

Revolution im Kartoffelanbau: Genom entschlüsselt - Große Unterschiede entdeckt!

Forschende entschlüsseln das Kartoffelgenom und decken genetische Unterschiede auf, um Züchtung zu verbessern und Krankheiten entgegenzuwirken.

Südamerika, Südamerika - Am 16. April 2025 haben Forschende der **LMU** und des Max-Planck-Instituts für Pflanzenzüchtungsforschung bahnbrechende Fortschritte in der Analyse des Kartoffelgenoms erzielt. Sie rekonstruierten die Genome von zehn historischen Kartoffelsorten, was 85 Prozent der Variabilität aller kultivierten Kartoffeln entschlüsselt. Trotz eines limitierten Genpools zeigen die Rekonstruktionen signifikante Unterschiede zwischen den einzelnen Chromosomenkopien auf, die Herausforderungen für die traditionelle Züchtung darstellen können.

Die Kartoffel, die heute ein Grundnahrungsmittel für über 1,3 Milliarden Menschen weltweit ist, hat mit marginalen Züchtungserfolgen zu kämpfen. Viele der heute verwendeten Kartoffelsorten stammen aus weit zurückliegenden Zeiten. Die komplexe genetische Struktur der Kartoffel, die aus vier Genome pro Zelle besteht, sorgt für zusätzliche Schwierigkeiten in der Züchtung. Das Team um Professor Korbinian Schneeberger entschied sich, historische Sorten zu verwenden, die bereits im 18. Jahrhundert angebaut wurden. Diese neuartige Methode, die auf aktuellen Techniken basiert, könnte die Züchtung zukünftiger Sorten unterstützen.

Fortschritte in der Genomforschung

Das untersuchte Material verdeutlicht, dass der genetic pool der Kartoffel extrem limitiert ist. Flaschenhals-Effekte, die durch den Import aus Südamerika entstanden sind, reduzierten den Genpool erheblich, vor allem durch Krankheiten wie die Knollenfäule. Diese Ergebnisse stehen im Einklang mit den Erkenntnissen eines Konsortiums aus fast 100 Wissenschaftlern, die in einem umfassenden Projekt das Kartoffelgenom fast vollständig sequenzierten. Laut **Pflanzenforschung.de** erfassten die Forschenden 86 Prozent der insgesamt 844 Millionen Basenpaare und identifizierten 39.000 proteinkodierende Gene. Durch die Kombination der Genomdaten zweier genetisch unterschiedlicher Varianten wurde das Wissen über die evolutionäre Entwicklung der Kartoffel bereichert.

Die Genomsequenzierung wurde durch klassische Sequenziermethoden und zytogenetische Analysen unterstützt. Mikroskopische Untersuchungen der Kartoffelzellen ermöglichten eine detaillierte Analyse der Chromosomen während der Zellteilung, wobei spezielle Färbemethoden halfen, geneiche und geneärmere Regionen zu unterscheiden. Diese Studien identifizierten wichtige Gene, die nicht nur die Entwicklung der Kartoffel, wie etwa die Speicherung von Stärke und die Bildung der Knolle, beeinflussen, sondern auch die Anfälligkeit gegenüber Schädlingen und Krankheiten. Die Erkenntnisse sollen dazu beitragen, die Züchtung krankheitsresistenter Kartoffelsorten zu verbessern.

Bedeutung für die Züchtung

Die Kenntnisse über die Genomsequenzen sind entscheidend für die Zukunft der Kartoffelzucht. Angesichts der Herausforderungen durch Pilz- und Bakterienbefall, die zu den größten Anbauproblemen gehören, könnte das neuartige Analyseverfahren eine wichtige Rolle spielen. Der Weg zur Verbesserung der Züchtungstechnologien könnte durch diese innovativen Ansätze geebnet werden, was für die globale Lebensmittelproduktion von enormer Bedeutung ist.

Die Ergebnisse dieser Forschungsarbeiten wurden in der renommierten Fachzeitschrift „Nature“ veröffentlicht. Sie repräsentieren nicht nur einen wichtigen Schritt in der Pflanzenforschung, sondern auch einen bedeutenden Fortschritt für die Landwirtschaft im Sinne der Ernährungssicherheit der wachsenden Weltbevölkerung.

Details	
Ort	Südamerika, Südamerika
Quellen	<ul style="list-style-type: none">• www.ots.at• www.pflanzenforschung.de

Besuchen Sie uns auf: die-nachrichten.at