

Kartoffelgenom entschlüsselt: Forscher entdecken große Unterschiede!

Forschende entschlüsseln das Kartoffelgenom und zeigen große genetische Unterschiede. Neue Züchtungsmethoden im Fokus.

Südamerika, Land - Forschende der Ludwig-Maximilians-Universität (LMU) und des Max-Planck-Instituts für Pflanzenzüchtungsforschung haben bedeutende Fortschritte bei der Entschlüsselung des europäischen Kartoffelgenoms erzielt. Am 16. April 2025 wurde bekannt, dass die Wissenschaftler die Genome von zehn historischen Kartoffelsorten rekonstruiert haben, was 85 Prozent der Variabilität aller kultivierten Kartoffeln entschlüsselt. Diese Arbeit ist besonders relevant, da die Kartoffel ein Grundnahrungsmittel für über 1,3 Milliarden Menschen weltweit darstellt.

Ein zentraler Befund dieser Forschung ist, dass der Genpool der Kartoffel limitiert ist, jedoch zwischen einzelnen Chromosomenkopien erhebliche Unterschiede bestehen. Solche Unterschiede sind bis zu zwanzigmal so groß wie die genetische Variabilität beim Menschen. Diese Vielfalt entstand vermutlich durch Vermischung mit Wildarten in Südamerika, bevor die Kartoffel nach Europa gebracht wurde. Professor Korbinian Schneeberger und sein Team nutzten für ihre Analysen historische Sorte aus dem 18. Jahrhundert, um den genetischen Flaschenhals zu beleuchten, der durch Krankheiten wie die Knollenfäule und den Import der Kartoffel aus Südamerika entstanden ist. **[ots.at]**

Neue Methoden zur Analyse von Kartoffelgenomen

Die Forschenden haben zudem eine neuartige Methode zur Analyse der circa 2.000 in der EU registrierten Kartoffelsorten entwickelt. Diese Technik könnte eine unterstützende Rolle in der Züchtung spielen, da sie dazu beitragen könnte, die Züchtung erfolgreicher und effizienter zu gestalten. Die neu entwickelten Ansätze wurden erfolgreich an der weit verbreiteten Kartoffelsorte Russet Burbank getestet. Damit könnte nicht nur die Züchtung traditionaler Sorten verbessert werden, sondern auch neue Methoden der Genommodifikation, die für zukünftige Züchtung entscheidend wären.

Das komplexe Genom der Kartoffel, das aus vier Genome pro Zelle besteht, stellt besondere Herausforderungen für die traditionelle Züchtung dar. Ein Konsortium aus nahezu 100 Wissenschaftlern und 29 internationalen Forschungseinrichtungen hat zudem das Kartoffelgenom fast vollständig sequenziert. Dabei wurden 86 Prozent der gesamten 844 Millionen Basenpaare und 39.000 proteinkodierende Gene identifiziert. Die Ergebnisse dieser umfassenden Analyse wurden im renommierten Fachjournal „Nature“ veröffentlicht [\[pflanzenforschung.de\]](https://pflanzenforschung.de).

Evolutionäre Entwicklungen und Züchtungsherausforderungen

Durch die Sequenzierung der Kartoffel konnten wichtige Gene identifiziert werden, die für die Entwicklung der Knolle und die Speicherung von Stärke entscheidend sind. Zudem wurden Gene entdeckt, die die Anfälligkeit gegenüber Schädlingen und Krankheiten, welche die größten Anbauprobleme darstellen, beeinflussen. Die Kenntnis dieser genetischen Informationen ist entscheidend für die Entwicklung resistenter Sorten und könnte die Effizienz in der Kartoffelzucht langfristig erhöhen.

Insgesamt deutet die Forschung darauf hin, dass trotz der Herausforderungen, die der begrenzte Genpool und die komplexe genetische Struktur mit sich bringen, neue

Möglichkeiten in der Kartoffelzucht ergründet werden können. Dies könnte nicht nur die Qualität, sondern auch die Widerstandsfähigkeit der Kartoffel als Nahrungsmittel für die wachsende Weltbevölkerung steigern.

Details	
Ort	Südamerika, Land
Quellen	• www.ots.at • www.pflanzenforschung.de

Besuchen Sie uns auf: die-nachrichten.at