

Europäischer Mais zeigt die verborgenen Unterschiede innerhalb einer Art

Gatersleben, 27.07.2020 Mais ist eines unserer wichtigsten Grundnahrungsmittel. Er wird weltweit angebaut und weist ein breites Spektrum genetischer Anpassungen an unterschiedliche Umweltbedingungen auf. Die bisher am besten erforschte Maislinie ist die amerikanische Zahnmaislinie B73. Wissenschaftler haben nun aber das Wissen über das Maisgenom durch die Analyse von vier europäischen Hartmaislinien erweitert. Die dabei gefundenen genetischen Unterschiede zwischen den Linien veranschaulichen, wie wichtig es ist, das Pangenom einer Kulturpflanze zu betrachten, wenn man mit ihrer Genetik arbeitet.

Mais (*Zea mays ssp. mays*) wurde ursprünglich vor mehr als 10.000 Jahren von den Ureinwohnern Amerikas domestiziert. Heute wird Amerikas „Lieblingsgetreide“ auf der ganzen Welt angebaut und auf unterschiedliche Weise verwendet - von Tierfutter bis hin zu Biotreibstoff. Mais hat sich an verschiedene Klimazonen und Bedingungen auf der ganzen Welt anpassen können, was darauf hinweist, dass die genetische Variabilität zwischen den Linien groß sein muss. Und wenn man bedenkt, dass Mais auch zu den Pflanzen gehört, die sich sowohl durch Selbstbefruchtung als auch durch Fremdbestäubung vermehren können, so wird deutlich, dass die Sequenzierung des Genoms nur einer Maislinie unzureichend ist, wenn man versucht, die Genetik von Mais vollständig zu verstehen. Stattdessen zielen die Forscher bei genetisch vielfältigen Nutzpflanzen darauf ab, das Pangenom der Art - die gesamte Sequenz aller Linien einer Art - zu bestimmen.

Wissenschaftlerinnen und Wissenschaftler mehrerer Pflanzenzüchtungs- und Forschungseinrichtungen aus ganz Deutschland haben diese Herausforderung beim Mais kürzlich angenommen und ihren Beitrag zum Maispangenom jetzt in der Zeitschrift „Nature Genetics“ veröffentlicht.

Zahn- und Hartmais sind die beiden Maistypen mit der größten kommerziellen Bedeutung. Daher ist es nicht überraschend, dass die vollständige Genomsequenz der Zahnmaislinie B73 als Referenz für Maiszüchtung und -forschung etabliert wurde. In ihrem jüngsten Projekt konzentrierten sich die Forscher um Dr. Klaus Haberer vom Helmholtz-Zentrum in München jedoch auf die Untersuchung von vier europäischen Hartmaislinien. „Während es sich bei der Linie B73 um eine qualitativ hochwertige Referenzsequenz handelt, wurde zwischen den verschiedenen Maistypen eine sehr hohe Diversität auf der Sequenzebene festgestellt. Dies deutet darauf hin, dass die Sequenz der Linie B73 nur einen Teil des Mais-Pangenoms erfasst“, sagte Dr. Haberer.

Im Rahmen ihrer Forschung nutzten die Wissenschaftler einen komplementären Ansatz, der moderne Sequenzierungstechniken und Bioinformatik mit zytogenetischen Technologien kombinierte. Während die Sequenzierungstechniken den Hauptteil der Informationen über die Maisgenome lieferten, erleichterten zytogenetische Methoden wie FISH (Fluoreszenz-in-situ-Hybridisierung) es den Forschern, die sequenzierten Genome auf chromosomaler Ebene auf Fehlinterpretationen zu testen. Noch wichtiger war jedoch, dass



Wissenschaftlicher Kontakt
Prof. Dr. Andreas Houben
Tel.: +49 39482 5-486
houben@ipk-gatersleben.de

Medienkontakt
Christian Schafmeister
Tel.: +49 39482 5-461
schafmeister@ipk-gatersleben.de

sie es den Wissenschaftlern ermöglichten, Unterschiede zwischen den Maislinien durch das Mikroskop zu erkennen.

Prof. Dr. Andreas Houben, der die zytogenetischen Tests am Leibniz-Institut für Pflanzengenetik und Kulturpflanzenforschung (IPK) in Gatersleben leitete, erklärte: „Hart- und Zahnmais weisen auf der Genebene eine hohe Ähnlichkeit auf. Beide Sortentypen haben jedoch eine große Anzahl nicht-kodierender Sequenzen, die zwischen verschiedenen Linien variieren. Diese Unterschiede konnten wir auf der chromosomalen Ebene nachweisen.“

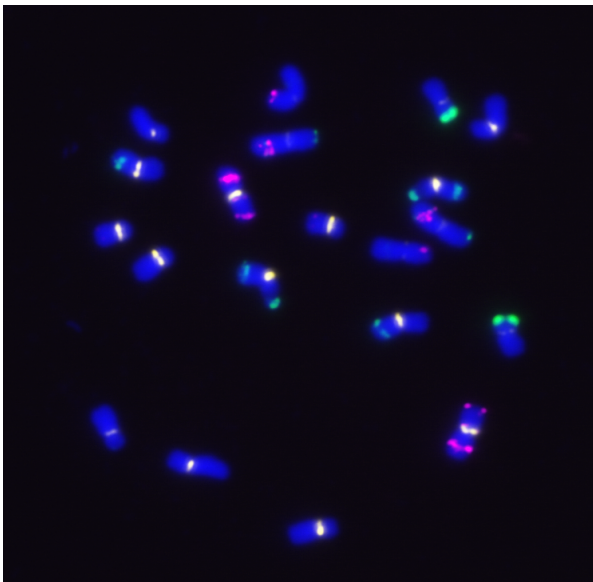
Die Untersuchung der Hartmais-Linien ist eine wichtige Ergänzung des aktuellen Mais-Pangenoms. Und was vielleicht noch wichtiger ist, die Ergebnisse zeigen, dass zwar die Gesamterhaltung des Genanteils innerhalb einer Art hoch sein mag, dass aber Unterschiede in der nicht-kodierenden Genomfraktion bestehen. Und diese kleinen Unterschiede helfen uns, die Maisbiologie wirklich zu verstehen und zu nutzen.

Originalpublikation: Haberer *et al.* (2020), European maize genomes highlights intra-species dynamics of repeats and genes. *Nature Genetics*.

DOI: 10.1038/s41588-020-0671-9

Abbildungen (zur freien Verwendung):

<https://ipk-cloud.ipk-gatersleben.de/s/s9JqQRPEofxy4NK>



Mais Metaphase-
Chromosomen nach
Fluoreszenz-*in-situ*-
Hybridisierung (FISH) mit
Sonden, welche
unterschiedliche Repeat-
Sequenzen (in violett, grün und
gelb) sichtbar machen.
Foto: A. Ruban,
A. Houben/ IPK, Gatersleben