

Pflanzen-genetik | 14. Juli 2017, 8:30 Uhr

Suche nach idealer Maispflanze

Forscher haben das Mais-Genom erneut sequenziert. Die genetische Vielfalt scheint enorm. Das Potenzial für die Züchtung steigt.

Je detaillierter ein Referenzgenom einer Nutzpflanze, desto leichter ist es für Züchter genetische Unterschiede verschiedener Linien zu erkennen. Vor diesem Hintergrund hat eine US-amerikanische Forschertruppe das Mais-Genom erneut sequenziert und ihre Ergebnisse in der Fachzeitschrift "Nature" veröffentlicht. Augenscheinlich sind die genetischen Unterschiede bei verschiedenen Maislinien enorm: "Wir haben herausgefunden, dass sich die Maislinien W22 und Ki11 mit dem Referenzgenom im Durchschnitt nur zu 35 Prozent decken," sagt die Wissenschaftlerin Doreen Ware, die an der Arbeit mitwirkte. Die Linien W22 und Ki11 sind in anderen Klimaregionen heimisch als B73, die Linie des Referenzgenoms.

Besonderes Augenmerk wollen Forscher auch auf die nicht-codierenden Abschnitte des Genoms, die sogenannten Introns, lenken. Sie könnten der Schlüssel für die enorme Anpassungsfähigkeit der Nutzpflanze sein. Für Züchter zählen in erster Linie ein dichtes Wurzelwerk, eine gute Hitze- und Trockentoleranz sowie ein idealer Keimzeitpunkt. Mit mehr Wissen, lässt sich präziser experimentieren, so die Hoffnung. (has)