

HARTES KORN

gehend unerforscht. Dieses Wissen wäre aber wichtig, wenn die Politik rechtzeitig Leitplanken setzen soll.

GALERIEN ALS GRADMESSE

«Verdrängungsprozesse von bestimmten Bewohnerkategorien etwa», sagt Van Wezemael, «sind nur selten beabsichtigte Handlungsfolgen. Meistens entstehen sie als Nebeneffekte von Immobilienstrategien und ihren Umsetzungen.» Aber auch auf der Seite der Investoren gebe es Wissenslücken. Viele wüssten wenig darüber, wer in ihren Häusern wohnt und welche Wohnungen in zehn Jahren gefragt sein werden.

Ein solches Vorhaben braucht Unabhängigkeit, denn im Unterschied zu Beratungsleistungen oder produktbezogener Forschung haben die Ergebnisse einen kritischen Anspruch. Van Wezemaels Projekt wird denn auch durch den Forschungskredit, die Nachwuchsförderung der Universität Zürich, finanziert. Die Untersuchung dürfte kaum in universitären Regalen verstauben, denn der Forscher pflegte von Anfang an den Kontakt mit dem Bundesamt für Wohnungswesen, dem Schweizerischen Verband für Wohnungswesen und weiteren wichtigen Akteuren der Branche.

Darüber hinaus geht Joris Van Wezemael mit wachen Augen durch seine Wohngegend, den Zürcher Kreis 4, und da nutzt er ganz alltagsbezogene Indikatoren: «Wenn Galerien einziehen, ist das ein Zeichen, dass ein Gebiet hip wird.»

KONTAKT Joris E. Van Wezemael, Geographisches Institut, wezemael@geo.unizh.ch

ZUSAMMENARBEIT Betreuung durch Dr. André Odermatt, Forschungsschwerpunkt Wohnungsmarktforschung an der Abteilung für Wirtschaftsgeographie am Geographischen Institut der Universität Zürich. Die Forschungsergebnisse werden laufend in den Forschungsnetzwerken «Arbeitskreis Geographische Wohnungsmarktforschung» und «European Network for Housing Research» (ENHR) präsentiert.

FINANZIERUNG Forschungskredit der Universität Zürich

Weizen ist auf Braunrost und Mehltau anfällig. Am Institut für Pflanzenbiologie wurden Resistenzgene isoliert, die die Kulturpflanze vor den weit verbreiteten Pilzkrankheiten schützen. Von Susanne Haller-Brem

«Weizen, der gegen Pilzbefall resistent ist, wäre für unsere Breitengrade ideal», sagt Professor Beat Keller vom Institut für Pflanzenbiologie der Universität Zürich. Die molekulare Analyse von Resistenzgenen ist deshalb auch für die züchterische Arbeit interessant. Doch der Weizen mit seinen drei vollständigen Chromosomensätzen ist ein schwieriges Untersuchungsobjekt. Da ist einmal die Menge des Erbmaterials – das Weizengenom ist rund fünfmal grösser als das menschliche Genom und etwa 37-mal grösser als das Genom von Reis, der andern wichtigen Kulturpflanze.

FUSION VON WILDGRÄSERN

Probleme bereiten aber auch die vielen repetitiven Sequenzen, die für keine Proteine kodieren, sowie die Vielzahl hüpfender Gene, in der Fachsprache Transposons genannt. «Diese Forschungsarbeiten waren manchmal wie eine Wanderung im Nebel: Wir haben uns immer wieder im Genom verirrt», erzählt Beat Keller. Doch nun ist die jahrelange Arbeit von Erfolg gekrönt. Als erste hat Kellers Arbeitsgruppe zwei Gene aus Brotweizen isolieren können, von denen nur die Position auf der genetischen Karte bekannt war. Dabei handelt es sich um Resistenzgene gegen Braunrost und Weizenmehltau. Braunrost ist sowohl in der Schweiz wie auch weltweit eine der bedeutendsten Krankheiten von Weizen. Mehltau hingegen ist vor allem im feuchteren Teil von Europa ein Problem.

Weizen ist vor etwa 10000 Jahren aus der Fusion von drei Wildgräsern entstanden. In Weizen sind also drei vollständige Genome aus unterschiedlichen Arten miteinander vereinigt. Erst diese Durchmischung der Gene hat zusammen mit jahrtausendelangen züchterischen Verbesserungen zu den heute angebauten Sorten geführt. Verglichen mit den

verwandten Wildgräsern ist die genetische Vielfalt in den modernen Weizensorten aber relativ gering. Besonders für Krankheitsresistenzen ist gegen gewisse Erreger oft keine gute natürliche Resistenz im Zuchtmaterial der Pflanzen vorhanden.

Oft findet man Krankheitsresistenzen aber in Wildgräsern, die mit Weizen verwandt sind. Entsprechende Resistenzgene lassen sich zwar mit sexuellen Kreuzungen und cyto-genetischen Methoden in den Weizen einkreuzen, dabei werden aber grosse Chromosomenstücke mit einigen hundert Genen aus dem Wildgras in den Weizen übertragen. Auf diese Art wurden beispielsweise wichtige Gene gegen verschiedene Pilzkrankheiten wie Halmbruchkrankheiten, Braunrost und Mehltau in die Pflanze transferiert. Doch neben der gewünschten Krankheitsresistenz liegen auf diesen Chromosomenfragmenten auch viele Gene, die zu unerwünschten Eigenschaften führen.

Dies ist der Grund, weshalb die genetische Diversität von Resistenzgenen in Wildgräsern bisher für die Weizenzüchtung nicht in grösserem Umfang genutzt werden konnte. Die jetzt gelungene Isolation der ersten Resistenzgene sollte es in den nächsten Jahren ermöglichen, die natürliche Vielfalt besser für züchterische Zwecke zu nutzen, hofft Beat Keller. «Resistenzgene sollen aber nie nur einzeln, sondern immer als Kasette von zwei bis drei solcher Gene eingebaut werden. Sonst überwindet der Krankheitserreger die Resistenz sehr schnell», sagt der Fachmann für Molekularbiologie bei Pflanzen.

ERSTE RESISTENZGENE ISOLIERT

Nach siebenjähriger Forschungsarbeit ist es Kellers Arbeitsgruppe nun gelungen, zwei Resistenzgene gegen Braunrost und Weizenmehltau



Ein Job im Kornfeld: Am Institut für Pflanzenbiologie der Universität Zürich werden krankheitsresistente Weizensorten erforscht.

aus Brotweizen zu isolieren. Damit der Ansatz handhabbar blieb, verwendeten die Zürcher Forscher und Forscherinnen einen Weizen mit so genannt niedriger Ploidiestufe, das heisst, sie arbeiteten mit der Kulturpflanze Einkorn. Einkorn hat lediglich ein Genom, ist aber mit dem modernen Weizen nah verwandt.

So genannte BAC-Klone (BAC steht für Bacterial Artificial Chromosome) und die Bioinformatik waren wichtige Werkzeuge bei der Isolation der Resistenzgene. Bei der BAC-Methode wird das Erbmaterial mit Hilfe eines Bakteriums geklont und vermehrt. Dank der Bioinformatik blieb die riesige und komplexe Datenmenge überhaupt handhabbar. Durch Einbringen der isolierten Resistenzgene in eine anfällige Weizensorte konnte Kellers Arbeitsgruppe zeigen, dass die isolierten Gene tatsächlich Resistenz vermitteln: Die gentechnisch veränderten Weizenpflanzen erwiesen sich im Gewächshausversuch als resistent.

FREISETZUNGSVERSUCHE WICHTIG

Beat Keller forscht ohne Anwendungsanspruch, wie er betont. Doch auch wenn die erzielten Fortschritte nicht zu neuen, landwirtschaftlich genutzten Weizensorten führen sollten, findet der Wissenschaftler es wichtig, dass auch in der Schweiz Freisetzungversuche mit transgenen Weizenlinien möglich sind. Erst dadurch finde man heraus, so Keller, ob sich die Ansätze und Strategien wirklich bewähren. Der Fachmann für Molekularbiologie bei Pflanzen ist überzeugt, dass die Forschung zur Isolation von Resistenzgenen aus Getreide und Wildgräsern einen relevanten Beitrag für eine ökologischere Produktion leisten kann. Zusätzlich können resistenterer Weizensorten auch zur Ernährungssicherung der wachsenden Weltbevölkerung beitragen.

Die Ablehnung der Gentechnologie in Europa hält Keller aus wissenschaftlicher Sicht für unbegründet, denn die Risiken seien nach dem heutigen Stand der Forschung gering. «In der politischen Diskussion ist es wichtig, zwischen sinnvollen und nicht sinnvollen Anwendungen zu unterscheiden und den Nutzen der neuen Technologie gegen die Risiken abzuwägen. Auch wenn der Anbau von gentechnisch

DAS PLÖTZLICHE STERBEN DER AMMONOIDEEN

verändertem Getreide in der Schweiz noch für längere Zeit verboten bleibt, wird gentechnisch optimiertes Getreide weltweit in Zukunft eine wichtige Rolle bei der Ernährung von Mensch und Tier spielen», sagt Beat Keller.

RASANTE EVOLUTION

Ein zweiter Forschungsschwerpunkt von Kellers Team befasst sich mit Fragen der Genomevolution. Quasi als Nebenprodukt der Resistenzgenforschung entstanden, hat sich dieses Gebiet schnell zu einem neuen Schwerpunkt ausgeweitet. So hat man beispielsweise herausgefunden, dass die Genome von Gerste und Weizen, die sich vor 11 bis 14 Millionen Jahren getrennt haben, in den Regionen zwischen den Genen vollständig unterschiedlich sind. Auch in nah verwandten Arten wie Einkorn und Weizen, die sich erst vor etwa einer Million Jahren getrennt haben, sind praktisch keine Sequenzen zwischen den Genen konserviert.

Was die Konservierung von kodierenden Sequenzen betrifft, hat Kellers Team sowohl in Einkorn, Weizen und Gerste als auch in Reis eine Mosaikstruktur von konservierten und nicht konservierten Genen gefunden. Diese Arbeiten zeigen, dass die pflanzliche Genomevolution viel rascher abläuft, als bisher angenommen, und dass die molekularen Mechanismen der Genomevolution erst ansatzweise verstanden werden. Sicher ist aber, dass sich das Erbgut von Pflanzen sehr viel schneller verändert als etwa das Genom von Tieren und des Menschen.

KONTAKT Prof. Beat Keller, Institut für Pflanzenbiologie der Universität Zürich, bkeller@botinst.unizh.ch

ZUSAMMENARBEIT Prof. Jorge Dubcovsky, UC Davis, USA. Verschiedene Partner in Indien (Indo-Swiss Collaboration in Biotechnology, DEZA)

FINANZIERUNG Schweizerischer Nationalfonds, Universität Zürich, Direktion für Entwicklungszusammenarbeit (DEZA, Bern)

Das grosse Massensterben vor rund 250 Millionen Jahren löschte die Ammonoideen praktisch aus. Hugo Bucher vom Paläontologischen Institut erforscht, wie sie sich danach schnell erholten und sogar richtig aufblühten. Von Antoinette Schwab

Nie wurde soviel gestorben wie vor 253 Millionen Jahren, als das Erdaltertum endete und das Erdmittelalter begann. Das Aussterben der Dinosaurier am Ende der Kreidezeit vor rund 65 Millionen Jahren ist zwar wesentlich bekannter, doch das Massensterben an der Grenze zwischen Perm und Trias war für die Erdgeschichte weit dramatischer. Zum Vergleich: Ende der Kreidezeit gingen zusammen mit den Dinosauriern knapp 20 Prozent aller Tier- und Pflanzenfamilien und rund 50 Prozent aller Gattungen zugrunde. Den Übergang vom Erdaltertum ins Erdmittelalter hingegen schaffte nicht einmal die Hälfte aller Familien, und nur gerade 17 Prozent aller Gattungen überlebten. Vor allem die marine Welt war damals betroffen. Manche Meeresbewohner starben völlig aus. Andere wurden stark dezimiert, zum Beispiel die Ammonoideen, zu denen die Ammoniten gehören. Ihr Leben hing nach dieser Wende nur noch an einem Faden. Erstaunlicherweise ging es ihnen aber schon bald wieder besser, ja sie blühten richtig auf. Hugo Bucher, Professor für Paläozoologie an der Universität Zürich, hat es sich zur Aufgabe gemacht herauszufinden, wie sie sich so schnell erholen konnten.

NACH DER KATASTROPHE

Im Perm gab es viele verschiedene Ammonoideen, doch nur gerade zwei Gruppen überlebten die Katastrophe. Die einen starben bald gänzlich aus. Alle jüngeren Formen leiten sich also nur von einer einzigen Gruppe ab. Bald schon, in der Trias, waren sie vielfältiger als zuvor. Schneller als alle anderen marinen Organismen hatten sie sich erholt. Die Erholung erfolgte jedoch nicht gleichmässig, sondern mit manchen Rückschlägen. Bucher vermutet, dass diese Rückschläge die Erholung sogar

noch beschleunigt haben könnten. Eine der offenen Fragen ist, ob das so genannte logistische Modell, das aus der Populationsbiologie stammt, auch auf die Erholung der Ammonoideen angewendet werden kann. «Zuerst erfolgt die Zunahme langsam, dann steigt die Kurve exponentiell an und flacht dann wieder ab, bis sich ein Gleichgewicht einstellt», erklärt Hugo Bucher das Modell. Um diese Frage zu beantworten, muss er das absolute Alter der Fossilien ermitteln. Solche Altersdaten können anhand von Vulkanaschen bestimmt werden. Mit radiometrischen Methoden lässt sich das vulkanische Material beziehungsweise Zirkonkristalle, die darin eingeschlossen sind, datieren. Kürzlich hat Hugo Bucher in Südchina solche vulkanische Aschelagen mit Zirkonen gefunden, eingelagert in Schichten, die Fossilien enthalten.

KLIMA IST SCHULD

Bucher will jedoch vor allem herausfinden, welche Faktoren die Erholung steuerten, und ist überzeugt, dass es in erster Linie das Klima war, denn die Ammonoideen aus der Zeit nach dem Massensterben an der Perm/Trias-Grenze sind regional differenziert, was darauf hindeutet, dass die Umweltbedingungen geographisch sehr unterschiedlich waren. Ein warmes und gleichmässiges Klima, so seine Hypothese, führt weltweit zu wenig verschiedenen Faunen, während ein Klima mit ausgeprägten, breitenabhängigen Temperaturunterschieden voneinander abweichende Faungürtel mit grösserer Diversität hervorbringt.

Buchers Erkenntnisse sind allerdings noch mit vielen Unsicherheiten behaftet, denn die Arbeit, die er sich vorgenommen hat, gleicht einem riesigen mehrdimensionalen Puzzle, von dem er erst wenige Teile hat. «Man muss