LZ-Rheinland

Artikel vom 25.03.2024 · Ausgedruckt am 20.11.2026, 23:31 Uhr

Online: https://lz-rheinland-staging.p-k3txh2.project.space/nachricht/genomsequenz-der-schattenmorelle-entschluesselt

Genomsequenz der Schattenmorelle entschlüsselt



Die Steppenkirsche, hier als blühender Strauch, ist nachweislich ein Elternteil der heutigen Sauerkirschen.
Foto: T. Wöhner/JKI

Sauerkirschen (*Prunus cerasus L.*) haben ein sehr großes (tetraploides) Genom. Das liegt daran, dass sich im Verlauf der Evolution, also auf dem Weg von den wilden Vorfahren zu den heutigen Sorten, die Genome der Elternteile kombiniert haben. Die schiere Größe und Komplexität des Genoms erschwerte bislang die Entschlüsselung der kompletten Gensequenz bestimmter Sorten. Einer Forschungsgruppe des Julius Kühn-Instituts (JKI) in Dresden, der Universität Greifswald und der niederländischen Firma KeyGene ist dies nun für die Sorte „Schattenmorelle“ gelungen. In der Fachzeitschrift „Frontiers in Plant Science“ (DOI: https://doi.org/10.3389/fpls.2023.1284478) beschreiben die Forschenden, wie sie mittels einer neuartigen Technologie, mit der lange DNA-Sequenzen erzeugt werden können, sowie Bioinformatik-Kniffen die Bausteine des sehr großen Erbguts entschlüsselt haben. Mit der Genomsequenz der Schattenmorelle liegen nun alle wichtigen genetischen Daten vor, um Rückschlüsse auf die Entstehung der Sauerkirschen

zu ziehen.

„Sauerkirschen sind in den Regionen des Kaspischen und Schwarzen Meeres durch die natürliche Kreuzung der zwei Elternarten Steppenkirsche *(Prunus fruticosa Pall.)* und Süßkirsche (*P. avium L.*) entstanden“, berichtet Dr. Thomas Wöhner vom JKI in Dresden-Pillnitz. Der genaue Zeitpunkt und Ort dieser „spontanen Paarung“ sowie die Auswirkungen auf die Genomstruktur seien bislang noch nicht vollständig geklärt. „Fest steht jedoch, dass sich die beiden Elternarten zunächst getrennt voneinander entwickelt haben. Dann muss es in Gebieten, in denen sie gleichzeitig vorkamen, zufällig zu Hybridisierungen gekommen sein, aus denen schließlich die heutigen Sauerkirschen hervorgingen“, erklärt der Züchtungsforscher. Wie die entschlüsselte Genomsequenz der Schattenmorelle nun bestätigt, besteht das Genom der Sauerkirsche folglich aus zwei Teilen. Eine Hälfte der Chromosomen stammt von der Süßkirsche und die andere von der Steppenkirsche.

Genomentschlüsselung unterstützt Züchtung widerstandsfähiger Sauerkirschsorten

Noch vor der Schattenmorelle war zunächst das Genom des Elternteils Steppenkirsche sequenziert worden (https://doi.org/10.1016/j.ygeno.2021.11.002). „Das war hilfreich, um die Gene der Steppenkirsche und der Süßkirsche im Genom der Sauerkirsche zuordnen zu können und so die evolutive Entwicklung der Sauerkirsche besser zu verstehen“, erklärt Dr. Wöhner, der am Fachinstitut für Züchtungsforschung an Obst des JKI forscht. Dieses Wissen ermöglicht nun auch bessere Vorhersagen über positive oder negative Eigenschaften zu treffen, die für die Züchtung neuer Sauerkirschensorten relevant sind. Laut den Autoren hilft die Entschlüsselung des Schattenmorellen-Erbguts letztlich dabei, das beliebte Obst künftig robuster gegenüber Krankheiten und fit für den Klimawandel zu machen.

Quelle: Julius Kühn-Institut (JKI), Bundesforschungsinstitut für Kulturpflanzen