diese Veränderungen könnten in vielen Fällen auch auf natürliche Weise oder durch klassische Züchtung entstehen, nur eben viel langsamer und weniger kontrolliert.



zeigt häufig den sogenannten Heterosis-Effekt – ein überdurchschnittliches Leistungsvermögen, etwa in Bezug auf Ertrag oder Widerstandsfähigkeit. Hybridzüchtung wird beispielsweise bei Mais, Sonnenblume oder verschiedenen Gemüsesorten eingesetzt.

In-vitro-Kultur und Gewebekultur: Bei der Gewebekultur werden kleine Pflanzenstücke oder einzelne Zellen im Labor unter sterilen Bedingungen vermehrt. So lassen sich gesunde, krankheitsfreie Pflanzen erzeugen oder seltene Kreuzungen retten, die im Feld nicht überleben würden. Auch die Produktion sogenannter Doppelhaploiden – Pflanzen mit verdoppeltem Chromosomensatz – verkürzt Züchtungszyklen erheblich.

Klassische Kreuzungszüchtung: Die Grundlage der Pflanzenzüchtung bildet im Regelfall nach wie vor die Kreuzung zweier Elternpflanzen, die unterschiedliche gewünschte Eigenschaften besitzen. Die Nachkommen werden dann auf die besten Kombinationen dieser Merkmale hin ausgewählt. Dieser Prozess kann sich über viele Generationen erstrecken. Die klassi-

sche Züchtung ist bewährt und liefert stabile Ergebnisse, ist aber vergleichsweise zeitaufwendig.

Mutationszüchtung: Diese Methode dient der gezielten Erzeugung genetischer Vielfalt durch Einwirkung chemischer Stoffe oder Strahlung auf das pflanzliche Erbgut. Die entstehenden zufälligen Mutationen können neue Eigenschaften hervorbringen, die dann in die Züchtung einfließen.

Markergestützte Züchtung (Marker Assisted Selection, MAS): Molekulare Marker sind kurze DNA-Sequenzen, die mit bestimmten Pflanzeigenschaften verknüpft sind, wie zum Beispiel Krankheitsresistenz oder Wuchsform. Mithilfe von Labortests lässt sich schon im Keimlingsstadium feststellen, ob eine Pflanze das gewünschte Merkmal trägt. Das beschleunigt die Auswahl und spart Zeit und Platz in den Zuchtparzellen.

Partizipative Züchtung: In manchen Projekten werden Landwirtschaft, Züchtungsbetrieb und Wissenschaft gemeinsam in die Entwicklung neuer Sorten ein-

gebunden. Diese partizipative Züchtung stellt sicher, dass die Sorten den realen Anbaubedingungen und den Bedürfnissen der Praxis entsprechen.

Phänotypisierung mit Hightech: Die Phänotypisierung (die Messung äußerer Merkmale) wird zunehmend automatisiert. Drohnen, Kamerasysteme, Multispektralsensoren und sogar Laser messen Pflanzenhöhe, Blattfarbe, Blühzeitpunkt oder Krankheitsbefall objektiv und in großem Maßstab. Das daraus resultierende bessere Verständnis der Zusammenhänge zwischen Genetik und Pflanzeigenschaften ist für die Züchtung von großem Wert.

Speed Breeding: Speed Breeding ist eine relativ neue Technik, bei der Pflanzen unter speziellen Licht- und Klimabedingungen in Gewächshäusern oder Wachs-
tumsräumen schneller wachsen und blühen. So lassen sich pro Jahr deutlich mehr Generationen durchlaufen, was den Züchtungsfortschritt beschleunigt.

In dieser Broschüre vorgestellte Forschung

Die Mehrzahl der in dieser Broschüre vorgestellten Projekte der Pflanzenzüchtungsforschung werden oder wurden durch das BMFTR bzw. seinen Vorgänger, das Bundesministerium für Bildung und Forschung (BMBF), gefördert. Weitere Projektbeispiele stammen aus den Förderprogrammen des Bundesministeriums für Landwirtschaft, Ernährung Heimat (BMLEH) beziehungsweise aus denen seines Vorgängers, des Bundesministeriums für Ernährung und Landwirtschaft (BMEL). Über die Auswahl in dieser Broschüre hinaus fördern beide Ministerien eine Vielzahl weiterer Forschungsprojekte im Bereich der Pflanzen(-züchtungs-)forschung. Ergänzt werden einige Kapitel durch Projekte, die zum Beispiel auf Förderung der EU oder der Deutschen Forschungsgemeinschaft (DFG) basieren.



Züchtungsforschung bei Getreide

Getreide bildet seit Jahrtausenden das Rückgrat der landwirtschaftlichen Produktion. Als Lieferant von Energie und Eiweiß sind diese, sämtlich aus der Pflanzenfamilie der Süßgräser abstammenden Nutzpflanzen nicht nur zentral für die menschliche Ernährung, sondern auch für Tierfutter und zahlreiche industrielle Anwendungen. Eine Kombination aus bewährten und innovativen Ansätzen in der Pflanzenzüchtung, von klassischer Kreuzung bis zu präziser Genom-Editierung, ermöglichen es, Getreide für die Herausforderungen des Klimawandels vorzubereiten und an nachhaltige Anbausysteme sowie innovative Nutzungen innerhalb der Bioökonomie anzupassen.

Weizen

Weltweit ist Getreide die wichtigste Kalorienquelle für den Menschen und Weizen spielt dabei eine zentrale Rolle. Allein in Deutschland wächst er auf rund einem Drittel der Ackerfläche, global gehört er zu den drei meistangebauten Kulturpflanzen überhaupt.

Als Hauptbestandteil von Brot, Nudeln oder Backwaren ist Weizen in vielen Küchen der Welt unverzichtbar. Zu den wichtigsten Züchtungszielen beim Weizen gehört deshalb an erster Stelle ein hoher und stabiler Ertrag. Dürre, Hitze, Starkregen oder Spätfröste können die Ernte jedoch empfindlich treffen. Gesucht werden daher Sorten, die mit diesen Wetterextremen besser zurechtkommen.

Ein zweites großes Ziel ist die Resistenz gegen Krankheiten, vor allem gegen Pilzkrankheiten wie Gelb- und Braunrost, hervorgerufen durch Pilze aus der Gattung *Fusarium*. Solche Erreger können erhebliche Ernteverluste verursachen oder das Getreide für die Lebens- und Futtermittelproduktion unbrauchbar machen. Je widerstandsfähiger die Pflanzen sind, desto weniger Pflanzenschutzmittel werden benötigt – das spart Kosten und schont die Umwelt.

Drittens rückt die Qualität des Korns immer stärker in den Fokus. Der Gehalt an Gluten (Klebereiweiß)

bestimmt maßgeblich die Backeigenschaften des Mehls. Zugleich wächst der Bedarf an speziellen Sorten für die Herstellung von Pasta, Gebäck oder industriellen Anwendungen. Auch der Gehalt an Mikronährstoffen wie Eisen oder Zink gewinnt an Bedeutung, etwa zur Bekämpfung von Mangelernährung in ärmeren Weltregionen.

Nicht zuletzt wird Weizen zunehmend als nachwachsender Rohstoff genutzt, etwa zur Stärkegewinnung oder als Ausgangsstoff für biochemische Anwendungen. Diese vielfältigen Anwendungsfälle spiegeln sich auch in der Pflanzenzüchtungsforschung wider.

DRIVE

Ein ambitioniertes Projekt aus der Weizenzüchtungsforschung ist DRIVE, koordiniert vom Leibniz-Institut für Pflanzengenetik und Kulturpflanzenforschung (IPK) in Gatersleben. In diesem Projekt arbeiten zahlreiche Partner aus Forschung und Züchtung gemeinsam daran, den Weg für eine neue Generation robuster, standortangepasster Weizensorten zu ebnen. Im Zentrum des Projekts steht der Aufbau einer digitalen Datenplattform, auf der genetische Informationen, Umwelt- und Leistungsdaten aus verschiedenen Zuchtprogrammen zusammengeführt werden. Mithilfe von KI sollen daraus Modelle entstehen, die vorhersagen können, wie verschiedene Weizenotypen unter realen und sogar zukünftigen Umweltbedingungen reagieren. Dafür kommt unter anderem die hochmoderne PhenoSphere am IPK zum Einsatz, eine Klimasimulationsanlage, die es ermöglicht, prognostizierte Umweltverhältnisse künftiger Jahrzehnte heute schon experimentell zu testen.

Darüber hinaus nutzt das Projekt gezielte Genom-Editierung, um wertvolle Resistenzgene aus alten Genressourcen wieder in moderne Weizensorten einzubringen – Gene, die im Laufe der Züchtung verlorengegangen sind, aber angesichts neuer Krankheitsrisiken wieder an Bedeutung gewinnen. DRIVE verknüpft damit zwei Schlüsselentwicklungen der modernen Pflanzenforschung: die datenbasierte Analyse großer Zuchtprogramme und die präzise molekulare Veränderung des Erbguts.



Weizen

Botanischer Name: *Triticum aestivum*

Anbaufläche in Deutschland:
knapp 3 Mio. Hektar (2025)

Erntemenge in Deutschland:
21,6 Mio. Tonnen (2025)

Genom vollständig sequenziert seit: 2018

Doppelhaploide Linien in der Züchtung

Doppelhaploide Linien (DH-Linien), entstanden aus der Verdopplung der Chromosomen von Elternpflanzen mit nur einem Chromosomensatz, sind in der Pflanzenzüchtung ein wichtiges Werkzeug, weil sie genetisch reinerbig sind. Normalerweise braucht es mehrere Generationen der Selbstbefruchtung, bis eine Linie so homogen ist, doch mit der DH-Technik gelingt das in nur einer Generation. Für die Züchtung bedeutet das eine enorme Zeitersparnis und deutlich präzisere Ergebnisse: Eigenschaften lassen sich sofort zuverlässig prüfen und bewerten, ohne dass in späteren Generationen noch unerwartete Variationen auftreten. Außerdem eignen sich DH-Linien hervorragend als Ausgangseltern für Hybridzüchtungen, da ihre genetische Stabilität die Vorhersagbarkeit und den Heterosis-Effekt verbessert.

GeneBank 3.0

Die Genbank des IPK bewahrt eine der weltweit größten Sammlungen an Weizen in Form von Körnern und tiefgefrorenen Pflanzen, darunter alte Sorten, Landsorten und wilde Verwandte. Das vom IPK koordinierte Projekt GeneBank 3.0 hat sich zum Ziel gesetzt, dieses genetische Erbe für die moderne Züchtung nutzbar zu machen. Dazu werden Gene und Varianten identifiziert, die etwa den Kornertrag erhöhen oder vor Krankheiten wie Mehltau, Gelbrost und Braunrost schützen können. Besonders im Fokus stehen Merkmale, die in heutigen Züchtungslinien bisher kaum vorkommen, wie eine offenerere Blüte, die für die Hybridweizenzüchtung wichtig ist. Um diese wertvollen Eigenschaften aufzuspüren und gezielt einzubringen, kombiniert das Projekt modernste Methoden der Genom- und Phänotypenanalyse mit computergestützten Auswertungen und präziser Züchtung. Die Forschenden erstellen eine Art „molekularen Atlas“ der Weizensammlung und bauen eine öffentlich zugängliche Bibliothek mit resistenzstarken Spenderpflanzen auf. Diese können dann gezielt in neue Sorten eingekreuzt werden. So wird die Genbank nicht nur ein Lager historischer Vielfalt, sondern ein Werkzeug für die Weizenzüchtung der Zukunft.

INPUT

Im Projekt INPUT geht es darum, die Züchtung von Weizen grundsätzlich zu beschleunigen und gezielt zu verbessern, über ein smartes Schnelltest-System, kurz STS. Dabei nutzen die Forschenden das Prinzip der sogenannten doppelhaploiden (DH) Linien (siehe Infokasten), bei denen aus einer Pflanze nach wenigen Zuchtzyklen genetisch reine Nachkommen entstehen. Bisher war es aber schwer vorherzusagen, bei welchen Weizenlinien diese Methode gut funktioniert.

Das von der Saaten-Union Biotec GmbH koordinierte Projekt entwickelt daher einen Test, der anhand bestimmter Stoffwechsellmuster in Mikrosporen (den Vorläuferzellen des Pollens) schon früh erkennt, ob eine Linie gute Voraussetzungen für die DH-Erzeugung mitbringt. So kann der Züchtungsprozess gezielt gesteuert werden: Nur Linien, die eine hohe Effizienz erwarten lassen, werden weiterverfolgt. Das spart Zeit, Ressourcen und verbessert die Wirtschaftlichkeit.

WHEATinterfere

Das von der Universität Gießen koordinierte Projekt WHEATinterfere widmet sich einer besonderen Abwehrstrategie gegen einige der gefährlichsten Krankheitserreger im Weizenanbau – verschiedene Rostpilze und Fusarium-Arten. Statt auf herkömmliche Resistenzstrategien setzt es auf epigenetische Mechanismen, konkret auf kleinste RNA-Moleküle (sogenannte sRNAs), die von der Pflanze oder dem Erreger selbst produziert werden. Diese Moleküle können gezielt in den jeweils anderen Organismus hineinwirken und dort bestimmte Gene beeinflussen. Dieses Phänomen nennt man crosskingdom RNA-Interferenz (RNAi). Würde Weizen solche Moleküle in die Pathogene abgeben, könnte er deren Infektionsfähigkeiten schwächen, wäre weniger anfällig und der Einsatz von Fungiziden könnte reduziert werden.

WHEATinterfere verknüpft moderne genetische Techniken mit praktischen Feldstudien. Die Forschung untersucht zunächst im Labor, wie unterschiedliche Weizenlinien diese RNAi-Moleküle selbst nutzen oder darauf reagieren. Anschließend prüfen die Beteiligten, wie sich diese Erkenntnisse in realer Umgebung umsetzen lassen, zum Beispiel durch verbesserte Sorten oder innovative Zuchtstrategien.

Mais

Mais ist eine der wichtigsten Kulturpflanzen weltweit, nicht nur als Futter- und Nahrungsmittel, sondern auch als Rohstoff für Industrie, Energie und biobasierte Produkte. In Deutschland wächst er vor allem als Silomais für Tierfutter oder Biogasanlagen. Seine enorme genetische Vielfalt macht ihn zu einem idealen Objekt für die Pflanzenzüchtung und zu einer Kultur mit hohem Anpassungspotenzial.

In der Landwirtschaft wird zwischen Silo- und Körnermais unterschieden, die sich in Eigenschaften, Nutzung und resultierend daraus auch in Anbaufläche und -menge sehr unterscheiden. Beim Silomais wird die ganze Pflanze grün geerntet und zu Maissilage vergoren, während beim Körnermais nur die reifen, trockenen Körner gedroschen und eingelagert werden. Körnermais besitzt eine deutlich höhere Energiedichte und eignet sich besonders als kraftvolles Futtermittel, während Silomais häufig in der Milchviehhaltung eingesetzt wird, da Wiederkäuer auch gröbere Pflanzenstoffe besser verwerten können. Zudem gibt es Maissorten, die flexibel genutzt werden können – je nach Wetter, Ertrag oder Marktentscheidung entweder als Silo- oder Körnermais.

Zu den zentralen Züchtungszielen gehören ein hoher und stabiler Ertrag, Widerstandsfähigkeit gegen Krankheiten und Schädlinge sowie eine effizientere Aufnahme und Nutzung von Nährstoffen. Angesichts des Klimawandels rücken auch Trockentoleranz, Hitzestressresistenz und eine optimierte Wurzelentwicklung zunehmend in den Fokus. Gleichzeitig wird an Sorten gearbeitet, die sich gezielt für neue Nutzungen eignen – etwa als Proteinquelle, für nachhaltige Verpackungsmaterialien oder zur besseren CO₂-Bindung im Boden.

MAZE

Das von der TU München koordinierte Projekt MAZE untersucht alte Landrassen aus Europa, um neue genetische Vielfalt für die Züchtung von Mais zu erschließen. Diese Landrassen, die früher in bestimmten Regionen heimisch waren, tragen in ihrem Erbgut oft besondere Eigenschaften wie eine bessere Kältetoleranz. Im Projekt werden daraus doppelhaploide Linien gewonnen, die genetisch reinerbig sind. Mittels

moderner Bioinformatik werden sogenannte Haplotypen (bestimmte Genkombinationen) erfasst und mit präziser Phänotypisierung sowohl im Labor als auch im Feld verknüpft. So lassen sich konkrete Genvarianten identifizieren, die etwa die Kältetoleranz während der frühen Entwicklung stärken.

MAZE geht aber noch einen Schritt weiter: Auf Basis der gewonnenen Daten werden statistische Modelle entwickelt, um die Leistung solcher Landrassen-Merkmale vorherzusagen und gezielt in moderne Elite-Linien zu überführen. Alte Landrassen werden dadurch nicht nur bewahrt, sondern aktiv genutzt, um Mais für künftige Klima- und Umweltbedingungen widerstandsfähiger zu machen.

Phasi_EPMS

Hitze zur Blütezeit kann bei Mais gravierende Folgen haben: Die Pollenkörner entwickeln sich nicht richtig, die Blüten werden unfruchtbar und die Ernte bleibt aus. Genau hier setzt das Projekt Phasi_EPMS an, das von der Universität Regensburg koordiniert wird. Die Beteiligten untersuchen den Einsatz winziger,



Mais

Botanischer Name: *Zea mays*

Anbaufläche in Deutschland:
rund 2,5 Mio. Hektar (2025)

Erntemenge in Deutschland:
rund 95 Mio. Tonnen (2025; davon 89,61 Mio. Silomais und 4,75 Mio. Körnermais)

Genom vollständig sequenziert seit: 2009



sogenannter nicht-kodierender RNA-Moleküle, insbesondere phasiRNAs. Diese Moleküle beeinflussen auf epigenetischer Ebene, wie Gene in der Pollenbildung reguliert werden. Frühere Studien zeigten bereits, dass Unterschiede in der Produktion solcher RNAs nach Hitzeeinwirkung zwischen Maislinien aus gemäßigten und tropischen Regionen bestehen.

Im Labor isoliert das Team gezielt unreife männliche Blütenzellen und untersucht, welche phasiRNAs unter

Hitze stressbedingt verändert sind. So wollen die Forschenden die entscheidenden Gene identifizieren, auf die diese RNA-Moleküle einwirken. Wenn man weiß, welche Gene bei Hitze ausfallen, könnten Züchtungsbetriebe gezielt hitzestabile Varianten etablieren, etwa durch Hybridisierung oder Genom-Editierung. Damit könnte künftig verhindert werden, dass Mais bei zunehmender Hitze unfruchtbar wird – ein wichtiger Schritt für die Ertragssicherheit in Zeiten des Klimawandels.

Epigenetik

Epigenetik beschreibt vererbliche Veränderungen in der Aktivität oder Funktion von Genen, die nicht auf Veränderungen der DNA-Sequenz zurückgehen. Stattdessen erfolgt der Einfluss über chemische Markierungen auf der DNA oder auf den Histon-Proteinen, um die sich die DNA windet. Solche Markierungen (etwa Methylierungen) können die Regulierung der Genexpression beeinflussen, ohne den genetischen Code zu verändern. Für die Pflanzenzüchtung ist das wichtig, denn epigenetische Mechanismen beeinflussen die Reaktion von Pflanzen auf Umweltbedingungen wie Trockenheit, Hitze oder Krankheitserreger. Manche dieser Anpassungen können sogar an die nächste Generation weitergegeben werden. Züchterinnen und Züchter hoffen daher, mithilfe epigenetischer Erkenntnisse widerstandsfähigere Sorten zu entwickeln, ohne in das Erbgut im engeren Sinne einzugreifen.

CornWall

Die Reststoffnutzung steht im Fokus des von der Heinrich-Heine-Universität Düsseldorf koordinierten Projekts CornWall. Die Beteiligten erforschen alte und neue Maisvarianten, deren Stroh sich besonders gut für die industrielle Verwertung eignet – zum Beispiel um Zucker oder Biochemikalien aus den pflanzlichen Reststoffen zu gewinnen. Entscheidend ist dabei, dass solche Sorten in Ertrag, Anbaueigenschaften und Biomasse nicht hinter etablierten Maissorten zurückbleiben. Mit genetischen Untersuchungen werden Mutationen identifiziert, die für gesuchte Eigenschaften verantwortlich sind. Aus diesen Erkenntnissen entstehen genetische Marker, die zukünftig in der Züchtung eingesetzt werden können. Dann ließen sich die Ressourceneffizienz steigern, die Verarbeitungskosten senken und Maisstroh als wertvoller Rohstoff in einer abfallfreien Bioökonomie etablieren.

Reis

Reis wird in Deutschland nur im Rahmen von Versuchen angebaut, ist jedoch das wichtigste Grundnahrungsmittel für mehr als die Hälfte der Weltbevölkerung. Entsprechend zentral ist die Züchtung neuer Reissorten, die Ernährungssicherheit auch in Zeiten des Klimawandels gewährleisten.

Zu den vordringlichen Züchtungszielen zählt ein hoher und stabiler Ertrag auch bei Wetterextremen wie Überschwemmung, Dürre oder Hitze. Ähnlich wichtig sind eine Anpassung an nährstoffarme Böden und eine bessere Resistenz gegen Krankheiten und Schädlinge, etwa gegen Bakterienbrand, den Reisbrandpilz oder den Reiskäfer. Auch die Anpassung an salzhaltige Böden, die durch den Meeresspiegelanstieg in Küstenregionen zunehmen, ist ein dringliches Thema. Darüber hinaus wird an Sorten mit einem höheren Nährstoffgehalt gearbeitet, etwa mit mehr Eisen, Zink oder Provitamin A, um Mangelernährung vorzubeugen. Weitere Zuchtziele betreffen die Kocheigenschaften, Wasser- und Nährstoffeffizienz und die Eignung für den Trockenanbau: Stehen die Felder nicht unter Wasser, setzt der Reisanbau weit weniger klimaschädliches Methan frei.

RiSaWA

Das Projekt RiSaWA, koordiniert von der Universität Hohenheim, befasst sich mit einem der drängendsten Probleme des Reisanbaus in Südostasien: dem Eindringen salzhaltigen Wassers in Ackerböden infolge des Klimawandels und des steigenden Meeresspiegels. In den Megadeltas großer Flüsse wie dem Mekong oder dem Ganges kann Meerwasser bis zu 100 Kilometer ins Landesinnere vordringen. Dadurch drohen massive Ertragsverluste und langfristige Schäden am Grundwassersystem. Das Projekt beschäftigt sich gemeinsam mit lokalen Stakeholdern damit, wie das verhindert werden kann und untersucht unterschiedliche Reissorten in klimaschonenden Anbaumethoden wie dem „Alternate Wetting and Drying“ (AWD), bei dem zwischen Nass- und Trockenanbau gewechselt wird. Dabei könnte der Methanausstoß um bis zu 40 Prozent reduziert werden ohne dass der Ertrag leidet. Dies bietet eine wertvolle Grundlage, um neue Reissorten zu entwickeln, die resistenter gegen

Brackwasser, effizienter in der Wasserverwendung und klimafreundlicher im Anbau sind.

Thio-As-Rice

Ein wenig bekanntes Gesundheitsproblem stand im Fokus von Thio-As-Rice. Das von der Universität Bayreuth koordinierte Projekt beschäftigte sich mit schwefelhaltigen Arsenverbindungen (sogenannten Thioarsenaten) im Reis, die potenziell gefährlicher sein können als bisher gesetzlich regulierte Arsen-Formen. Forschende konnten zeigen, dass diese Substanzen im Boden entstehen können und durch herkömmliche Analyseverfahren häufig übersehen werden. Die Pflanze jedoch nimmt sie auf und die Giftstoffe können bis ins Reiskorn gelangen. Ziel des Projekts war es deshalb, genau zu verstehen, wie Thioarsenate im Boden gebildet und von der Pflanze aufgenommen werden, und welche Rolle Düngung oder Anbau dabei spielen. Wenn bekannt ist, welche Sorten besonders viel oder wenig Arsen einlagern, lassen sich gezielt Varianten auswählen oder entwickeln, die weniger Schadstoffe im Korn anreichern.



Reis

Botanischer Name: *Oryza sativa* (in Afrika auch *O. glaberrima*)

Anbaufläche weltweit:
ca. 160 Mio. Hektar (2025; 95% davon in Asien)

Erntemenge weltweit:
rund 541 Mio. Tonnen (2025)

Genom vollständig sequenziert seit: 2005

Gerste

Gerste gehört zu den ältesten Kulturpflanzen der Menschheit und wird bis heute vielseitig genutzt: als Futtermittel, zum Brauen von Bier und zunehmend auch als nachwachsender Rohstoff für die Bioökonomie. Ihre Anpassungsfähigkeit an kühle und trockene Standorte macht sie besonders wertvoll für Regionen mit schwierigen klimatischen Bedingungen.

Zu den wichtigsten Züchtungszielen bei Gerste gehören Ertragssicherheit unter Stressbedingungen wie Hitze, Trockenheit oder Kälte sowie eine verbesserte Nährstoffnutzung, damit der Anbau ressourcenschonender wird. Auch eine gute Standfestigkeit – damit das Getreide bei Wind und Regen nicht zu Boden geht – spielt eine große Rolle.

Für die Braugerste kommt zusätzlich ein ganzer Katalog an Qualitätskriterien hinzu: Das Korn muss bestimmte Eiweißgehalte, Enzymaktivitäten und Verarbeitungseigenschaften aufweisen, um sich für die Malz- und Bierproduktion zu eignen – und das in gleichbleibender Qualität. Viele aktuelle Vorhaben in der Pflanzenzüchtungsforschung befassen sich zudem mit methodischen Neuerungen und nachhaltigen Optionen für den Pflanzenschutz.



Gerste

Botanischer Name: *Hordeum vulgare*

Anbaufläche in Deutschland:
ca. 1,5 Mio. Hektar (2025)

Erntemenge in Deutschland:
ca. 10,4 Mio. Tonnen (2025)

Genom vollständig sequenziert seit: 2017

SeedMaker

Eine grundsätzliche Innovation der Züchtungsverfahren verfolgt das Projekt SeedMaker, das vom Max-Planck-Institut für Molekulare Pflanzenphysiologie koordiniert wird. Darin wollen die Beteiligten die Apomixis (eine ungeschlechtliche Form der Fortpflanzung) unter anderem für Getreide wie Gerste nutzbar machen. Ziel ist es, besonders leistungsstarke Pflanzen (etwa F1-Hybriden) über Samen klonbar zu machen, also genetisch identisch reproduzierbar. So könnten zum Beispiel neben Gerste auch sehr ertragreiche Mais- oder Weizensorten dauerhaft stabil erhalten bleiben, ohne Elternlinien aufwendig nachzüchten zu müssen. Apomixis würde damit den Hybridvorteil (Heterosis) sichern und gleichzeitig Zuchtzyklen drastisch verkürzen.

Ein Kernproblem dabei ist die Erzeugung eines funktionsfähigen Samens ohne Bestäubung. Neben der Umgehung der Meiose (dem normalen Vorgang für Geschlechtszellenbildung) und der unbefruchteten Embryonalentwicklung (Parthenogenese) muss sich das Endosperm (die Nährschicht, die den Embryo versorgt) auch ohne Bestäubung selbstständig entwickeln. Erste Forschungsergebnisse zeigen, dass dieser Schritt vollständig epigenetisch gesteuert wird. Im Projekt werden diese Mechanismen – insbesondere DNA-Methylierung und Histon-Modifikation – zunächst in der Modellpflanze *Arabidopsis thaliana* aufgeklärt, um die gewonnenen Erfahrungen später bei Gerste anzuwenden.

BarEpiEdit

Einen neuen Ansatz im Pflanzenschutz verfolgt das Projekt BarEpiEdit. Anders als herkömmliche Züchtung oder chemische Fungizide nutzt BarEpiEdit die epigenetische Steuerung der Pflanzenabwehr. Pathogene Pilze können an Abwehrgenen der Pflanze sogenannte Methylierungen anbringen. Diese führen dazu, dass das Gen deaktiviert wird und die Abwehr der Pflanze nicht mehr auf den Erreger reagiert. Mit einer modifizierten Version der Genschere CRISPR/dCas9 wollen die Forschenden diese Gene demethylieren und somit wieder aktivieren. Ebenso gibt es Gene, die die Pflanze für Infektionen anfällig macht. Sie könnten



durch eine gezielte Methylierung ausgeschaltet werden und so der Pflanze eine Resistenz verleihen.

Das Team unter Koordination der Universität Hohenheim identifiziert dazu Gene, die bei Infektionen epigenetisch reguliert werden – also deren Aktivität sich verändert, wenn die Pflanze von einem Pathogen befallen wird. Anschließend wird das EpiEdit-System speziell für Gerste entwickelt, um ausgewählte Gene zu demethylieren und so deren Abwehrreaktion zu stärken. Die Erkenntnisse aus dem Projekt könnten den Grundstein für einen nachhaltigen Pflanzenschutz ohne Einsatz von Chemie legen.

PrimedPlant

Auch im Projekt PrimedPlant geht es um neue Methoden des Pflanzenschutzes. Darin erforschen die Beteiligten, ob Gerste durch sogenanntes Priming

widerstandsfähiger gegen Krankheiten werden kann. Pflanzen werden dabei bereits im Vorfeld in einen Abwehrmodus versetzt – quasi „geimpft“ –, indem sie mit bestimmten Substanzen oder hilfreichen Mikroorganismen in Kontakt kommen. So reagieren sie schneller und stärker, wenn Krankheitserreger von Mehltau oder Zwergrost später angreifen. Besonders interessant ist, dass dieses Priming nicht bei allen Gerstenlinien gleich funktioniert – einige lassen sich gut dazu „überreden“, sich zu verteidigen, andere gar nicht.

Das vom Leibniz-Institut für Pflanzengenetik und Kulturpflanzenforschung (IPK) koordinierte Projekt hat über 200 Gerstenlinien getestet und dabei genetische Regionen identifiziert, die für ein gut funktionierendes Priming entscheidend sind. Darauf basierend sollen molekulare Marker entwickelt werden, mit denen Züchter Gerstensorten auswählen können, die von Natur aus besonders „primingfähig“ sind.

Roggen

Roggen nimmt im Vergleich eine geringere wirtschaftliche Bedeutung ein, bleibt jedoch eine wichtige Kulturpflanze. Er wird vor allem als Brotgetreide genutzt, dient aber auch als Futter- und Energiepflanze. Hohe Winterhärte und geringe Standortansprüche machen ihn besonders für kühlere und weniger ertragreiche Regionen interessant.

Roggen wurde erst relativ spät domestiziert, weshalb er noch viele "wilde" Gene in seinem Erbgut aufweist. Das macht ihn für die Züchtung besonders spannend, denn diese Gene stellen ein züchterisch gut zugängliches Reservoir für verbesserte Eigenschaften dar. Diese lassen sich sogar aus dem Roggen auf den Weizen übertragen, wodurch Züchtungsforschung am Roggen auch von Bedeutung für die Verbesserung anderer Getreidesorten ist.

Das Getreide gilt als besonders anpassungsfähig und wird vor allem in kühleren, weniger fruchtbaren Regionen angebaut. Zu den wichtigsten Züchtungszielen gehören ein hoher und stabiler Ertrag insbesondere auf leichten, sandigen Böden, wo er häufig angebaut wird. Hinzu kommen eine gute Winterhärte sowie eine hohe Resistenz gegen Krankheiten wie Mutterkorn, Braunrost oder Mehltau. Da Roggen häufig als Hybrid angebaut wird, ist die Sicherung und Verbesserung des Heterosis-Effekts ein weiteres Ziel. Darüber hinaus soll eine bessere Backqualität und geringere Wuchshöhe erzielt werden, damit das Getreide nicht so schnell "ins Lager geht", sich also bei Wind und Regen nicht auf den Boden legt, denn das erschwert nicht nur die Ernte, sondern erleichtert den Befall durch Pilze.

RYE-HUB

Das von der Hybro Saatzucht GmbH & Co. KG koordinierte Projekt RYE-HUB will Roggen als klimaresistente Getreideoption stärken, indem sogenannte Halbzwerg-Hybride gezüchtet werden – Sorten, die durch kürzere Halme besonders standfest sind und robuste Erträge liefern. Im Fokus stehen auch Merkmale wie Dürretoleranz, effizienterer Umgang mit Wasser und Nährstoffen sowie eine konsistente Kornqualität. Statt klassisch zu selektieren, kommt in RYE-HUB moderne genombasierte Präzisionszüchtung zum Einsatz.

Ein zentrales Element ist die sogenannte JOSY-Population, eine Kreuzung aus einer Elitezüchtlinie und 60 unterschiedlichen europäischen Roggenarten, die eine breite genetische Basis bildet. So kann die Roggenzüchtung künftig schneller zu gewünschten Ergebnissen führen.

RYESILIENCE

Halbzweрге stehen auch im Fokus von RYESILIENCE. Das von der Universität Rostock koordinierte Projekt widmet sich der Frage, wie Roggen noch besser an Trockenstress angepasst werden kann. Das Team untersucht, welche Rolle ein spezielles Halbzwerggen (Ddw1) dabei spielt, insbesondere, wie es die Entwicklung des Wurzelsystems beeinflusst und damit Wachstum und Ertragsleistung unter Trockenbedingungen steigert. In Versuchen im Labor und auf dem Feld werden die Wurzelsysteme von sechs Roggenlinien mit und ohne Halbzwerggen anhand von moderner Bildgebung und Analyseverfahren verglichen, um herauszufinden, wie tief wurzelnde, stabile Pflanzen entstehen und wie sie unter Wassermangel gedeihen.



Roggen

Botanischer Name: *Sicale cereale*

Anbaufläche in Deutschland:
ca. 540.800 Hektar* (2025)

Erntemenge in Deutschland:
ca. 2,9 Mio. Tonnen* (2025)

Genom vollständig sequenziert seit: 2021

* inkl. Wintermenggetreide

Hafer

Hafer erlebt seit einigen Jahren eine Renaissance: als klassische Futterpflanze, in Form von Haferflocken oder Müsli und durch die steigende Nachfrage nach Haferdrinks als pflanzliche Alternative zu Milchprodukten. Damit gewinnt die Züchtung neuer Hafersorten wieder an Bedeutung, nachdem dieses Getreide lange eher vernachlässigt worden war.

Im Mittelpunkt stehen gute Erträge unter wechselnden Klimabedingungen sowie eine hohe Anpassungsfähigkeit an unterschiedliche Standorte. Hinzu kommt die Resistenz gegen Krankheiten wie Kronenrost oder Mehltau, die Ernten stark beeinträchtigen können. Ebenso wichtig sind Qualitätsmerkmale, darunter ein hoher Gehalt an Beta-Glucanen und anderen gesundheitsfördernden Inhaltsstoffen, eine verbesserte Schälbarkeit des Korns sowie eine für die Verarbeitung in Lebensmitteln und Getränken optimierte Zusammensetzung.

FUGE

Das Projekt FUGE widmet sich einer der größten Herausforderungen im Haferanbau: dem Befall durch Fusarium-Pilze. Diese Krankheitserreger schädigen nicht nur die Pflanzen, sondern können auch giftige Mykotoxine im Korn bilden, die in Lebens- und Futtermitteln eine Gefährdung für die Gesundheit von Mensch und Tier darstellen. Ziel des von der Gemeinschaft zur Förderung von Pflanzeninnovation e. V. (GFPI) koordinierten Projekts ist es deshalb, Haferlinien mit einer besseren Fusarium-Resistenz zu identifizieren und dieses Wissen in die Züchtung zu übertragen. Die Forschenden setzen auf moderne Methoden wie Genomanalysen, digitale Phänotypisierung und Speed Breeding, mit denen Züchtungszyklen verkürzt werden können. Zudem wird ein europaweites Monitoring von Fusarium-Arten durchgeführt, um die wichtigsten Erreger in Haferbeständen besser zu verstehen. So entsteht eine genetische und methodische Basis, mit der Züchtungsbetriebe resistente Sorten entwickeln können.

SEEH

Das vom BMLEH geförderte Projekt SEEH will Hafer als konkurrenzfähige Kulturpflanze im Ökolandbau

stärken, durch robustere Sorten, optimierte Saatguterzeugung und wirksameren ökologischen Pflanzenschutz. Dafür werden resistenzfördernde Gene validiert, das benötigte Resistenzniveau ermittelt und Mechanismen der Kleistogamie untersucht. Kleistogamie bezeichnet die Selbstbefruchtung in geschlossenen Blüten, die Pflanze nutzt dabei also nur ihren eigenen Pollen. Für Züchtungsprogramme erleichtert das die Handhabung, da gewünschte Linien ohne Fremdeinkreuzung erhalten bleiben. Beim Projekt SEEH spielt Kleistogamie eine besondere Rolle, weil der Flugbrand-Erreger *Ustilago avenae* seine Sporen über den Wind auf offene Blüten überträgt. Geschlossene Blüten senken das Infektionsrisiko deutlich. Deshalb gilt die Züchtung von kleistogamen Haferlinien als möglicher Weg, die Anfälligkeit für Flugbrand stark zu verringern – besonders im ökologischen Landbau, wo chemische Mittel zur Behandlung des Saatguts nicht eingesetzt werden dürfen.

Darüber hinaus untersucht das vom Julius Kühn-Institut (JKI) koordinierte Projekt das Priming von Hafer gegen Krankheitserreger oder abiotischen Stress wie Trockenheit. Im Fokus steht die Frage, welche Haferlinien in dieser Hinsicht besonders geeignet sind.



Hafer

Botanischer Name: *Avena sativa* (Saat Hafer)

Anbaufläche in Deutschland:
187.100 Hektar (2025)

Erntemenge in Deutschland:
938.000 Tonnen (2025)

Genom vollständig sequenziert seit: 2023

Hirse

Hirse zählt zu den ältesten Kulturpflanzen der Welt und war in vielen Regionen über Jahrhunderte hinweg ein wichtiges Grundnahrungsmittel. In Afrika und Asien bleibt sie weiterhin unverzichtbar für die Ernährungssicherheit, während sie in Europa als glutenfreies Lebensmittel, für vegane Ernährungstrends und als klimaresistente Kultur wieder an Bedeutung gewinnt.

Unter der Bezeichnung Hirse werden unterschiedliche, mehr oder weniger nah miteinander verwandte Gattungen von Getreide zusammengefasst, die wiederum jeweils mehrere in der Landwirtschaft genutzte Arten umfassen. Dieser vielfältigen Gruppe von Nutzpflanzen ist gemein, dass sie mit kargen Böden, Hitze und Trockenheit deutlich besser zurechtkommen als zum Beispiel Weizen oder Mais – Eigenschaften, die angesichts des Klimawandels immer wertvoller werden.

Für die Züchtung bedeutet das viel Potenzial für den zukünftigen Anbau, wobei gleich mehrere Ziele im Blick behalten werden müssen. An erster Stelle steht die Verbesserung der Ertragssicherheit unter widrigen Umweltbedingungen, vor allem bei Kälte. Hinzu

kommt die Resistenz gegen Krankheiten und Schädlinge, die in warmen, trockenen Regionen besonders häufig Probleme verursachen. Auch die Kornqualität spielt eine große Rolle, etwa der Gehalt an Mineralstoffen, Proteinen und Antioxidantien. Schließlich sollen Sorten entwickelt werden, die sowohl für die menschliche Ernährung als auch für Futtermittel und eine industrielle Nutzung geeignet sind.

SorBOOM

Das von der Justus-Liebig-Universität Gießen koordinierte Projekt SorBOOM will Sorghumhirse (*Sorghum bicolor*), auch bekannt als Körnerhirse, in Deutschland etablieren – eine klimaresistente Kulturpflanze, die aktuell nur auf sehr wenigen Flächen wächst. Ziel ist es, Sorten zu züchten, die früher reifen, frosttoleranter sind und besser mit Trockenheit umgehen.

Um dies zu erreichen, kombiniert das Projekt Genomik, digitale Phänotypisierung (Erfassung der äußeren Merkmale der Pflanze) mit Drohnen und Nahinfrarot-Sensoren, Umwelt- und Wachstumsmodellierung, KI-basierte Analysen sowie Genom-Editierung. Die Datengrundlage bilden hochwertige Chromosomen-Sequenzen von über 70 Zuchtlinien, die in einem Pangenom und einem Panmethylo- m zusammengeführt wurden. Diese Ressourcen erlauben es, genetische, epigenetische und transkriptomische Merkmale agronomisch wichtiger Eigenschaften in nie dagewesener Detailtiefe zu identifizieren. Basierend auf den Daten werden Vorhersagemodelle entwickelt, die unter anderem KI-unterstützt vielversprechende Elternkombinationen im Voraus identifizieren, insbesondere hinsichtlich Ertrag, Stresstoleranz und Biodiversität.

SoBinEn

Das vom BMLEH geförderte Projekt SoBinEn verbindet Landwirtschaft und Ökologie: Statt *Sorghum bicolor* alleine in Reinkultur anzubauen, wird die Hirse mit insektenfreundlichen Blühpflanzen kombiniert, sei es als Mischung oder als Untersaat. Der Ansatz basiert auf dem Vorgängerprojekt SoNaBi, in



Hirse

Botanischer Name: *Sorghum*, *Pennisetum* und weitere Gattungen

Anbaufläche in Deutschland:
ca. 11.500 Hektar (2025)

Erntemenge in Deutschland:
n. a.; weltweit ca. 70 Mio. Tonnen (2022)

Genom vollständig sequenziert seit: 2009 (*Sorghum bicolor*; weitere Arten folgten)



dem bereits gezeigt wurde, dass sogenannte Dualtyp-Sorghum-Hybriden (zwischen Korn- und Biomasse-Sorghum) nicht nur als gute Pollenquelle für Bienen dienen, sondern auch unter Kältestress einen besseren Kornansatz aufweisen können. Pollen und Bienenbesuche wirken also gegenseitig förderlich: Die Blüten versorgen die Insekten mit Nahrung und die Bestäubung trägt zur Stabilität des Ertrags bei.

Im Kern von SoBinEn steht die Suche nach optimalen Kombinationen aus Sorghum-Dualtypen und

Blühpflanzen, die sich gegenseitig ergänzen. Das von der Justus-Liebig-Universität Gießen geleitete Projekt identifiziert einerseits Sorghum-Genotypen mit geeigneter Blattstellung und Wurzelarchitektur und andererseits Blühpflanzen, die Schatten tolerieren und reich blühen. Dies soll zu optimalen Paarungen für den gemeinsamen Anbau führen. Darüber hinaus wird untersucht, wie wertvoll die gemischte Fläche als Pollenquelle für Bienen und andere Insekten ist.

Triticale

Triticale ist eine vergleichsweise junge Kulturpflanze, die erst im 20. Jahrhundert aus der Kreuzung von Weizen und Roggen entstand. Ziel war es, die hohe Ertragsleistung und Kornqualität des Weizens mit der Robustheit und Anspruchslosigkeit des Roggens zu verbinden. Heute wird Triticale vor allem als Futtermittel angebaut, spielt aber zunehmend auch eine Rolle als Rohstoff für die Bioökonomie.

Die Züchtung konzentriert sich bei Triticale auf gute Erträge auch auf weniger fruchtbaren Standorten, außerdem auf eine Resistenz gegen Krankheiten wie Gelbrost, Mehltau oder Mutterkorn sowie eine verbesserte Standfestigkeit, damit die Pflanzen auch unter ungünstigen Wetterbedingungen nicht umknicken. Daneben rücken Eiweißgehalt und Verdaulichkeit für eine bessere Futterqualität sowie eine höhere Stresstoleranz gegenüber Trockenheit und Hitze stärker in den Fokus. Damit kann Triticale dazu beitragen, die Landwirtschaft in Zeiten des Klimawandels widerstandsfähiger und vielseitiger zu machen.

HY-ENERGY

Bereits vor einigen Jahren zeichnete sich ab, dass Hybridsorten durch höhere Biomasseerträge für die Biomassenutzung besonders interessant sein könnten. Das vom BMLEH geförderte Projekt HY-ENERGY untersuchte deshalb, wie sich Triticale als Energiepflanze für Biogas- und Biomasseproduktion besser nutzen lässt. Damit eine Hybridzüchtung funktioniert, muss die männliche Sterilität der Mutterlinie gezielt gesteuert werden, sodass die gewünschte Kreuzung erfolgen kann. Im Projekt haben die Forschenden untersucht, warum manche Triticale-Pflanzen von Natur aus keine Pollen bilden können. Diese männliche Sterilität entsteht durch bestimmte Eigenschaften im Zellinneren (im sogenannten Cytoplasma) und wird bei vielen Nutzpflanzen genutzt, um Hybridpflanzen einfacher zu züchten. Gleichzeitig suchte das Team nach sogenannten Restorer-Genen, die diese Sterilität wieder rückgängig machen können.

In umfangreichen Feldversuchen mit fast 180 Triticale-Genotypen konnte gezeigt werden, dass Hyb-

riden beim Biomasseertrag das Potenzial haben, auf herkömmlicher Kreuzung basierende Linien deutlich zu übertreffen. Gleichzeitig konnten mithilfe von Genomanalysen die ersten genetischen Regionen identifiziert werden, die für die Restorerfunktion verantwortlich sind. Diese Marker eröffnen seitdem die Möglichkeit, Zuchtmaterial gezielt auszuwählen und so den Fortschritt in der Hybridzüchtung erheblich zu beschleunigen.

SENSELGO

Das vom BMLEH geförderte Projekt SENSELGO hatte zuvor schon das Ziel verfolgt, Triticale mithilfe modernster Sensortechnik effizienter zu züchten und als vielseitige Rohstoffpflanze zu etablieren. Im Mittelpunkt stand die Kombination aus genomischen Analysen und sensorbasierter Feldphänotypisierung, also der automatisierten Erfassung von Pflanzenmerkmalen direkt im Bestand. So konnten Tausende Triticale-Linien parallel untersucht und mit ihren genetischen Informationen verknüpft werden. Die Forschenden nutzten dafür die Plattform BreedVision, die während des Projekts um neue Sensormodule erweitert wurde,



Triticale

Botanischer Name: *Triticale*

Anbaufläche in Deutschland:
ca. 333.500 Hektar (2024)

Erntemenge in Deutschland:
ca. 1,8 Mio. Tonnen (2025)

Genom vollständig sequenziert seit: –

etwa zur Erfassung von Bestandsdichte oder physiologischen Parametern, die bislang nicht messbar waren.

Das übergeordnete Ziel war es, den Biomasseertrag und die Ressourceneffizienz von Triticale zu verbessern – insbesondere die Fähigkeit, Stickstoffdünger besser auszunutzen. Außerdem wurde getestet, wie sich Pflanzen unter reduziertem Stickstoff- und Pflanzenschutzinsatz verhalten. Mit den gewonnenen Daten kann die Züchtung nun deutlich präziser arbeiten: Statt nur nach äußeren Merkmalen zu selektieren, lassen sich jetzt Vorhersagen über das genetische Potenzial einzelner Linien treffen.

Linien vs. Hybridsorten

Linien Sorten entstehen durch wiederholte Selbstbefruchtung, bis eine Pflanze genetisch stabil ist. Alle Nachkommen sind nahezu identisch, die Sorte bleibt also über viele Generationen gleich. Das Saatgut kann dadurch immer wieder verwendet werden, und die gewünschten Eigenschaften treten sehr zuverlässig auf.

Hybridsorten entstehen durch die gezielte Kreuzung zweier sehr unterschiedlicher Elternlinien. In der ersten Generation (F1) zeigen die Pflanzen oft den sogenannten Heterosis-Effekt: Sie sind kräftiger, ertragreicher oder widerstandsfähiger als beide Eltern. Allerdings geht dieser Effekt in den folgenden Generationen verloren. Deshalb muss Hybridsaatgut jedes Jahr neu produziert werden.



Züchtungsforschung bei Ölpflanzen

Ölpflanzen sind eine zentrale Säule der landwirtschaftlichen Produktion und liefern wertvolle Rohstoffe für Ernährung, Energie und Industrie. Sie dienen nicht nur als Quelle hochwertiger pflanzlicher Fette und Proteine (als Koppelprodukt im bei der Ölproduktion übrigbleibenden Presskuchen) für die Ernährung und Tierfutter, sondern spielen auch eine wichtige Rolle in der Herstellung biobasierter Produkte von Biodiesel über Schmierstoffe bis hin zu Kunststoffen. Züchtungsforschung soll Ertrag, Ölqualität und Widerstandsfähigkeit gegenüber Krankheiten und Klimastress kontinuierlich verbessern.

Raps

Raps ist in Deutschland die wichtigste Ölpflanze und spielt weltweit eine zentrale Rolle für die Gewinnung von Speiseöl, Futtermitteln und zunehmend auch von biobasierten Rohstoffen für die Energie- und Chemieindustrie. Seine gelben Blüten prägen im Frühjahr ganze Landschaften und hinter der auffälligen Erscheinung steckt eine genetisch hochkomplexe Kulturpflanze.

Raps ging erst vor einigen tausend Jahren aus einer Kreuzung von Rübsen (*Brassica rapa*) und Kohl (*Brassica oleracea*) hervor und besitzt ein außergewöhnlich großes Genom – das größte, das bisher bei einem Organismus sequenziert wurde, etwa viermal so groß wie das des Menschen. Es ist wahrscheinlich diese ungewöhnliche Größe des Genoms, die Raps zu einer besonders anpassungsfähigen Nutzpflanze macht.

An erster Stelle steht für die Züchtung Rapsorten mit einem stabilen Ertrag, kombiniert mit einem hohen Ölgehalt und einer jeweils günstigen Zusammensetzung der Fettsäuren, für die Ernährung und für technische Anwendungen. Erstrebenswert sind neue Sorten, die sich gleichermaßen für Öl- wie Proteingewinnung nutzen lassen. Raps ist anfällig für verschiedene Krankheiten und Schädlinge wie Rapsglanzkäfer, Kohlhernie oder Wurzelhals- und Stängelfäule (Phoma). Daher zählt auch die Resistenzausbildung zu den wichtigsten Aufgaben in der Rapszüchtung. Hinzu kommen Qualitätsziele wie die Reduktion unerwünschter Inhaltsstoffe, etwa der sogenannten Glucosinolate, von denen manche durch einen stark bitteren, scharfen Geschmack in höheren Konzentrationen für die Fütterung problematisch sein können. Manche Proteine erzeugen ebenfalls einen Bittergeschmack, der die Verwendung in Lebensmitteln erschwert.

EpiHAP

Wie auch bei anderen Pflanzen sind beim Raps DH-Linien (siehe Infokasten) sehr wertvoll, da sie reinerbig und stabil sind und Zuchtprozesse dadurch enorm beschleunigen. Das Projekt EpiHAP unter Koordination des Max-Planck-Instituts für Pflanzenzüchtungsforschung zielt darauf ab, anhand von Raps die bisher

oft geringe Effizienz bei der Erzeugung solcher Linien zu verstehen und deutlich zu verbessern. Die Beteiligten untersuchen, welche epigenetischen Faktoren – zum Beispiel Markierungen an der DNA – darüber entscheiden, ob sich aus einem Mikrosporen-Ansatz überhaupt ein Embryo entwickelt, was der erste Schritt zu einer DH-Linie wäre.

Dazu nutzen die Forschenden Einzelzelltechnologien. Sie vergleichen induzierbare Mikrosporen, welche die gewünschte Entwicklung zeigen, mit solchen, die das nicht tun. Dabei analysiert das Team epigenetische Marker, Genaktivität und Zellmerkmale in hoher Durchsatzzahl. Das Ziel ist es herauszufinden, wann und warum eine epigenetische Festlegung erfolgt und wie sich der Prozess durch bestimmte Kulturbedingungen oder Substanzen beeinflussen lässt. Die gewonnenen Erkenntnisse sollen die Produktion von DH-Linien künftig deutlich zuverlässiger und schneller machen.

AIM4GEM

Klimaextreme wie Hitze, Trockenheit und Starkregen stellen die Züchtung vor neue Herausforderungen,



Raps

Botanischer Name: *Brassica napus*

Anbaufläche in Deutschland:
ca. 1,1 Mio. Hektar (2025)

Erntemenge in Deutschland:
ca. 3,7 Mio. Tonnen (2025)

Genom vollständig sequenziert seit: 2014



weil dadurch das Zusammenspiel von Genen, Umwelt und agronomischer Bewirtschaftung immer komplexer wird. Im von der Justus-Liebig-Universität Gießen koordinierten Projekt AIM4GEM entwickeln Forschende KI-Modelle, die vorhersagen, wie bestimmte Raps-Genotypen unter unterschiedlichen Standort- und Bewirtschaftungsbedingungen reagieren.

Dabei analysieren sie Daten aus historischen Versuchsreihen, die den Zusammenhang zwischen Ertrag und Genom dokumentiert haben, ergänzt durch neuere Daten zu phänotypischen Merkmalen, die mittels Drohnen, Sensoren und Nahinfrarotmessungen aufgezeichnet wurden. Durch Spektralanalyse werden Merkmale wie Samenqualität oder Stressresistenz direkt im Feld erfassbar. Sogenannte hierarchische Pflanzenwachstumsmodelle auf KI-Basis simulieren und charakterisieren das Verhalten von Rapspflanzen über die gesamte Vegetationsperiode hinweg und werden statistischen Methoden verglichen.

Die Erkenntnisse aus dem Projekt sollen in die genomische Selektion integriert werden, um Züchtungsbetrieben modernste Werkzeuge an die Hand zu geben, mit denen sie gezielt die optimalen Rapssorten für ihre jeweiligen Rahmenbedingungen aus Umwelt und Bewirtschaftung auswählen können.

RaPEQ

Spezifischer ist das Ziel des Projekts RaPEQ, das von der NPZ Innovation GmbH koordiniert wird. Es will Raps als hochwertige pflanzliche Proteinquelle für die menschliche Ernährung etablieren. Zwar enthält Rapskorn viel Protein mit einer für die menschliche Ernährung hervorragend geeigneten Aminosäurezusammensetzung, doch wird es bislang kaum für Lebensmittel genutzt, da der bittere Geschmack abschreckt. RaPEQ sucht nach Möglichkeiten, um

bittere Substanzen, insbesondere Abbauprodukte des Pflanzenfarbstoffs Kaempferol, im Korn zu reduzieren. Dazu entwickeln die Forschenden Rapslinien, deren Gene für die Bildung von Kaempferol verändert sind, sodass die Samen weniger Kaempferolderivate enthalten. Zusätzlich untersucht das Team ein Stoffwechselprodukt des Zitrusflavonoids Naringenin, das als natürlicher Geschmacksmodulator wirken und die Bitternote überdecken könnte.

EpiBrass

Anders als Sommerkulturen stellt Winterraps nach einem ersten Kältereiz im Herbst bereits Blütenanlagen her, verschiebt aber die Blüte bis in den Frühling. Diese Pause, die sogenannte Dormanz der Blütenknospe, wird vermutlich epigenetisch gesteuert, also nicht durch veränderte Gene selbst, sondern durch zusätzliche, genetische Steuerungsmechanismen. Fehlt in einem zu warmen Winter der Kältereiz, dann könnte das den Zeitpunkt der Blüte verschieben und Probleme beim Ertrag verursachen. Um das zu verstehen, erforschen Wissenschaftlerinnen und Wissenschaftler im Projekt EpiBrass die epigenetischen Prozesse, die bei der Blütendormanz eine Rolle spielen. Bei der Modellpflanze *Arabidopsis thaliana* liegt der Schlüssel in einem Gen namens FLC, das nach Kälte epigenetisch abgeschaltet wird. Ob Raps ein ähnliches System nutzt, gilt es zu klären.

Die Aufgabe ist alles andere als trivial, denn Raps ist als Kreuzung aus Gemüsekohl und Rüben amphiploid (aus zwei Pflanzengenomen zusammengesetzt) und besitzt zusätzliche Genverdopplungen. Anders als bei *Arabidopsis*, bei der ein einziger FLC-Repressor ausreichend ist, hat Raps gleich neun FLC-Gene. Das Team hat ein leistungsfähiges Transformations- und Editiersystem etabliert, mit dem es gleichzeitig mehrere dieser Gene ausschalten kann, um deren Funktion zu untersuchen – ein großer methodischer Schritt. Ergänzt wird das durch Analysen der Genexpression und der Histon-Methylierungsmuster. Dies sind chemische Markierungen an den Eiweißbausteinen, um die die DNA gewickelt ist. Sie steuern, ob bestimmte Gene in der Pflanze aktiv- oder stummgeschaltet werden. Am Ende des vom Max-Planck-Institut für Pflanzenzüchtungsforschung koordinierten Projekts sollen Züchtungsbetriebe Sorten entwickeln können, die auch bei zunehmend milden Wintern zuverlässig blühen.

Soja

Soja ist die wichtigste Ölsaat und eine der bedeutendsten Kulturpflanzen der Welt. Neben Öl enthält sie besonders hochwertiges Protein. Ursprünglich aus Ostasien stammend, wird sie heute vor allem in Nord- und Südamerika angebaut, doch auch in Deutschland wächst die Bedeutung, seit der heimische Anbau als Alternative zu Importen forciert wird.

Damit Soja auch hierzulande erfolgreich angebaut werden kann, ist ein hoher und stabiler Ertrag unter den Bedingungen des gemäßigten Klimas zentral. Dafür sind unter anderem ein passender Blühzeitpunkt und eine frühere Reife nötig, damit die Pflanzen auch in nördlicheren Regionen zuverlässig ausreifen. Hinzu kommen Resistenzen gegen Krankheiten und Schädlinge wie etwa der Asiatische Sojarost oder Nematoden, die in anderen Anbaubereichen große Probleme bereiten und durch den Klimawandel auch hier relevanter werden. Ein weiterer Schwerpunkt liegt auf der Qualität der Sojabohnen, also ein hoher Proteingehalt, eine vorteilhafte Aminosäurezusammensetzung und eine gute Eignung für die Lebensmittelverarbeitung.

SENSOJA

Im Rahmen des Projekts SENSOJA sollen mit Hilfe moderner Sensortechnik und Fernerkundung neue Sojalinien entwickelt werden, die höhere Proteinträge bringen und besser mit Trockenheit zurechtkommen. Ein Schwerpunkt liegt dabei auf der sogenannten phänomischen Selektion, einer neuen Methode, die mit sensorischen Messungen Eigenschaften von Pflanzen früh und präzise erfassen kann. In Kombination mit Daten zu den genetischen Ressourcen der Sojabohne und einem modernen Züchtungsschema will das Projekt so die Entwicklung klimaangepasster Sorten beschleunigen. Das Projekt wird von der Landessaatzuchtanstalt Baden-Württemberg koordiniert und vom BMLEH gefördert.

FiSBea

Einen anderen Ansatz verfolgt das Projekt FiSBea, das vom Leibniz-Zentrum für Agrarlandschaftsforschung koordiniert wurde. In Mitteleuropa fehlen die

passenden Symbiosepartner für Soja, die Rhizobien. Dabei handelt es sich um spezielle Bakterien, die Stickstoff aus der Luft binden und ihn der Pflanze als Nährstoff zur Verfügung stellen, wozu diese selbst nicht in der Lage ist. Auch andere Hülsenfrüchte wie Bohnen und Erbsen bedienen sich einer solchen Symbiose. Die üblicherweise für Soja genutzten Bakterienstämme sind jedoch nur in warmen Klimaregionen überlebensfähig. Die Projektbeteiligten von FiSBea arbeiteten daran, heimische Bakterienstämme zu identifizieren, die auch unter kühlen, trockenen Bedingungen am Leben bleiben und in der Symbiose mit Soja effizient Stickstoff fixieren. Dafür wurden Bodenproben aus rund 30 Standorten in Deutschland untersucht. Durch eine Infektion der Pflanzen mit den Bodenproben und anschließenden DNA-Analysen wurden zunächst hunderte potenzielle Rhizobien isoliert und dann fünf besonders leistungsstarke Stämme unter Feldbedingungen in Brandenburg getestet. Die Ergebnisse zeigen: Während die klassischen Rhizobien nur bei Bewässerung zuverlässig funktionieren, liefern die neuen Stämme auch in trockenen Jahren bessere Erträge und bleiben über den Winter im Boden aktiv, sodass das Saatgut im Folgejahr nicht erneut kostspielig beimpft werden muss.



Soja

Botanischer Name: *Glycine max*

Anbaufläche in Deutschland:
ca. 40.500 Hektar (2024)

Erntemenge in Deutschland:
ca. 131.800 Tonnen (2024)

Genom vollständig sequenziert seit: 2010

Sonnenblume

Die Sonnenblume ist nicht nur eine Zierde in Gärten und auf Feldern, sondern auch eine wichtige Ölpflanze. Ihr Samen liefert ein hochwertiges Speiseöl, das reich an ungesättigten Fettsäuren ist, und wird zugleich als wertvolles Futtermittel und für industrielle Anwendungen genutzt.

Für die Züchtung steht bei der Sonnenblume neben dem Ertrag ein Öl mit optimaler Fettsäurezusammensetzung für die jeweilig anvisierte Anwendung im Vordergrund. Hierbei gibt es unterschiedliche Anforderungen an Öl, das für die Ernährung gedacht ist und an solches, das als Grundstoff für technische Anwendungen dienen soll. Immer öfter steht auch das Protein der Samen im Fokus, vor allem für den Einsatz in Fleischersatzprodukten.

Die Sonnenblume besitzt ein großes Potenzial als Öl- und Proteinpflanze, doch ihr Anbau ist in Deutschland bislang wenig verbreitet, was vor allem an ihrer Anfälligkeit gegenüber Krankheiten und Schädlingen liegt. Weitere Züchtungsziele sind deshalb Resistenzen, vor allem gegen den Befall mit Falschem Mehltau, Verticillium-Welke oder dem parasitischen Sommerwurz, die in wichtigen Anbauregionen erhebliche Ertragsverluste verursachen können. Auch Stressto-

leranzen, insbesondere gegen Trockenheit und Hitze, rücken immer stärker in den Fokus, da Sonnenblumen oft in Regionen mit knappen Wasserressourcen angebaut werden. Ergänzt wird dies durch die Züchtung auf Anpassungsfähigkeit an unterschiedliche Böden und eine verbesserte Standfestigkeit.

Multisun

In der Züchtung ist die Sonnenblume allerdings ein Problemkandidat: Im Gegensatz zu vielen anderen Arten gelingt es derzeit kaum, aus einzelnen Zellen wieder vollständige Pflanzen zu regenerieren – eine Voraussetzung für moderne Verfahren wie die Genom-Editierung. Das von der TU München koordinierte Projekt Multisun sucht nach kleinen, wirksamen Molekülen, die diese Regeneration gezielt auslösen können. Die Forschenden analysieren dafür Tausende potenzieller Substanzen, um diejenigen zu identifizieren, die das Pflanzenwachstum aus undifferenziertem Gewebe fördern und damit die Entwicklung hochmoderner Züchtungsmethoden ermöglichen würden.

Acht verschiedene kleine Moleküle wurden gefunden, die die Aktivität von Wachstumsfaktoren beeinflussen, und zwei davon, ZIC2 und ZIC10, zeigten besondere Wirkung. Bei ZIC2 konnte der genaue Wirkmechanismus ermittelt werden. Diese Erkenntnisse öffnen den Weg, um die Sonnenblume als Nischenkultur zukunftsfähig und vielseitiger nutzbar zu machen.

ProSun

Das vom BMLEH geförderte Projekt ProSun hat zum Ziel, neue Sonnenblumensorten zu entwickeln, die hohe Erträge und eine verbesserte Qualität bei gleichzeitig früher Reife und hoher Widerstandsfähigkeit gegenüber Krankheiten erreichen. Besonderes Augenmerk liegt hierbei auf der Nutzung der Sonnenblume nicht nur als Ölpflanze, sondern auch als regional verfügbare Eiweißquelle für die Futtermittel- und Lebensmittelproduktion.



Sonnenblume

Botanischer Name: *Helianthus annuus*

Anbaufläche weltweit:
ca. 61.700 Hektar (2025)

Erntemenge weltweit:
ca. 134.200 Tonnen (2024)

Genom vollständig sequenziert seit: 2016



Daher untersucht das Forschungsteam genetische Ressourcen und züchterisch wertvolle Merkmale, um diese in moderne, an mitteleuropäische Bedingungen angepasste Sorten zu übertragen. Neben klassischen Züchtungsmethoden kommen dabei auch molekulare Marker und präzise Analysetools zum Einsatz,

um Zuchtfortschritte zu beschleunigen. Durch diese Arbeiten trägt ProSun dazu bei, die Sonnenblume als nachhaltige und vielseitige Kulturpflanze in Deutschland und Europa zu etablieren und damit die heimische Versorgung mit pflanzlichen Ölen und Proteinen zu stärken.



Züchtungsforschung bei Gemüse

Gemüse umfasst eine vielfältige Gruppe von Kulturpflanzen, die für eine ausgewogene Ernährung von zentraler Bedeutung sind. Sie liefern unterschiedliche Vitamine, Mineral- und Ballaststoffe. In Deutschland ist der Selbstversorgungsgrad mit frischem Gemüse jedoch gering, sodass ein großer Teil des Bedarfs importiert werden muss. Das stellt die Landwirtschaft vor die Herausforderung, die Produktion und Sortenvielfalt unter zunehmend schwierigen klimatischen Bedingungen zu erhöhen.

Tomate

Die Tomate ist weltweit das am meisten konsumierte und produzierte Gemüse und ist ein wichtiger Bestandteil der traditionellen Küche vieler Kulturen. Neben ihrem hohen Gehalt an B-Vitaminen, Provitamin A, Vitamin C, Kalium, Zink, Magnesium und sekundären Pflanzenstoffen wie Lycopin zeichnet sie sich durch ihre Vielseitigkeit in der Verarbeitung aus, von frischem Verzehr bis hin zu Saft, Püree sowie der Möglichkeit die Produkte zu konservieren.

Die enorme Bedeutung der Tomate spiegelt sich in der intensiven Züchtungsarbeit wider. Im Vordergrund steht die Qualität der Früchte: Geschmack, Farbe, Textur und Haltbarkeit sollen den Ansprüchen der Verbraucherinnen und Verbraucher sowie des Handels gerecht werden. Wichtig sind ein hoher und stabiler Ertrag, aber auch die Anpassungsfähigkeit an verschiedene Anbausysteme – vom Freiland bis zum hochtechnisierten Gewächshaus. In Deutschland werden Tomaten fast ausschließlich unter begehbaren Schutzabdeckungen oder in Gewächshäusern angebaut. Weitere zentrale Ziele der Züchtung sind zudem die Resistenzen gegen Krankheiten wie Tomatenmosaikvirus, Kraut- und Braunfäule oder bakterielle Welken, die große Ertragseinbußen verursachen können. Hinzu kommt die Toleranz gegenüber abiotischem Stress, etwa Hitze oder unregelmäßiger Wasserversorgung, die durch den Klimawandel immer häufiger auftreten. Auch die Nährstoffeffizienz spielt eine wachsende Rolle, damit Tomaten umweltfreundlicher und ressourcenschonender produziert werden können. Darüber hinaus wird an neuen Eigenschaften geforscht, etwa an einem höheren Gehalt potenziell gesundheitsfördernder Inhaltsstoffe oder an Sorten, die sich besonders für den ökologischen Anbau eignen.

INNO-TOM

Einer der problematischsten Krankheitserreger bei Tomaten ist das Tomatenbraunrunzelvirus. Denn bislang gibt es keine moderne Sorte mit vollständiger Resistenz. Das Forschungsprojekt INNO-TOM will das ändern: Mithilfe einer neu entwickelten Genom-Editierungsmethode namens Cas-Exo soll es gelingen, Resistenzgene aus Wildtomaten gezielt in moderne Sorten zu übertragen.

Dabei werden durch Cas-Exo nur die gewünschten Genabschnitte eingebracht, ohne dass unerwünschte Begleitgene aus der Wildform mitkommen. Cas-Exo baut auf der bekannten CRISPR/Cas-Technologie auf, erweitert sie aber um eine Art „Radiergummi“, der DNA-Stränge gezielt abtragen kann. Dadurch lässt sich ein krankheitsanfälliges Gen im Genom der Kulturtomate durch die resistente Variante aus der Wildtomate ersetzen, und zwar mit hoher Präzision. Da es sich um Genvarianten handelt, die auch durch klassische Kreuzung eingebracht werden könnten, gelten die so entstandenen Pflanzen nicht als transgen.

Neben Virusresistenzen verfolgt das vom Leibniz-Institut für Pflanzenbiochemie koordinierte Projekt ein zweites Ziel: mit Cas-Exo sollen Tomaten gezüchtet werden, die vermehrt Anthocyane bilden – natürliche Farbstoffe, die potenziell gesundheitsfördernd wirken und den Früchten neue Farbvariationen verleihen.

Tomaitech

Methodische Fortschritte in der Züchtung verfolgte das vom BMBF geförderte Projekt Tomaitech, das von der ScreenSYS GmbH aus Freiburg koordiniert



Tomate

Botanischer Name: *Solanum lycopersicum*

Anbaufläche in Deutschland:
385 Hektar (2025)

Erntemenge in Deutschland:
108.030 Tonnen (2024)

Genom vollständig sequenziert seit: 2012



wurde. Darin entwickelten Forschende ein modernes Verfahren zur Erzeugung von DH-Tomatenlinien und nutzten dabei unter anderem hochautomatisierte Screeningverfahren, Bildanalyse und KI. Das Ergebnis ist eine deutlich schnellere und effizientere Produktion genetisch stabiler Linien, die sich sowohl zur präziseren markergestützten Selektion als auch zur Kostensenkung in der Erhaltungszüchtung eignen. Ziel ist es, die gewonnenen Erkenntnisse auch auf andere Kulturpflanzen zu übertragen, wie zum Beispiel die Kartoffel.

ESTASA

Im Projekt ESTASA haben Forschende die Anpassungsfähigkeit von Tomatensorten an salzbelastete

Böden verbessert. Durch künstliche Bewässerung gelangen auch Salze auf die Böden, reichern sich dort an und verändern mit der Zeit den Salzgehalt. Da mit dem Klimawandel vermehrt Dürren auftreten werden, benötigen immer mehr Flächen immer häufiger eine Bewässerung. Im Zentrum der von der Westfälische Wilhelms-Universität Münster koordinierten Forschung standen Mechanismen, mit denen Tomaten Wasser mit erhöhtem Salzgehalt tolerieren können. Dazu analysierten die Teams auf molekularer Ebene, welche Gene und Signalwege bei der Salzstressantwort aktiviert sind, und prüfen, wie diese Erkenntnisse züchterisch genutzt werden können. Das Ziel war es, resistente Tomatensorten zu entwickeln, die auch unter salzbelasteten Bedingungen zuverlässig wachsen und gute Erträge liefern.

Karotte

Die Karotte gehört zu den beliebtesten Gemüsearten in Deutschland mit der größten Erntemenge und drittgrößten Anbaufläche in dieser Nutzpflanzen-gruppe. Sie ist reich an Vitaminen, Mineralstoffen und vor allem an Beta-Carotin, das ihr die charakteristische orange Farbe verleiht.

Für die Züchtung steht bei der Karotte die Qualität der Wurzeln im Mittelpunkt. Geschmack, Süße, Farbe und Textur müssen den Erwartungen der Verbraucherinnen und Verbraucher entsprechen. Daneben spielt die Resistenz gegen Krankheiten und Schädlinge eine zentrale Rolle, etwa gegen Alternaria-Blattflecken, Wurzelfäule oder Möhrenfliege. Auch die Ertragsstabilität unter wechselnden Klimabedingungen gewinnt an Bedeutung, denn Karotten sollen zuverlässig wachsen, auch wenn Trockenheit oder Starkregen zunehmen. Zudem werden auch Nachhaltigkeitsaspekte immer wichtiger, etwa Sorten, die mit weniger Pflanzenschutz auskommen oder sich gut für den ökologischen Anbau eignen. Nicht zuletzt wird an Karotten mit einem höheren Gehalt gesundheitsfördernder Inhaltsstoffe gearbeitet, etwa an violetten oder gelben Varianten, die andere Carotinoide enthalten als die üblichen, orangenen Sorten.

Einer der problematischsten Schädlinge im Karottenanbau ist der Nördliche Wurzelgallennematode (*Meloidogyne hapla*). Er reduziert nicht nur die Erträge, sondern führt auch zu Qualitätsverlusten, weil befallene Wurzeln verkrüppelt sind. Da in Deutschland keine chemischen Nematizide mehr zugelassen sind, bleibt die Züchtung resistenter Sorten die wichtigste Lösung. Bislang fehlen jedoch sowohl geeignete Sorten als auch umfassendes Wissen über die genetischen Grundlagen der Resistenz.

Resistenzen gegen Nematoden

Ein Forschungsteam am Julius-Kühn-Institut hat in einem Vorgängerprojekt nachgewiesen, dass bestimmte Wildformen der Möhre Resistenzgene gegen *M. hapla* besitzen. Diese Resistenzmerkmale bleiben auch nach Rückkreuzungen mit der Kulturmöhre erhalten. Das aktuelle vom BMLEH geförderte Projekt baut darauf auf: Ziel ist es, zwei oder mehr Resistenzgene in einer Pflanze zu kombinieren (eine sogenannte Pyramidierung der Resistenzen) und so eine besonders stabile

Abwehr aufzubauen. Damit soll die Basis für neues Zuchtmaterial gelegt werden, das Züchter für die Entwicklung resistenter Karottensorten nutzen können.

Breeding Coloured Carrots

Mit einem anderen Projekt – Breeding Coloured Carrots – hat das BMLEH den ökologischen Landbau gestärkt: Das von der Satimex Quedlinburg Handelsgesellschaft mbH koordinierte Projekt hatte zum Ziel, neue Karottensorten in verschiedenen Farben zu entwickeln. Dafür wurden zahlreiche Kreuzungen und Auswahlsschritte durchgeführt und die besten Linien auf Öko-Betrieben im Feld getestet, nicht nur auf Ertrag, sondern auch auf Qualität, Lagerfähigkeit und Krankheitsresistenz. Das Ergebnis ist eine breite Palette an vielversprechendem Zuchtmaterial in allen Farbklassen, von Gelb über Orange bis Violett. Erste Linien befinden sich bereits in der Vorprüfung zur Sortenzulassung, darunter auch eine violette Karotte. Die große genetische Vielfalt eröffnet zudem Chancen für die weiterführende Forschung, etwa zur Verbesserung der Resistenz, zur Analyse des Blühverhaltens oder zur Entwicklung molekularer Marker.



Karotte

Botanischer Name: *Daucus carota* subsp. *sativus*

Anbaufläche in Deutschland:
13.800 Hektar (2024)

Erntemenge in Deutschland:
850.600 Tonnen (2024)

Genom vollständig sequenziert seit: 2016



Pyramidisierung von Resistenzgenen

Unter Pyramidisierung versteht man in der Pflanzenzüchtung das gezielte Kombinieren mehrerer unterschiedlicher Resistenzgene in einer Sorte. Jedes dieser Gene trägt durch unterschiedliche Mechanismen dazu bei, die Pflanze gegen einen Schädling oder Krankheitserreger zu schützen. Werden mehrere Gene in einer Linie vereinigt, ist die Abwehr deutlich stabiler und langlebiger. Denn selbst wenn ein Erreger ein einzelnes Resistenzgen überwinden sollte, bleiben die anderen wirksam. Auf diese Weise entstehen Sorten, die nachhaltig gegen Befall geschützt sind – ein wichtiger Schritt für Pflanzenschutz ohne chemische Mittel.

Die Inhaltsstoffe der Karotte standen hingegen im Fokus eines von der Deutschen Forschungsgemeinschaft geförderten Projekts. Darin wurde die genetische Vielfalt von Karotten auf potenziell gesundheitsfördernde Inhaltsstoffe hin untersucht, darunter Carotinoide wie Beta-Carotin, Lutein oder Lycopin sowie Anthocyane und Aromastoffe. Ziel war es, Sorten mit einem hohen Gehalt dieser gesundheitsfördernden Substanzen zu identifizieren und im Feldversuch zu untersuchen. Gleichzeitig wurden Bitterstoffe aus Wildformen – sogenannte Polyacetylene – geprüft, die sich als Ausgangsstoffe für pflanzliche Arzneimittel eignen könnten. Damit diese Bitterstoffe die Verarbeitung von Karotten nicht beeinträchtigen, entwickelte das Projekt zudem Verfahren, um sie schonend zu entfernen oder gezielt zu gewinnen.

Kohlgemüse

Kohl zählt zu den vielseitigsten Kulturpflanzen überhaupt: Weiß- und Rotkohl, Wirsing, Rosenkohl, Blumenkohl, Brokkoli, Grünkohl und weitere Sorten gehören alle zur gleichen Art, unterscheiden sich aber dank Pflanzenzüchtung stark in Aussehen, Geschmack und Nutzung. Diese Vielfalt stellt die moderne Züchtung aber auch vor besondere Herausforderungen.

Zentrale Ziele der Kohlzüchtung sind ein hoher Ertrag und eine gleichmäßige Qualität der Blätter, Köpfe oder Röschen, verbunden mit guten Lager- und Verarbeitungseigenschaften. Darüber hinaus spielt die Resistenz gegen Krankheiten und Schädlinge eine wichtige Rolle, etwa gegen Kohlhernie, Falschen Mehltau oder Schadinsekten. Auch die Stresstoleranz gegenüber Hitze und Trockenheit gewinnt angesichts des Klimawandels an Bedeutung. Zudem arbeitet die Züchtung am Gehalt gesundheitlich vorteilhafter Inhaltsstoffe, etwa an Sorten mit besonders viel Vitamin C, von dem Kohl schon jetzt vergleichsweise viel enthält. Auch an Varianten mit höheren Konzentrationen bestimmter Glucosinolate wird geforscht, denn die Abbauprodukte dieser sekundären Pflanzenstoffe gelten ebenfalls als gesundheitsfördernd.



Kohlgemüse

Botanischer Name: *Brassica oleracea*

Anbaufläche Deutschland:
19.300 Hektar (2024)

Erntemenge Deutschland:
832.000 Tonnen (2024)

Genom vollständig sequenziert seit:
u. a. Kopfkohl 2014, Blumenkohl 2019



SharpGreens

Im Projekt SharpGreens erforschen Wissenschaftlerinnen und Wissenschaftler zunächst die große Vielfalt von Kohlgemüse mit dem Ziel, das öffentliche Bewusstsein für diese Vielfalt zu schärfen. In einem zweiten Projektteil sollen Sorten mit besonders hohem Gehalt an gesundheitsfördernden Inhaltsstoffen, wie zum Beispiel Glucosinolaten, identifiziert werden. Diese Substanzen haben eine nachgewiesene antibakterielle, entzündungshemmende und krebsvorbeugende Wirkung. In einer humanen Interventionsstudie am Universitätsklinikum Freiburg sollen die Auswirkungen einer an Kohlgemüse reichen Ernährung auf die Immunfunktionen und das Darmmikrobiom näher untersucht werden. Das Projekt soll dadurch wichtige Informationen für die zukünftige Züchtung gesundheitsfördernder Kohlsorten und Ernährungsempfehlungen liefern. Koordiniert wird das Projekt vom Leibniz-Institut für Gemüse- und Zierpflanzenbau und dem Universitätsklinikum Freiburg.

Paprika

Paprika gehört zu den Nachtschattengewächsen und wird in einer Vielfalt an Farben, Formen und Schärfe-graden angebaut, von mildem Blockpaprika bis zu scharfen Chilis, die botanisch ebenfalls zur selben Gattung zählen. Alle enthalten sie viel Vitamin C und Mineralstoffe wie Kalium und Magnesium.

Paprika und Chili werden in Deutschland hauptsächlich geschützt unter Folie oder Glas angebaut. Für die Züchtung steht an erster Stelle die Fruchtqualität: Aroma, Süße, knackige Konsistenz und leuchtende Farbe sollen den Erwartungen von Verbraucherinnen, Verbrauchern und Handel entsprechen. Außerdem soll der Gehalt an Capsaicin kontrolliert werden, weil dieses natürliche Alkaloid den Schärfe-grad reguliert. Ebenso wichtig sind ein hoher und stabiler Ertrag sowie eine gute Lager- und Transportfähigkeit, insbesondere für den Gewächshausanbau und den internationalen Handel.

Darüber hinaus spielen Resistenzen gegen Krankheiten und Schädlinge eine zentrale Rolle, etwa gegen Viren wie das Paprikamosaikvirus (PMMoV) oder gegen Pilz- und Bakterienkrankheiten. Auch die Toleranz gegenüber Hitzestress und unregelmäßiger Bewässerung gewinnt mit dem Klimawandel an Bedeutung.



Züchtungsprogramme arbeiten zudem an Paprika mit einem höheren Gehalt an Vitaminen, Antioxidantien und Carotinoiden – wichtige Inhaltsstoffe für eine gesunde Ernährung.

G2P-SOL

Im Rahmen des EU-geförderten Projekts G2P-SOL haben Forschende über 10.000 Paprika-Proben von wilden und kultivierten Sorten aus Genbanken in aller Welt genetisch untersucht. Ziel des von der italienischen ENEA koordinierten Projekts war es, die genetische Diversität dieser Pflanzen zu erfassen und zu verstehen, Merkmale wie Fruchtfarbe, Schärfe, Form, Produktivität oder Reifezeit variieren in verschiedenen Regionen.

Ein weiterer Schwerpunkt war die Verbindung von genetischen Merkmalen (Genotyp) mit äußeren Merkmalen (Phänotyp) unter unterschiedlichen Umweltbedingungen. Für Paprika wurden in mehreren Umgebungen quantitative genetische Marker (QTLs) für wichtige agronomische Eigenschaften gefunden: Fruchtform und -größe, Farbe, Produktivität, Vitalität und frühe Reife. Diese Marker sind wichtige Werkzeuge, um in der Züchtung gezielt geeignete Sorten auszuwählen.



Paprika

Botanischer Name: *Capsicum annuum*

Anbaufläche in Deutschland:
ca. 120 Hektar (2024)

Erntemenge in Deutschland:
ca. 16.500 Tonnen (2024)

Genom vollständig sequenziert seit: 2014

Gartensalat

Gartensalat, häufig auch nur Salat genannt, zählt zu den beliebtesten Frischgemüsen weltweit und wird in vielen Formen angebaut, auch in Deutschland. Mittels Pflanzenzüchtung wurde von Kopf- und Schnittsalaten über Römersalat bis zu farbigen Blattvarianten wie dem Lollo rosso eine große Vielfalt von Sorten entwickelt.



Für die Züchtung steht bei Salat zunächst die Blattqualität im Mittelpunkt. Es kommt auf eine knackige Konsistenz, frisches Aroma, zarte Struktur und attraktive Farben an. Wichtig ist auch eine lange Haltbarkeit, damit die Blätter nach der Ernte möglichst lange frisch bleiben und sich gut transportieren lassen. Ein weiterer Schwerpunkt liegt wie so oft auf der Resistenz gegen Krankheiten, insbesondere gegen den Falschen Mehltau, der weltweit zu den größten Problemen im Salatanbau zählt. Auch die Toleranz gegenüber Hitze und Trockenstress wird immer wichtiger, da Salat empfindlich auf hohe Temperaturen und unregelmäßige Wasserversorgung reagiert. Darüber hinaus gewinnt die Anpassung an hydroponische und vertikale Anbausysteme an Bedeutung, denn speziell für Indoor-Farming gezüchtete Sorten müssen unter LED-Licht rasch wachsen, kompakt bleiben und Nährstoffe besonders effizient aufnehmen.

Salatsorten für den Ökolandbau

In einem vom Bundesprogramm Ökologischer Landbau und andere Formen nachhaltiger Landwirtschaft (BÖLN) geförderten Projekt entwickeln Züchtungsbetriebe neue Salatsorten, die speziell an die Anforderungen des ökologischen Anbaus angepasst sind. Im Mittelpunkt steht die Resistenz gegen den Falschen Mehltau. Um diese dauerhaft abzusichern, kombinieren die beteiligten Forschungseinrichtungen klassische Kreuzungs- und Selektionsmethoden mit moderner markergestützter Züchtung. Zusätzlich werden Sortenmerkmale wie Geschmack, Blattqualität und gleichmäßiger Wuchs für die Praxis bewertet, sodass die künftigen Sorten nicht nur robust, sondern auch marktgerecht sind.

Das Projekt setzt auf dezentrale Feldversuche direkt auf Biohöfen, um Sorten unter realen ökologischen Bedingungen zu prüfen und optimal an unterschiedliche Standorte anzupassen. Neben der Krankheitsresistenz spielen auch Stresstoleranz, Nährstoffeffizienz und Lagerfähigkeit eine Rolle.



Gartensalat

Botanischer Name: *Lactuca sativa*

Anbaufläche in Deutschland:
61 Hektar (Kopfsalat; 2024)

Erntemenge in Deutschland:
ca. 2.600 Tonnen (Kopfsalat; 2024)

Genom vollständig sequenziert seit: 2014



Züchtungsforschung bei weiteren Nahrungspflanzen

Dieses Kapitel umfasst eine Auswahl weiterer Nahrungspflanzen, die in aktuellen Forschungsprojekten durch Züchtung optimiert werden sollen. Dazu zählen sowohl traditionell wichtige Pflanzen wie die Kartoffel, als auch solche, die in Deutschland bisher keine Rolle spielen, es in Zukunft aber könnten.

Kartoffel

Die Kartoffel ist eine der wichtigsten Kulturpflanzen weltweit und ein zentrales Grundnahrungsmittel in Deutschland. Sie liefert nicht nur Stärke und andere Kohlenhydrate, sondern auch Vitamin C und B6, wichtige Mineralstoffe und Eiweiß mit hoher biologischer Wertigkeit (siehe Infokasten).

Bei der Züchtung der Kartoffel steht ein hoher und stabiler Ertrag im Vordergrund, aber auch eine gute Knollenqualität, von Form und Größe über Koch- und Verarbeitungseigenschaften bis hin zu Farbe und Geschmack. Ebenso wichtig sind eine lange Lagerfähigkeit sowie ein geringer Gehalt des giftigen Solanins, das sich in grünen Stellen und Keimen sammeln kann. Zentrale Aufgaben der Kartoffelzüchtung sind zudem die Resistenz gegen Krankheiten und Schädlinge, vor allem gegen Kraut- und Knollenfäule, Viren, Nematoden und Bakterienkrankheiten, die erhebliche Ernteverluste verursachen können. Angesichts des Klimawandels gewinnen außerdem abiotische Stresstoleranzen an Bedeutung, also etwa die Fähigkeit, Trockenperioden, Hitze oder wechselnde Niederschläge gut zu überstehen. Darüber hinaus arbeiten Züchterinnen und Züchter an speziellen Verarbeitungs- und Nischenqualitäten, von Pommes- und Chips-Sorten bis zu Kartoffeln mit besonderen Farben.

SolaMi

Um Nährstoffeffizienz und Umweltschutz ging es im vom Max-Planck-Institut für Molekulare Pflanzenphysiologie koordinierten Projekt SolaMi. Das Projekt erforschte, wie Kartoffelsorten mit reduzierter Stickstoffdüngung gute Erträge liefern können. Ziel war es, genetische Grundlagen der stickstoffabhängigen Steuerung von Blütenbildung und Knollenentwicklung zu verstehen. Dazu untersuchten die Forschenden sowohl moderne Sorten als auch Wildkartoffeln. Es zeigte sich, dass Wildkartoffeln aus den Anden auch unter Stickstoffmangel vergleichsweise stabile Erträge bringen, während bei vielen konventionellen Sorten unter reduzierter Stickstoffversorgung ein deutlicher Rückgang von Knollenzahl und Knollengewicht auftrat.

Neben den Ertragsmessungen wurde in SolaMi intensiv nach Signalwegen gesucht, die die Entwick-

lungsprozesse in Kartoffeln steuern. Dabei wurden molekulare Studien an der Modellpflanze *Arabidopsis thaliana* durchgeführt, um Parallelen zur Kartoffel zu identifizieren. Ein Ziel war es, markergestützte Züchtungswerkzeuge zu entwickeln, also molekulare Marker, mit denen Züchtungsbetriebe künftige Sorten auswählen können, die auch bei geringer Stickstoffversorgung einen stabilen Ertrag liefern.

EpiPotato

Beim Projekt EpiPotato, das von der Friedrich-Alexander-Universität Erlangen-Nürnberg koordiniert wird, steht einmal mehr der Klimawandel im Fokus. Das Projekt hat das Ziel, Kartoffelsorten zu entwickeln, die auch bei hohen Bodentemperaturen stabile Knollenerträge liefern. Wenn die Bodentemperaturen über etwa 28 °C steigen, reduziert sich bei vielen Kartoffeln die Knollenbildung drastisch. Daher untersucht das Team, wie gerade diese Fähigkeit, Knollen trotz Hitze zu bilden, genetisch und epigenetisch gesteuert wird. Anders als die klassische Züchtung setzt EpiPotato auf die epigenetische Regulation, also auf DNA-Methylierung oder kleine RNAs, um Gene, die die Hitzeempfindlichkeit beeinflussen, gezielt zu aktivieren oder abzuschalten.



Kartoffel

Botanischer Name: *Solanum tuberosum*

Anbaufläche in Deutschland:
301.000 Hektar (2025)

Erntemenge in Deutschland:
13,4 Mio. Tonnen (2025)

Genom vollständig sequenziert seit: 2011



POMORROW

Ebenfalls weitreichend sind die Ziele von POMORROW. Das Projekt unter der Koordination der SaKa Pflanzenzucht GmbH & Co. KG will die Nachhaltigkeit und Resilienz von Kartoffelsorten umfassend stärken, indem genetische Ressourcen systematisch genutzt und neue Züchtungstechniken entwickelt werden. Dazu genotypisieren die Beteiligten die gesamte Kartoffel-Sammlung der Ex-situ-Genbank des Bundes. Auf dieser Basis wird eine Kernkollektion von rund 600 genetisch vielfältigen Kartoffeltypen aufgebaut, die umfassend phänotypisch charakterisiert werden, inklusive bislang wenig erforschter Merkmale wie Trockentoleranz, Effizienz bei der Nutzung von Nährstoffen, Mykorrhiza-Beziehungen sowie Resistenzen gegen Krankheiten wie Kraut- und Knollenfäule, Viren und mehr.

Neben der traditionellen Phänotypisierung setzt POMORROW darauf, transgenfreie Genomeditierungsmethoden und prädiktive Züchtungsverfahren einzuführen, sodass auch genetische Varianten mit kleineren Effekten genutzt werden können. Mit Assoziationsgenetik sollen wertvolle Allele identifiziert und validiert werden. Das übergeordnete Ziel ist es, Zuchtmaterial bereitzustellen, das unter den Herausforderungen des Klimawandels nahrhafte und krankheitsresistente Sorten ermöglicht.

Biologische Wertigkeit von Proteinen

Die biologische Wertigkeit beschreibt, wie effizient der Körper ein Nahrungseiweiß in körpereigenes Protein umwandeln kann. Sie hängt vom Aminosäureprofil des Proteins ab: je besser dieses dem menschlichen Bedarf entspricht, desto höher die Wertigkeit. Proteine mit hoher biologischer Wertigkeit liefern besonders viele essentielle Aminosäuren, die der Körper nicht selbst bilden kann, im optimalen Verhältnis, sodass weniger Gesamtprotein benötigt wird, um den Bedarf zu decken. Als Referenz dient Vollei mit einem Wert von 100.

Einige Beispiele für biologische Wertigkeit:

Molkeprotein: ca. 104–110

Vollei: 100 (Referenzwert)

Rindfleisch: ca. 80

Kartoffel: ca. 70

Bohnen: ca. 50–60

Durch eine Kombination verschiedener Proteinquellen (zum Beispiel Getreide und Hülsenfrüchte) kann die biologische Wertigkeit erhöht werden, da sich die Aminosäurenprofile ergänzen.

Erbse

Die Erbse gehört seit Jahrhunderten zu den wichtigsten Kulturpflanzen in Europa und erlebt heute einen neuen Aufschwung als hochwertige Eiweißquelle für Futtermittel und die menschliche Ernährung. Besonders im Zuge der steigenden Nachfrage nach Fleisch- und Milchersatzprodukten wächst ihr Stellenwert. Für die Züchtung bedeutet das, dass an erster Stelle ein hoher Proteingehalt und eine günstige Zusammensetzung der Aminosäuren stehen. Auch für die Verwendung als Futtermittel sind diese Eigenschaften wichtig.

Daneben spielen Resistenzen gegen Krankheiten und Schädlinge eine zentrale Rolle, etwa gegen Mehltau, Rost oder Erbsenkäfer. Auch die Anpassungsfähigkeit an unterschiedliche Standorte sowie eine bessere Stresstoleranz gegenüber Trockenheit und Hitze gewinnen im Klimawandel an Bedeutung. Ergänzt wird dies durch eine verbesserte Standfestigkeit, gleichmäßige Reife und gute Verarbeitungseigenschaften, damit Erbsen sich zuverlässig ernten und vielseitig nutzen lassen. Schließlich trägt die Erbse als Hülsenfrucht durch ihre Fähigkeit zur Stickstoffbindung im Boden auch zur Nachhaltigkeit in der Landwirtschaft bei. Ein Aspekt, der durch Züchtung weiter gestärkt werden kann.

DiPisum

Im vom BMFTR geförderten Projekt DiPisum arbeiten Forschende gemeinsam mit Unternehmen daran, die Körnererbse als nachhaltige und regionale Eiweißpflanze in Mitteldeutschland zu etablieren. Ausgehend von der bislang geringen Anbaufläche von etwa zwei Prozent soll ihr Anteil auf rund zehn Prozent steigen. Dafür werden moderne Methoden aus Züchtung (genomische Tools), Digitalisierung (Drohnen, Sensorik, KI) und Lebensmitteltechnik kombiniert, um klimaresistente, geschmacklich hochwertige Sorten schneller und zielgerichteter zu entwickeln. Gleichzeitig wird eine komplette Wertschöpfungskette aufgebaut, vom Saatgut über Ernte, Proteinextraktion und Texturat-Herstellung bis hin zu pflanzlichen Fertigprodukten.

Ein besonderer Schwerpunkt des vom Leibniz-Institut für Pflanzengenetik und Kulturpflanzenforschung

koordinierten Projekts liegt auf der Zusammenarbeit mit landwirtschaftlichen Betrieben. In Feldversuchen werden Sommer- und Wintererbsen hinsichtlich Entwicklung, Krankheitstoleranz, Ertrag und Fruchtfolgeeffekten (etwa Unkrautunterdrückung, Bodenbearbeitung) unter realen Anbaubedingungen erforscht.

BIOStärke

Im vom BMLEH geförderten und vom Institut für Lebensmittel- u. Umweltforschung in Bad Belzig koordinierten Projekt BIOStärke untersuchten Forschende, welche Erbsensorten hinsichtlich ihrer Stärkequalität besonders gut für die Lebensmittelindustrie geeignet sind. Die Projektbeteiligten bauten dazu etwa 150 Erbsensorten an, darunter Sommer- und Winterformen, extrahierten die Stärke und analysierten deren Zusammensetzung sowie technofunktionelle Eigenschaften wie Gelbildung, Viskosität und Backverhalten. Spezielle Praxisversuche wie die Herstellung von Glasnudeln zeigten, dass einige Stärken hervorragende Qualität liefern. Darüber hinaus wurde deutlich, dass die Stärkequalität jahreszeitabhängig stark schwankt, was auf klimatische Einflüsse hinweist.



Erbse

Botanischer Name: *Pisum sativum*

Anbaufläche in Deutschland:
137.700 Hektar (2025)

Erntemenge in Deutschland:
376.000 Tonnen (2024)

Genom vollständig sequenziert seit: 2016

Zuckerrübe

Die Zuckerrübe liefert nicht nur den Großteil des in Europa erzeugten Zuckers, sondern zugleich wertvolle Nebenprodukte wie Pressschnitzel und Melasse für die Futtermittel- und Bioethanolherstellung und gewinnt so auch als Energie- und Industriepflanze für die Bioökonomie an Bedeutung.

Für die Züchtung stehen bei der Zuckerrübe mehrere Ziele im Vordergrund, allen voran ein hoher Zucker-gehalt und stabile Erträge, damit sich der Anbau wirtschaftlich lohnt. Ebenso wichtig sind eine gleich-mäßige Wurzelform, gute Lager- und Verarbeitungsei-genschaften sowie ein geringer Gehalt an unerwünsch-ten Inhaltsstoffen wie Kalium oder Natrium, die den Zuckergehalt mindern können. Große Aufmerksam-keit gilt auch der Resistenz gegen Krankheiten und Schädlinge, insbesondere gegen Blattkrankheiten wie Cercospora-Blattflecken und gegen Wurzelkrankheiten sowie Nematodenbefall. Mit dem Wegfall bestimmter Pflanzenschutzmittel wird dieser Aspekt noch dringli-cher. Züchtungsbetriebe arbeiten außerdem an Sorten mit verbesserter Wassernutzungseffizienz bei Hitze und Trockenheit. Auch der Einsatz der Zuckerrübe als nachwachsender Rohstoff für Bioenergie oder Bio-kunststoffe rückt in den Blick, wofür die Qualität der Biomasse eine zentrale Rolle spielt.



EpicBeet

Das Forschungsprojekt EpicBeet untersucht, wie epigenetische Mechanismen – speziell DNA-Methylierungen – bei der Zuckerrübe über Generationen stabil vererbt werden können und welchen Einfluss sie auf wichtige Pflanzenmerkmale haben. Dabei liegt ein Schwerpunkt auf der Frage, ob epigenetische Veränderungen, die durch Umwelteinflüsse entstehen, auch nachfolgende Generationen beeinflussen. Zum Beispiel wie die Pflanze auf Stress reagiert oder wie variabel ihre Merkmale sind. Ein weiterer Fokus ist, inwiefern mobile DNA-Elemente (Transposons) aktiv werden, wenn sich die DNA-Methylierung verändert, und welche Rolle solche Elemente für die genetische und epigenetische Variabilität spielen.

EpicBeet arbeitet mit Mutanten, um Veränderungen in DNA-Methylierung, Phänotypen und der Aktivität von repetitiven Regionen des Genoms über mehrere Generationen zu verfolgen. Morphologische, moleku-



Zuckerrübe

Botanischer Name: *Beta vulgaris*

Anbaufläche weltweit:
387.100 Hektar (2025)

Erntemenge weltweit:
36,7 Mio. Tonnen (2025)

Genom vollständig sequenziert seit: 2013

lare und cytogenetische Phänotypisierung begleiten die Experimente. Am Ende des von der TU Dresden koordinierten Projekts soll klar sein, welche epigenetischen Marker zuverlässig nutzbar sind und wie epigenetische Zuchtlinien in der Zuckerrübenzüchtung aufgebaut werden können.

RecREdit

Im Projekt RecREdit geht es hingegen um Pflanzenschutz: Vergilbungsviren können in schlechten Jahren den Zuckerrübenenertrag um bis zu 40 Prozent senken. Jahrzehntlang wurden sie durch insektizide Saatgutbeizung kontrolliert. Seit dem Verbot der Neonicotinoide fehlt dieser Schutz jedoch völlig. Resistente Sorten gibt es bislang nicht. Das vom Institut für Zuckerrübenforschung koordinierte Projekt RecREdit will deshalb mithilfe moderner Genom-Editierung Zuckerrüben entwickeln, die gegen alle vier beteiligten Viren (BChV, BMV, MtMV, BYV) resistent sind. Aufbauend auf dem Vorgängerprojekt PoleroRes, in dem mit CRISPR/Cas bereits eine erste Resistenz erzeugt wurde, setzt das Team auf noch präzisere Methoden wie Base Editing und Prime Editing. Das Ziel ist es, einzelne Aminosäuren in den pflanzlichen

Translationsfaktoren so zu verändern, dass die Viren nicht mehr andocken können.

Da natürliche Resistenzquellen in der Zuckerrübe fehlen, könnte dieser Ansatz einen Durchbruch für die Züchtung bedeuten. Die präzise Veränderung weniger DNA-Bausteine senkt das Risiko unerwünschter Nebeneffekte und ermöglicht es, Virusresistenzen künftig rasch an neue Virusvarianten anzupassen.

BeetAdapt

Das von der Strube D&S GmbH koordinierte Projekt BeetAdapt will dem Klimawandel mit schnelleren Züchtungsmethoden begegnen. Die Forschenden testen zum ersten Mal in Kulturpflanzen neue Endonukleasen und ein DNA-freies Transfektionsprotokoll, das Lasertechnologie nutzt, um das genetische Material in die Pflanzen einzuschleusen. Das heißt, Zellen werden hier mit molekularen Werkzeugen modifiziert, ohne permanente fremde DNA einzufügen. Parallel dazu werden Drohnen, multispektrale und thermische Bildgebung sowie KI-Modelle eingesetzt, um Merkmale wie Krankheitsanfälligkeit, Ertragsleistung und Stressreaktionen früh und genau zu erkennen.



Yams

Yams ist in vielen tropischen Regionen Afrikas, Asiens und Lateinamerikas ein wichtiges Grundnahrungsmittel und liefert reichlich Stärke, Ballaststoffe und Mineralstoffe, aber auch Kalium und Provitamin A. Verzehrt wird die bis zu zwei Meter in die Erde reichende Knolle, die bei den meisten Arten in rohem Zustand giftig ist. In Europa könnte die Etablierung von Yams als neue Nutzpflanze eine Ergänzung zu Kartoffel und Getreide sein und in Anbausystemen zu mehr Vielfalt beitragen.

Ein hoher und stabiler Knollenertrag sowie eine gute Lager- und Transportfähigkeit stehen bei der Züchtung im Vordergrund, denn Yamsknollen sind nach der Ernte leicht verderblich.

Ebenso wichtig sind Resistenzen gegen spezifische Krankheiten und Schädlinge, vor allem gegen das Yamsmosaikvirus, Nematoden und Pilzerkrankungen. Da viele Anbauggebiete von Trockenperioden betroffen sind, ist zudem die Toleranz gegenüber Hitze und unregelmäßigen Niederschlägen ein zentrales Zuchtziel. Auch die Erhöhung von Eiweiß, Vitaminen oder bioaktiven Inhaltsstoffen wie Diosgenin, das unter anderem gegen Thrombose vorbeugt und anti-



mikrobiell wirkt, gewinnt an Bedeutung. Schließlich arbeiten Züchterinnen und Züchter an vegetativen Vermehrungsmethoden und kürzeren Wachstumszyklen, um die mühsame und oft verlustreiche traditionelle Knollenvermehrung zu erleichtern.

MARVEL

Das Projekt MARVEL hatte zum Ziel, Yams als lohnende Kulturpflanze auch in Deutschland und Europa zu etablieren. In tropischen Regionen ist Yams ein Grundnahrungsmittel, doch in gemäßigten Klimazonen sind Anbau und Ernte aufwendig, denn die Knollen wachsen tief in der Erde und sind empfindlich in der Handhabung. Daher verbesserte das von der Westfälischen Wilhelms-Universität Münster koordinierte Projekt durch markergestützte Züchtung die Knollenbildung, sodass die Knollen leichter geerntet werden können. Dafür wurden asiatische Yams-Arten genutzt, die bereits heute ein gewisses Potenzial zeigen, mit kühleren Bedingungen zurechtzukommen.

Dank diesem und ähnlicher Forschungsprojekte könnte Yams eine wertvolle Ergänzung unserer Ernährung werden und sowohl die Ernährung als auch die Agrarbiodiversität in Europa bereichern. Zudem könnten gewonnene Erkenntnisse zu bevorzugten Arten, zum Wachstumsverhalten und zur Züchtung auf andere Yams-Arten übertragen werden und global zur Ernährungssicherung beitragen.



Yams

Botanischer Name: Gattung *Dioscorea*, insb. *D. alata* und *D. rotundata*

Anbaufläche in Deutschland: kein großflächiger Anbau

Erntefläche in Deutschland: n. a.

Genom vollständig sequenziert seit: 2017 (*D. rotundata*)

Buchweizen



Buchweizen ist trotz seines Namens nicht mit dem Weizen verwandt und botanisch gesehen kein Getreide, sondern gehört zu den Knöterichgewächsen. Er wird aber ähnlich genutzt und erlebt wegen seines glutenfreien Mehls und seines hohen Gehalts an Eiweiß, Mineralstoffen und Antioxidantien derzeit ein Comeback, sowohl in der Ernährung als auch in der ökologischen Landwirtschaft.

Ein hoher und stabiler Kornertrag sowie eine gleichmäßige Kornqualität sind entscheidend, um Buchweizen wirtschaftlich interessant zu machen. Ebenso wichtig sind eine verbesserte Standfestigkeit und gleichmäßige Reife, da die Pflanze von Natur aus gestaffelt blüht und reift, was die Ernte erschwert. Auch die Anpassung an wechselnde Klimabedingungen durch höhere Hitzetoleranz und Trockenheitsresistenz rückt angesichts des Klimawandels in den Fokus. Darüber hinaus arbeiten Züchtungsbetriebe an Sorten mit hohem Gehalt an wertgebenden Inhaltsstoffen, etwa Rutin, einem antioxidativ wirksamen Flavonoid, und an Varianten, die sich gut für den ökologischen Anbau eignen.

BIMOTEC

Im Projekt BIMOTEC soll der Buchweizenanbau in Deutschland wieder attraktiver gemacht werden, und zwar nicht nur durch die Verbesserung des Kornertrags. Künftig sollen auch Blätter, Samenhüllen und

Stängel wirtschaftliche Verwendung finden. Mit dieser ganzheitlichen Nutzung im Blick trägt BIMOTEC dazu bei, die Abhängigkeit von Importen zu verringern und neue regionale Bioökonomie-Wertschöpfungsketten aufzubauen.

Dafür untersucht das vom Forschungszentrum Jülich koordinierte Projekt 60 verschiedene Genotypen unter Gewächshaus- und Feldbedingungen. Besondere Aufmerksamkeit gilt der Reaktion auf Trockenstress und Stickstoffmangel sowie nährstoffarme Böden. Mit hochauflösender Phänotypisierung, Metabolomik und Genotypisierung werden Merkmale wie Wurzel- und Sprosswachstum, sekundäre Metabolite und Ertrag erfasst. Dabei sollen molekulare Marker identifiziert werden, die Züchtungsbetrieben helfen, gewünschte Eigenschaften schneller zu selektieren. Ein weiteres Ziel ist es, Buchweizen in neuen Anbauformen, etwa als Zweitfrucht, einzusetzen.



Buchweizen

Botanischer Name: *Fagopyrum esculentum* (Echter Buchweizen), *F. tataricum* (Tatarischer Buchweizen)

Anbaufläche in Deutschland:
nur kleinflächig

Erntemenge in Deutschland:
n. a.

Genom vollständig sequenziert seit:
2025 (*F. tataricum*)

Erdbeere

Die Erdbeere ist in Deutschland die wirtschaftlich mit Abstand wichtigste Beerenfrucht (obwohl botanisch eine Sammelnussfrucht) und wird weltweit in großen Mengen angebaut. Durch einen hohen Gehalt an Vitamin C und anderen gesundheitsfördernden Inhaltsstoffen wie Folsäure ist sie eine wertvolle Ergänzung für eine gesunde Ernährung.

Durch Kreuzung der nordamerikanischen Arten *Fragaria chiloensis* (Chile-Erdbeere) und *Fragaria virginiana* (Scharlacherdbeere) entstand die Gartenerdbeere, die sowohl in der Größe der Früchte als auf ihrer Widerstandsfähigkeit heimische Erdbeerarten übertrifft und zu zahlreichen kommerziell genutzten Sorten gezüchtet wurde. Bei dieser Züchtung steht die Fruchtqualität an erster Stelle: ein intensives Aroma, ausgewogene Süße-Säure-Balance, festes Fruchtfleisch und eine leuchtend rote Farbe, die auch nach der Ernte erhalten bleibt. Ein hoher und stabiler Ertrag sowie eine gute Haltbarkeit und Transportfähigkeit sind weitere Züchtungsziele, damit die empfindlichen Früchte unbeschadet zu den Verbraucherinnen und Verbrauchern gelangen. Darüber hinaus sind auch Resistenzen gegen Krankheiten und Schädlinge erstrebenswert, etwa gegen Grauschimmel, Mehltau oder Wurzelkrankheiten. Um die Erträge zu sichern, aber auch, um den Einsatz von Pflanzenschutzmitteln zu reduzieren. Weitere Ziele sind verlängerte Ernteperioden, mehrmals im Jahr tragende Sorten sowie ein möglichst hoher Gehalt an Vitamin C, Folsäure, Polyphenolen und Anthocyanen.

FraGENOMIC

Im von der TU München koordinierten Projekt FraGENOMIC entwickelten Forschende neue Erdbeersorten, die besonders reich an gesundheitsfördernden Polyphenolen sind. Erdbeeren enthalten von Natur aus viele sekundäre Pflanzenstoffe wie Phenole, die antioxidativ, entzündungshemmend und potenziell vorbeugend gegen chronische Krankheiten wirken. Ziel des Projekts war es, das genetische Verständnis darüber zu vertiefen, welche Gene und molekularen Marker die Bildung dieser wertvollen Stoffe in den Früchten steuern, und wie sie sich gezielt in Zuchtprogrammen einsetzen lassen, um Sorten mit besonders hohem gesundheitlichem Nutzen zu erzeugen.

Ein zentrales Mittel war die Suche nach molekularen Markern, die zuverlässig mit erhöhter Produktion von sekundären Pflanzenstoffen korrelieren. Solche Marker ermöglichen Züchtungsbetrieben, im Zuchtprozess schon früh jene Pflanzen zu erkennen, die später besonders gesund sind. Damit kann die Züchtung beschleunigt werden, weil nicht erst die fertige Frucht getestet werden muss.

WaterSoaking

Im DFG-geförderten Projekt WaterSoaking geht es um Folgen des Klimawandels, diesmal jedoch um Regen statt Dürre: Starke Regenfälle können Erdbeeren regelrecht aufquellen lassen. Die Früchte werden matschig, verlieren ihre leuchtende Farbe und sind kaum noch vermarktbar. Im vom Julius-Kühn-Institut koordinierten Projekt untersuchen Forschende die genetischen Ursachen dieser Anfälligkeit, mit dem Ziel, molekulare Marker zu identifizieren, die eine Züchtung besonders regenfester Sorten ermöglichen. Dazu werden unterschiedliche Erdbeerlinien auf ihre Reaktion bei Starkregen getestet und ihr Genom präzise analysiert. Mit diesen Erkenntnissen können Züchtungsbetriebe künftig Pflanzen auswählen, die auch bei nassem Wetter knackige, qualitativ hochwertige Früchte liefern.



Erdbeere

Botanischer Name: *Fragaria x ananassa*
(Gartenerdbeere)

Anbaufläche Deutschland:
13.150 ha (2024)

Erntemenge Deutschland:
120.352 t (2024)

Genom vollständig sequenziert seit: 2019

Weinrebe

Wein ist eine der ältesten Kulturpflanzen der Welt und hat in Deutschland eine lange kulturelle und wirtschaftliche Tradition. Im Vordergrund der Züchtung steht ein hoher und stabiler Ertrag bei gleichbleibend hoher Trauben- und Weinqualität. Aroma, Zuckergehalt, Säure und Farbe müssen den Ansprüchen von Verbraucherinnen und Verbrauchern entsprechen. Durch die dauerhafte Kultivierung am selben Ort ohne Fruchtfolgen kommt einer Resistenz gegen Pilzkrankheiten, vor allem gegen Echten und Falschen Mehltau, eine besondere Bedeutung zu. Ohne ausreichend chemischen Pflanzenschutz können diese Krankheiten zu großen Ernteaussfällen führen, weshalb selbst im Ökolandbau relativ große Mengen zum Einsatz kommen. Neue Sorten – oft als PIWI-Reben (= pilzwiderstandsfähig) bezeichnet – sollen den Einsatz von Fungiziden deutlich verringern. Mit dem fortschreitenden Klimawandel rücken außerdem Hitzetoleranz, Trockenheitsresistenz und eine stabile Reifeentwicklung in den Fokus, damit Trauben auch bei steigenden Temperaturen und extremen Wetterlagen ihre Qualität behalten. Weiteres Zuchtziel ist eine verlängerte Reifeperiode, um den Lesezeitpunkt flexibler gestalten zu können.

SelWineQ

Ein großer Engpass in der Weinrebenzucht ist die Zeit: Neue Sorten müssen erst drei bis vier Jahre wachsen, bevor man genug Trauben hat, um eine erste Weinprobe durchzuführen. Selbst dann sind Geschmack und Qualität stark vom Wetter und anderen Umweltfaktoren abhängig, sodass es mehr als zehn Jahre dauert, eine neue Sorte auf den Markt zu bringen. Das vom Dienstleistungszentrum Ländlicher Raum - Rheinpfalz koordinierte Projekt SelWineQ entwickelt Vorhersagemodelle, die das komplexe Merkmal „Weinqualität“ schon früh und auf Basis genetischer und molekularer Daten prognostizieren. So können Reben, deren Potenzial gering ist, früh aus dem Zuchtprogramm genommen werden – das spart Zeit, Geld und Ressourcen.

Die Forschenden untersuchen dazu sowohl die Zusammensetzung der Trauben und Weine mittels chemischer Analytik als auch deren sensorische Qualität mit Unterstützung erfahrener Weinprofis. Parallel werden

Genotypdaten erzeugt, um Marker und Genombereiche (QTLs) zu identifizieren, die mit Qualitätsmerkmalen wie einem bestimmten Aroma korrelieren.

ViLHair

Das Projekt ViLHair untersucht, wie Blattbehaarung bei Weinreben als Merkmal zur Anpassung an Trockenheit und Schutz gegen Falschen Mehltau genutzt werden kann. Zunächst erfassen die Forschenden die natürliche Variation der Blattbehaarung in verschiedenen Traubensorten und vermessen sie mithilfe hochauflösender Bildanalyse und Mikroskopie. Parallel dazu führt das Team Genom- und Transkriptomanalysen durch, um die Gene und Stoffwechselwege zu identifizieren, die für Dichte, Länge und Verteilung der Blatthaare verantwortlich sind. Anschließend verknüpfen die Forschenden diese genetischen Daten mit Umweltparametern und Klimadaten aus den Versuchsanlagen, um zu verstehen, wie unterschiedliche Behaarungstypen die Verdunstung, Kühlung und den Schutz vor UV-Strahlung sowie die Resistenz gegen Pilzkrankheiten beeinflussen. Koordiniert wird das Projekt vom Max-Planck-Institut für Molekulare Pflanzenphysiologie.



Weinrebe

Botanischer Name: *Vitis vinifera*

Anbaufläche weltweit:
103.295 Hektar (2025)

Erntemenge weltweit:
7,75 Mio. Hektoliter Most (2025)

Genom vollständig sequenziert seit: 2007

Apfel

Der Apfel ist das mit Abstand wichtigste Obst in Deutschland und auch weltweit eine der bedeutendsten Obstkulturen. Der Anbau erfolgt vielerorts in intensiven Dauerkulturen, die über viele Jahre bestehen und eine gleichbleibend hohe Qualität der Früchte ermöglichen, jedoch auch ein erhöhtes Risiko für Krankheiten und Schädlingsbefall bergen.

Die Pflanzengesundheit steht in der Züchtungsforschung am Apfel im Mittelpunkt. Besonders wichtig ist eine Resistenz gegen Krankheiten und Schädlinge, vor allem gegen Schorf, Mehltau und Feuerbrand. Solche Resistenzen senken den Bedarf an Pflanzenschutzmitteln und erleichtern den ökologischen Anbau. Zunehmend rückt auch die Anpassung an den Klimawandel in den Fokus: Neue Sorten müssen Hitzeperioden, Spätfröste und veränderte Niederschlagsmuster besser verkraften. Weitere Zuchtziele sind ein kompakter Wuchs für den modernen Obstbau sowie ein hoher Gehalt an gesundheitsfördernden Inhaltsstoffen wie Vitamin C oder Polyphenolen sowie ein verringerter Gehalt an Allergenen.

Ein von RLP AgroScience geleitetes Projekt entwickelt eine neuartige, RNA-basierte Methode, um Apfelbäume und andere Obstkulturen vor Phytoplasmen – Bakterien,



Apfel

Botanischer Name: *Malus domestica*

Anbaufläche Deutschland:
33.000 Hektar (2024)

Erntemenge Deutschland:
872.000 Tonnen (2024)

Genom vollständig sequenziert seit: 2010

die über Blattflöhe übertragen werden und in Deutschland immer größere Schäden verursachen – zu schützen. Befallene Apfelbäume liefern kleinere, geschmacklich minderwertige Früchte und können schließlich absterben. Da weder chemische Insektizide noch resistente Apfelsorten dauerhaft Abhilfe schaffen, setzt das Forschungsteam auf die sogenannte RNA-Interferenz: Ein maßgeschneidertes doppelsträngiges RNA-Molekül wird in die Pflanze injiziert. Saugen Blattflöhe am Leitgewebe, nehmen sie diese RNA auf. Ihr eigener Zellmechanismus erkennt die Sequenz fälschlich als Virus-RNA und zerstört in der Folge lebenswichtige Blattfloh-Gene. Der Schädling stirbt, ohne dass andere Insekten oder die Umwelt beeinträchtigt werden. Ein Ziel des Projekts sind transgene Apfelbäume, die eine bestimmte RNA-Replikase bilden. Dieses Enzym würde nach einmaliger Injektion der RNA-Lösung dafür sorgen, dass diese Moleküle ein Leben lang in den Obstbäumen gebildet werden und ähnlich einer Impfung dauerhaften Schutz bieten.

Forstpflanzen

Wälder liefern Holz, binden CO₂ und schützen Böden und Wasser. Doch sie stehen immer stärker unter Druck durch Klimawandel, Schädlinge und Krankheiten. Die Züchtung von Forstpflanzen zielt deshalb vor allem auf Anpassungsfähigkeit und Widerstandskraft ab.

Im Mittelpunkt stehen Baumarten wie Fichte, Kiefer, Buche, Eiche oder Douglasie. Züchtungsbetriebe wählen gezielt Bäume aus, die Trockenheit, Hitze und Spätfrost gut überstehen, schnell wachsen und hochwertiges, stabiles Holz liefern. Ebenso wichtig sind Resistenzen gegen Schädlinge und Pilzkrankheiten, etwa gegen Borkenkäfer oder den Pilz, der das Eschentriebsterben verursacht.

Moderne Methoden wie markergestützte Selektion, Genom-Analysen und kontrollierte Kreuzungen beschleunigen die Auswahl geeigneter Bäume. Dabei spielen auch die genetische Vielfalt und Herkunft eine große Rolle: Ein breites Genreservoir soll dabei helfen, dass Wälder auch im Klimawandel langfristig stabil bleiben.



Zierpflanzen

Ob Rosen, Gerbera oder Orchideen – die Züchtung von Zierpflanzen verfolgt andere Schwerpunkte als die von Nutzpflanzen, ist aber wissenschaftlich ebenso anspruchsvoll. Im Mittelpunkt steht vor allem die optische Qualität: Blütenfarbe und -form, Duft, Blattstruktur und Blühdauer müssen den Wünschen von Gartenbau, Floristik und Hobbygärtnerinnen und -gärtnern entsprechen.

Neue Sorten sollen sich außerdem gut vermehren lassen, robust im Transport sein und lange blühen, ohne schnell zu welken. Auch Krankheits- und Schädlingsresistenzen gewinnen an Bedeutung, um den Einsatz von Pflanzenschutzmitteln zu reduzieren. Die moderne Züchtungsforschung nutzt hierfür Methoden wie Gewebekultur, markergestützte Selektion und Genom-Editierung, um Merkmale gezielt zu kombinieren, wie etwa neue Blütenfarben, Duftprofile oder einen kompakteren Wuchs.

Ein Beispiel ist ein Forschungsprojekt zur Entwicklung neuartiger biotechnologisch gestützter Züchtungs- und Produktionsverfahren für Frauenschuh-Orchideen. Die Forschenden konnten zeigen, dass die klonale Vermehrung möglich ist und die Kulturdauer auf drei Jahre verkürzt werden kann, statt der üblichen sechs bis zehn Jahre. Die Produktion neuer Pflanzen wird dadurch deutlich günstiger. Gleichzeitig konnten die Forschenden polyploide Pflanzen entwickeln und damit den Weg zu größeren und robusteren Orchideen ebnen.



Ausblick: Züchtungsforschung für die Landwirtschaft der Zukunft

Die Pflanzenzüchtung steht an einem Wendepunkt. Klimawandel, Biodiversitätsverlust, daraus abgeleitete politische Zielvorgaben wie der European Green Deal und eine wachsende Weltbevölkerung erhöhen den Druck, Nutzpflanzen schneller an neue Umwelt- und Marktbedingungen anzupassen. Moderne Züchtungsmethoden und die Erforschung ihrer Anwendung eröffnen dafür enorme Chancen, wie die vorangehenden Kapitel zeigen. Künftige Schwerpunkte lassen sich bereits deutlich erkennen.

Krisenresilienz der Agrarsysteme – Nutzpflanzen als Schlüssel

Extreme Wetterereignisse wie Dürren, Hitzewellen oder Starkregen sowie neue und wiederkehrende Schädlinge setzen die Landwirtschaft weltweit unter Druck. Die Züchtungsforschung reagiert darauf mit dem Ziel, krisenresiliente Nutzpflanzen zu entwickeln. Neue Sorten sollen zu Multitalenten werden, die stärkere Schwankungen von Temperatur und Niederschlag verkraften, mit Spätfrösten zurechtkommen und gleichzeitig gegen neu auftretende Insekten, Viren, Bakterien und Pilze gefeit sind. Diese verbreiten sich durch den Klimawandel in neuen Regionen und treffen dort häufig auf anfällige Pflanzen ohne entsprechende Abwehrmechanismen. Resistenzen gegen „klassische“ Krankheiten wie Kraut- und Knollenfäule bei Kartoffeln, Rostpilze bei Getreide oder Falschen Mehltau bei Salat bleiben dabei auch weiterhin zentrale Zuchtziele. Neue Methoden im Werkzeugkasten der Pflanzenzüchtung beschleunigen diesen nötigen Prozess der Anpassung und sind deshalb unverzichtbar, um Agrarsysteme zu stabilisieren und dazu beizutragen, dass Ernten, Preise und Lebensmittelversorgung weniger krisenanfällig sind.

Anpassung an neue Produktionssysteme

Neben den Klimarisiken, die von außen einwirken, verändern sich die Anbausysteme auch aus sich heraus. Landwirtschaft findet künftig in deutlich vielfältigeren Strukturen statt, von Agroforstsystemen über Agri-Photovoltaik bis hin zu Indoor-Farming und Paludikulturen:

- Agroforstsysteme erfordern Sorten, die mit teilweiser Beschattung, Konkurrenz um Wasser und Nährstoffe sowie Mischkultur umgehen können.
- Agri-PV verbindet Stromproduktion mit Ackerbau: Pflanzen müssen unter veränderter Lichtqualität und -intensität gedeihen und gleichzeitig einen an die PV-Anlagen angepassten Wuchs aufweisen.
- Der Ökolandbau braucht Sorten mit natürlicher Krankheitsresistenz und hoher Nährstoffeffizienz, da chemische Pflanzenschutz- und Düngemittel nur eingeschränkt zur Verfügung stehen.

- Indoor-Farming und Hydroponik erfordern kompakte Wuchsformen, schnelle Reife und Sorten, die unter LED-Licht optimale Inhaltsstoffe ausbilden.
- Paludikulturen, also der Anbau auf (wiedervernässten) Moorflächen, benötigen Pflanzen, die dauerhaft nasse, nährstoffarme Böden tolerieren und gleichzeitig wirtschaftlich nutzbar sind, etwa als Baustoff, Bioenergiequelle oder Futter.

Die Züchtungsforschung der kommenden Jahre wird also um weitere Ziele für solche neuen Anbausysteme erweitert.

Wachsende Bedeutung der Epigenetik

Ein dynamisches Feld ist die epigenetische Züchtung. Hierbei werden nicht die Gene selbst verändert, sondern deren Aktivität, zum Beispiel durch DNA-Methylierung oder Veränderungen an Histonen. Solche Modifikationen können Pflanzen helfen, sich an Umweltstress zu „erinnern“, sodass Nachkommen besser auf Hitze, Trockenheit oder Pathogene reagieren, ohne dass sich die DNA-Sequenz ändert.

Projekte wie EpiPotato bei Kartoffeln oder EpicBeet bei Zuckerrüben zeigen, dass epigenetische Marker vererbbar sein und gezielt genutzt werden können. Künftig könnten Züchterinnen und Züchter Sorten entwickeln, die sich flexibler an wechselnde Umweltbedingungen anpassen, indem bestimmte Stressantworten dauerhaft aktiviert werden. Epigenetische Methoden eröffnen damit eine zusätzliche, schnelle Ebene der Anpassung, die klassische Genetik und moderne Genom-Editierung sinnvoll ergänzt. Ihre Erforschung und Weiterentwicklung ist von wachsender Bedeutung.

Interaktion mit dem Bodenmikrobiom

Immer deutlicher wird, dass Pflanzen und ihre Wurzelmikroben ein komplexes, gegenseitig abhängiges System bilden. Dieses Bodenmikrobiom beeinflusst Nährstoffaufnahme, Wachstum, Krankheitsresistenz und sogar die Stressreaktionen der Pflanze. Zukünftige Züchtung berücksichtigt deshalb nicht nur die Pflanze selbst, sondern auch ihr mikrobielles Umfeld. Forschende analysieren dafür, welche Sorten besonders

gut mit förderlichen Mikroorganismen wie Mykorrhizapilzen oder stickstofffixierenden Bakterien zusammenwirken und wie sich diese Beziehungen stabilisieren lassen. Das Ziel ist es, Pflanzen zu entwickeln, die nützliche Bodenorganismen anziehen und eine gesunde Mikrobiomgemeinschaft in ihrem Wurzelraum etablieren. Das könnte den Einsatz von Dünger und Pflanzenschutzmitteln weiter reduzieren und zugleich die Bodenfruchtbarkeit langfristig erhalten.

Die Pflanzenzüchtung wird in den kommenden Jahren noch stärker als bisher zum Schlüssel für eine nachhaltige Landwirtschaft und die Ernährungssicherheit. Sie verbindet modernste molekulare Methoden mit einem ganzheitlichen Blick auf Ökosysteme, Produktionssysteme und gesellschaftliche Anforderungen. Wer heute in Züchtungsforschung investiert, legt damit den Grundstein für stabile Ernten, widerstandsfähige Agrarsysteme und eine wettbewerbsfähige Bioökonomie.

Künstliche Intelligenz – Turbo für die Pflanzenzüchtung

In den nächsten Jahren wird KI nicht nur Analysewerkzeug, sondern Mitgestalterin des Züchtungsprozesses sein, von der Wahl der Elternpflanzen bis zur Echtzeitsteuerung von Indoor-Farmen. Moderne Züchtung erzeugt riesige Datenmengen in Form von Genomsequenzen, Felddaten, Sensormessungen, Drohnenbildern, Wetterinformationen. KI kann diese Daten in bisher unerreichter Geschwindigkeit auswerten und komplexe Muster erkennen. Das spart enorm viel Zeit bei der Auswahl der besten Pflanzen, denn so lassen sich Ertrag, Krankheitsresistenz oder Inhaltsstoffe präziser vorhersagen, lange bevor die Pflanze ausgewachsen ist. In Kombination mit präziseren Werkzeugen können Züchtungsbetriebe gezielt Kreuzungen planen, bis hin zu In-silico-Kreuzungsplänen, bei denen Computer simulieren, welche Elternkombination den größten Erfolg verspricht.

Impressum

Herausgeber

Bundesministerium
für Forschung, Technologie und Raumfahrt (BMFTR)
Referat Nachhaltiges Wirtschaften; Bioökonomie
11055 Berlin

Diese Publikation wird als Fachinformation des Bundesministeriums für Forschung, Technologie und Raumfahrt kostenlos herausgegeben. Sie ist nicht zum Verkauf bestimmt und darf nicht zur Wahlwerbung politischer Parteien oder Gruppen eingesetzt werden.

Stand

Dezember 2025

Text

Informationsplattform bioökonomie.de

Gestaltung

BIOCOM Interrelations GmbH

Bildnachweise

Titel: IPK Leibniz-Institut
S. 2: Oliver Päßler/BIOCOM
S. 4: IPK Leibniz-Institut/Andreas-Baehring
S. 6: IPK Leibniz-Institut/Andreas-Baehring
S. 8: bit24 - stock.adobe.com
S. 9: wheat-8087042_Goran Horvat-Pixabay
S. 11: corn-4562086_Anrita-pixabay
S. 12: 8photo - Freepik.com
S. 13: wirestock - Freepik.com
S. 14: Oleksandr - stock.adobe.com
S. 15: Adam Schikora, JKI
S. 16: 5403858_Brixton-Pixabay
S. 17: 8946_1280_Hans-Pixabay
S. 18: millet-177519
S. 19: Steffen Windpassinger
S. 20: wirestock - Freepik.com
S. 22: 5350137_Elżbieta Michta-Pixabay
S. 23: 7192307_Elżbieta Michta-Pixabay
S. 24: EyeEm - Freepik.com
S. 25: 964324_Julio César García-Pixabay
S. 26: rawpixel.com - Freepik.com
S. 27: Tobias Sieberer, TUM
S. 28: jcomp - Freepik.com
S. 29: Dusan Kostic - stock.adobe.com
S. 30: 1310961_davehan2016-Pixabay
S. 31: Iakov Filimonov - Freepik.com
S. 32: Albina - stock.adobe.com
S. 33: pixel-shot.com - Freepik.com/
3722517_Leopictures Pixabay
S. 34: 61733_Hans-Pixabay/1097236_pixabay
S. 35: 4755777_Reiner-Pixabay/ 7320557_Silvia-Pixabay
S. 36: 2469465_Ruslana Babenko-Pixabay
S. 37: africa-studio.com - stock.adobe.com
S. 38: JKI
S. 39: miroslavmisiura - Freepik.com
S. 40: Anna Müller f. Strube D&S GmbH/natros - stock.adobe.com
S. 41: 4138196_Aixklusiv-Pixabay
S. 42: JAMES - stock.adobe.com/ zhikun sun - stock.adobe.com
S. 43: 3478554_Mikhail Nechayev-Pixabay/
4372162_NickyPe -Pixabay
S. 44: 7323943_Katharina N. -Pixabay
S. 45: David Franklin-Pixabay
S. 46: 8192411_Nicola Giordano-Pixabay/wirestock - Freepik
S. 47: Freepik/Guadeloupe_wikimedia commons
S. 48: EyeEm - Freepik.com

