

Press release

Helmholtz Zentrum München – Deutsches Forschungszentrum für Gesundheit und Umwelt Verena Schulz

07/27/2020

<http://idw-online.de/en/news751724>

Research results
Biology, Environment / ecology, Zoology / agricultural and forest sciences
transregional, national

HelmholtzZentrum münchen
Deutsches Forschungszentrum für Gesundheit und Umwelt

Warum der Mais manchmal weit vom Stamm fällt

Erstmals entschlüsselten Wissenschaftlerinnen und Wissenschaftler das europäische Mais-Genom. Im Vergleich mit nordamerikanischen Maislinien entdeckten sie Unterschiede, die möglicherweise zum Heterosis-Effekt beitragen. Ein besseres Verständnis des Effekts könnte Züchtungen mit höheren Erträgen ermöglichen. Insbesondere für den Maisanbau in Gebieten mit geringer Ernte und für künftige Herausforderungen durch den Klimawandel könnten diese Erkenntnisse wertvoll werden.

Der Mais hat eine lange Entwicklungsgeschichte hinter sich. Als die Bewohner Mexikos vor rund 10.000 Jahren anfangen, Mais zu domestizieren, schufen sie die Grundlage für eine der heute wichtigsten Nahrungsquellen für Mensch und Tier. Mit Kolumbus begab sich die Pflanze auf die Reise von Amerika nach Europa. So wie der Mensch wanderte, passte sich auch der Mais über Züchtungen neuen Wuchs- und Klimabedingungen rund um den Globus an.

Aufgrund der historischen Vermischungen unterscheiden sich heutige Maislinien nicht nur äußerlich, auch ihr Erbgut ist divers. Im Jahr 2009 wurde das erste Mais-Genom der nordamerikanischen Linie „B73“ entschlüsselt. Diese Referenzsequenz erfasst jedoch nur einen kleinen Teil des weltweiten Mais-Genoms (Pan-Genom) und kann nur beschränkt als Vergleichspunkt für europäische Linien genutzt werden. Um die Maiszüchtung zu verbessern und an den Klimawandel anzupassen, ist Grundlagenforschung am Genom weiterer Maislinien notwendig.

Europäisches Mais-Genom erstmals entschlüsselt

Nun gelang es Wissenschaftlerinnen und Wissenschaftlern erstmals, das europäische Mais-Genom zu entschlüsseln. Dazu analysierten sie vier verschiedene europäische Maislinien mithilfe moderner Sequenzierungstechnologien und Ansätzen aus der Bioinformatik. Die Ergebnisse verglichen sie mit zwei Linien aus Nordamerika. Die Forscherinnen und Forscher fanden ausgeprägte Unterschiede in Gengehalt und in der Genomstruktur dieser Linien – und dies nach nur einigen hundert bis tausend Jahren der Trennung.

Auch sogenannte „Knob“-Regionen (kondensierte Chromatin-Bereiche in der Mais-DNA) unterscheiden sich in den Maislinien stark. Knob-Regionen haben Auswirkungen auf benachbarte Gene. Dort, wo Knobs stärker ausgeprägt sind, werden umliegende Gene nicht abgelesen. Dadurch verlieren die Gene ihre Funktion.

Mögliche Ursache für Heterosis

„Wir gehen davon aus, dass die Unterschiede im Gengehalt und in der Regulation einzelner Gene sowie der Einfluss der Knob-Regionen Ursachen für den Heterosis-Effekt sein könnten“, sagt Prof. Klaus Mayer vom Helmholtz Zentrum München, der zudem Honorarprofessor der TUM School of Life Sciences der Technischen Universität München ist.

Von Heterosis spricht man, wenn die Nachkommen aus Kreuzungen deutlich größer sind und höhere Erträge abwerfen als die Eltern. Das Prinzip dahinter: Sind die Gene der Elterngeneration, die zum Beispiel für die Größe der Maispflanze

verantwortlich sind, in einzelnen Regionen nicht vorhanden oder können nicht abgelesen werden, würde dies die Wuchshöhe der Nachkommen beeinflussen. Durch Kreuzung mit einer Linie, bei der dieses Defizit nicht vorliegt, kann dies in der Folgegeneration kompensiert werden. „Dadurch entstehen größere Pflanzen mit höheren Erträgen, ohne dass die Eltern diese Merkmale besitzen. Dieser Effekt kann in manchen Kreuzungen den doppelten Ertrag hervorbringen. Obwohl in der Züchtung seit langem genutzt, sind die genetischen und molekularen Grundlagen der Heterosis noch nicht vollständig geklärt“, sagt Prof. Chris-Carolin Schön, Leiterin des Lehrstuhls für Pflanzenzüchtung an der TUM.

„Im nächsten Schritt werden wir unsere Annahme, dass ein Zusammenhang zwischen den Unterschieden im Gengehalt, den Knob-Regionen und der Heterosis im Mais besteht, genauer erforschen. Dazu werden wir nicht nur das Erbgut der Maislinien betrachten, sondern die Augen auch für mögliche epigenetische Prozesse, die die Funktionalität der Gene beeinflussen, offenhalten“, ergänzt Klaus Mayer.

Bestätigt sich die Annahme, könnte der Heterosis-Effekt künftig noch gezielter in der Maiszüchtung zur Anwendung kommen. Dann könnten beispielsweise Gebiete mit niedrigen Erträgen von Heterosis profitieren. Auch in Hinblick auf eine wachsende Weltbevölkerung und den Klimawandel, der die Landwirtschaft vor erschwerte Bedingungen stellt, könnten diese Erkenntnisse von Bedeutung werden.

Über die Studie

Die Studie wurde unter Leitung des Helmholtz Zentrums München, Abteilung Genomik und Systembiologie pflanzlicher Genome, durchgeführt. Sie entstand in Zusammenarbeit mit der TUM School of Life Sciences, dem Leibniz-Institut für Pflanzengenetik und Kulturpflanzenforschung (IPK), der Universität Bonn und der KWS SAAT SE. Finanziert wurde die Studie durch Fördergelder des Bundesministeriums für Bildung und Forschung (BMBF) und durch das Bayerische Staatsministerium für Umwelt und Verbraucherschutz (Projektverbund BayKlimaFit).

Helmholtz Zentrum München

Das Helmholtz Zentrum München verfolgt als Forschungszentrum die Mission, personalisierte medizinische Lösungen zur Prävention und Therapie von umweltbedingten Krankheiten für eine gesündere Gesellschaft in einer sich schnell verändernden Welt zu entwickeln. Der Hauptsitz des Zentrums liegt in Neuherberg im Norden Münchens. Das Helmholtz Zentrum München beschäftigt rund 2.500 Mitarbeitende und ist Mitglied der Helmholtz-Gemeinschaft, der größten Wissenschaftsorganisation Deutschlands mit mehr als 40.000 Mitarbeitenden in 19 Forschungszentren.

contact for scientific information:

Prof. Dr. Klaus F. X. Mayer
Helmholtz Zentrum München
Research Unit Plant Genome and Systems Biology
k.mayer@helmholtz-muenchen.de

Original publication:

Haberer et al., 2020: European maize genomes highlights intra-species dynamics of repeats and genes. Nature Genetics, DOI: 10.1038/s41588-020-0671-9