Hubert Pausch: auf der Spur von Alleinstellungsmerkmalen Schweizer Nutztierrassen



Im Mai 2017 wurde Hubert Pausch zum Assistenzprofessor für Tiergenomik an der ETH Zürich ernannt. Zuvor forschte er an der Technischen Universität München. Seine Forschung befasst sich mit der Entwicklung und Anwendung von statistischen und bioinformatischen Methoden, um wichtige Informationen aus grossen genomischen Datensätzen für eine nachhaltige und effiziente Tierzucht zu extrahieren.

Herr Pausch, Sie wurden zum Professor für Tiergenomik ernannt. Womit beschäftigt sich Ihre Forschung? Was fasziniert Sie an diesem Forschungsgebiet?

In meiner Arbeitsgruppe erzeugen wir mit modernen Hochdurchsatz-Technologien umfangreiche genomische Daten, die wir mit statistischen Modellen auf Hochleistungsrechnern auswerten. Seit vor rund zehn Jahren die genomische Zuchtwertschätzung in vielen Nutztierpopulationen implementiert wurde, wurden weltweit mehrere Millionen Kühe und Stiere an mehreren Tausend Positionen im Genom charakterisiert. Das Ziel der Forschung meiner Gruppe ist es, diese grossen und unübersichtlichen genomischen Daten mit Phänotypen zu kombinieren, um diejenigen Nukleotide im Genom aufzuspüren und funktionell zu charakterisieren, die ursächlich für die Ausprägung wichtiger Merkmale sind. Ich gebe Ihnen ein Beispiel: Haben Sie sich schon einmal gefragt, warum manche Rinder einen weissen Kopf haben während bei anderen die Augenpartie pigmentiert ist? Wir haben die Gene identifiziert, die für die Ausprägung dieser angeborenen «Sonnenbrille» verantwortlich sind. Gerade in Regionen mit intensiver Sonneneinstrahlung kann dieser natürliche Schutzmechanismus schweren Augenerkrankungen vorbeugen. Mit ähnlichen Ansätzen haben wir Gene aufgespürt, die für viele andere Merkmale wie etwa die Körpergrösse, Milch- und Fleischleistung oder die Tiergesundheit relevant sind. Dieses Wissen hilft uns einerseits dabei, grundlegende genetische Mechanismen besser zu verstehen, die verantwortlich für die Vielfalt unserer Nutztiere sind. Andererseits trägt unsere Forschung dazu bei, die genetische Diversität in Nutztierpopulationen zu bewahren. So etablieren wir nachhaltige Zuchtprogramme und vermeiden genetisch bedingte Krankheiten.

Was sind Ihrer Meinung nach die grössten Herausforderungen in diesem Forschungsgebiet?

Unser Forschungsgebiet befindet sich in einem Spannungsfeld zwischen traditioneller Tierzucht und dem Einsatz moderner Technologien, der Genomanalyse. Einerseits wird von der modernen Nutztierforschung erwartet, dass sie funktionale Merkmale wie Fruchtbarkeit, Nutzungsdauer und Tiergesundheit stärker beachtet, um das Tierwohl zu fördern und die Nachhaltigkeit der Tierproduktion zu gewährleisten. Andererseits gilt es, leistungsfähige und standortangepasste Genetik bereitzustellen um den global wachsenden Bedarf an tierischen Produkten sicherzustellen. Mit der Genomik steht uns ein schlagkräftiges Werkzeug zur Verfügung, das – wenn es richtig und konsequent eingesetzt wird – beiden Ansprüchen gerecht wird. Die genomische Selektion

war ein erster wichtiger Schritt, um die traditionellen Zuchtmethoden zukunftsorientiert weiterzuentwickeln. Allerdings schreitet die Entwicklung neuer Technologien in der Genomanalyse rasend schnell voran. Dadurch ergeben sich immer wieder faszinierende neue Möglichkeiten, die uns helfen können, den wachsenden Bedarf an tierischen Produkten mit nachhaltigen Zuchtprogrammen sicherzustellen. Trotz des enormen Potenzials dieser Technologien, begegnet man neuen Züchtungsmethoden momentan mit sehr grosser Skepsis. Um die Akzeptanz für neue Technologien in der Bevölkerung zu erhöhen, gilt es sowohl wissenschaftlich fundierte Grundlagen zu schaffen als auch einen regelmässigen und faktenbasierten Dialog mit Stakeholdern und Verbrauchern zu pflegen.

Wie trägt Ihre Forschung dazu bei, diese Herausforderungen anzugehen?

In meiner Gruppe verwenden wir moderne Methoden der Genomanalyse, um die genetische Grundlage wichtiger Merkmale zu entschlüsseln und funktional zu validieren. Auf diese Weise versuchen wir grundlegende genetische Mechanismen aufzudecken, besser zu verstehen und für Zuchtentscheidungen zu nutzen. Unser Augenmerk liegt nicht nur auf der Verbesserung von Produktionsmerkmalen wie etwa der Milch- und Fleischleistung, sondern wir widmen uns verstärkt der Aufklärung der genetischen Architektur funktionaler Merkmale wie etwa der Tiergesundheit, Fruchtbarkeit und Langlebigkeit. Unsere Forschungsergebnisse zeigen, dass mit der Genomforschung in Nutztierpopulationen fundamentale neue wissenschaftliche Erkenntnisse erzielt werden können und wichtige Weichen für eine nachhaltige Tierzucht gestellt werden. Damit unsere Erkenntnisse möglichst schnell in bestehende Zuchtprogramme implementiert werden, pflegen wir enge Kontakte und einen regelmässigen Austausch mit Zuchtverbänden. So ist sichergestellt, dass unsere Arbeit einen Beitrag zur nachhaltigen Tierzucht leistet.

Welche Themen im Bereich Ihrer jetzigen Forschung sind für die Schweizer Landwirtschaft besonders relevant?

Die grosse Vielfalt an Nutztierrassen ist ohne Zweifel eine Bereicherung und ein Aushängeschild der Schweizer Landwirtschaft, die für zukünftige Generationen bewahrt werden muss. Allerdings erschwert diese Vielfalt die langfristige tierzüchterische Weiterentwicklung der einzelnen Populationen. Dadurch besteht die Gefahr, dass mit importierter Genetik mehr Zuchtfortschritt realisiert werden kann und die Schweizer Zuchtprogramme «abgehängt» werden. Mit unserer Forschung lokalisieren wir merkmalsrelevante Positionen im Genom, die gezielt zur züchterischen Weiterentwicklung kleiner Populationen genutzt werden können. Auf diese Weise können rassetypische Merkmale erhalten und gefördert werden, ohne dass sich unerwünschte Allelvarianten in den kleinen Populationen anhäufen und das Zuchtprogramm gefährden. Das hilft nicht nur, die Konkurrenzkraft gegenüber grösseren Populationen zu stärken, sondern trägt langfristig dazu bei, Alleinstellungsmerkmale der Schweizer Populationen aufzuspüren und zu fördern.

Wie wird Ihr Umzug in die Schweiz an die ETH Zürich Ihre Forschung und die Lehre beeinflussen?

Die ETH Zürich ist eine herausragende Hochschule, die exzellente Arbeitsbedingungen für meine Forschung bietet. Anfang des Jahres sind meine Gruppe und ich nach Eschikon gezügelt, um die neuen Räume bei Agro-Vet-Strickhof zu beziehen. Die neu etablierten Stallungen und die Forschungsinfrastruktur in Eschikon erlauben es meiner Gruppe und mir, grundlagenorientierte Nutztierforschung auf internationalem Spitzenniveau durchzuführen. In der Lehre stehen aufgrund der langen Vakanz im Bereich der Tierzucht mittelfristig grössere Anpassungen an. Das ist eine grosse Herausforderung, der ich mich gerne stelle und ich freue mich sehr auf die Möglichkeit, aktiv an der Ausrichtung des Curriculums mitzuwirken.

Was werden die Studierenden in Ihrem Unterricht lernen?

Mich faszinieren die vielfältigen Möglichkeiten und Fragestellungen, die sich aus genomischen Daten ergeben, und diese Faszination möchte ich mit den Studierenden der ETH teilen, vom ersten Semester im Bachelor bis zu spezialisierten Kursen im Master und für Doktorierende. In meinen Kursen vermittle ich einerseits quantitativ- und populationsgenetische Grundlagen sowie deren Anwendung in der modernen Tierzucht. Andererseits beleuchten wir den Nutzen und die Möglichkeiten moderner genomischer Methoden. Die Studierenden lernen in meinen Vorlesungen das Handwerkszeug, damit sie genomische Datensätze bearbeiten, auswerten und interpretieren können. Damit sind sie gerüstet für späteres wissenschaftliches Arbeiten im Bereich der genomischen Tierzucht, und sie können den Nutzen und die Auswirkungen neuer Methoden realistisch einschätzen und kritisch hinterfragen.

Interview: Deeqa Osman, ETH Zürich