

## Bioökonomie International 2017: TEOSINTE - Umfangreiche Sequenzierung und vergleichende Genomik einer Vielzahl von Teosinte-Akzessionen mit dem Ziel, Wissen zu generieren, um die Maiszucht insbesondere im Hinblick auf den Klimawandel zu unterstützen.

Laufzeit: 01.07.2020 - 30.09.2024 Förderkennzeichen: 031B0921

Koordinator: Forschungszentrum Jülich GmbH - Institut für Bio- und Geowissenschaften (IBG) - Pflanzenwissenschaften (IBG-2)

Wilde Verwandte von Agrarpflanzen stellen wichtige Quellen genetischer Variation dar, die für Züchtungsprogramme eine große Hilfe sein können, insbesondere hinsichtlich der Anpassung an extreme Umweltbedingungen. Solche wilde Verwandte von Mais sind Teosintes, die in Mexiko eine breite ökogeographische Verteilung haben und extreme Niederschlags- und Temperatur-Bereiche abdecken. Im Rahmen von Voruntersuchungen führten unser mexikanische Partner eine umfangreiche Teosinte-Probenahme durch, darunter ca. 4000 Individuen von 276 Populationen aller in Mexiko verteilten Teosinte-Arten und Subspezies. Diese Proben wurden in einem Feldversuch phänotypisiert, und Genotypisiert durch Sequenzierung (GBS), wodurch circa 60.000 Einzelnukleotid-Polymorphismen (SNPs) identifiziert werden konnten. Weiterhin wurden ökogeographische Analysen durchgeführt. Dieser Datensatz umfasst die wahrscheinlich umfassendste Teosinte-Probenahme, die bisher Genomdaten auf Populationsebene lieferte. Teosinte-Genome haben sich jedoch als unglaublich vielfältig und komplex erwiesen, und im Verlauf der Domestizierung umfassten die Unterschiede zwischen Mais und seinen Teosinte Vorfahren nicht nur die Umverteilung der Allel-Frequenzen sondern auch Genom-Restrukturierung und Änderungen der Gen-Expression. Um die mit der Anpassung von Teosinte an verschiedene Habitats und deren Umweltbedingungen verbundenen Variationen vollständig zu erforschen, sind daher neue Ansätze erforderlich. Hier wollen wir die genetischen Varianten identifizieren, die der Anpassung der Teosinte Populationen an unterschiedliche Umweltbedingungen zugrunde liegen, besonders im Kontext der mit Domestikation verbundenen genomischen Veränderungen. Insbesondere werden zwölf repräsentative Kandidaten ausgewählt und einer Genom- und Transkriptom-Sequenzierung zugeführt. Die Resultate dieses Projekts werden es ermöglichen neue Mais-Varianten zu züchten, die den Herausforderungen des Klimawandels gewachsen sind.

Quelle: Bundesministerium für Bildung und Forschung (BMBF)

Redaktion: DLR Projektträger

Länder / Organisationen: Mexiko

Themen: Förderung, Lebenswissenschaften

[Zurück](#)

---