

16.04.2025 – 17:00 Uhr

## Europäisches Kartoffelgenom entschlüsselt: Kleiner Genpool mit großen Unterschieden

München (ots) -

- Forschende der LMU und des Max-Planck-Instituts (MPI) für Pflanzenzüchtungsforschung haben die Genome von zehn historischen Kartoffelsorten rekonstruiert und zeigen, dass damit 85 Prozent der Variabilität aller kultivierten Kartoffeln entschlüsselt sind.
- Zwar ist der Genpool insgesamt limitiert, aber zwischen einzelnen Chromosomen-Kopien zeigten sich enorme Unterschiede – größer als je zuvor bei Kulturpflanzen beobachtet.
- Eine neue Methode erleichtert zukünftig die Analyse des Genoms weiterer Sorten und könnte langfristig auch die Züchtung unterstützen.

Die Kartoffel ist Grundnahrungsmittel für mehr als 1,3 Milliarden Menschen. Aber trotz dieser immensen Bedeutung für die weltweite Ernährungssicherheit sind die Erfolge der Züchtung marginal. Einige der am meisten verwendeten Kartoffeln wurden schon vor vielen Jahren gezüchtet. Der Grund für den ausbleibenden züchterischen Erfolg ist das komplexe Genom der Kartoffel. In jeder Zelle sind vier Genome anstatt nur zwei. Das stellt die traditionelle kreuzungs-basierte Züchtung vor erhebliche Herausforderungen. Einem Team um Professor Korbinian Schneeberger, Leiter der Forschungsgruppe "Genome Plasticity and Computational Genetics" an der Ludwig-Maximilians-Universität München (LMU) und dem MPI für Pflanzenzüchtungsforschung, ist nun ein wichtiger Fortschritt gelungen: Wie die Forschenden im renommierten Fachmagazin *Nature* berichten, konnten sie das Genom von zehn historischen Kartoffelsorten rekonstruieren und benutzt diesses Wissen, um weitere Kartoffelgenome bedeutend einfacher und schneller rekonstruieren zu können.

Zusammen mit Forschenden der Universität Wageningen, des Leibniz-Instituts für Pflanzengenetik und Kulturpflanzenforschung (IPK) in Groß Lüsewitz und der Xi'an Jiaotong University in China, die ebenfalls an der Studie beteiligt waren, wählte das Team historische Sorten aus, die unter anderem schon im 18. Jahrhundert angebaut wurden. "Da diese Kartoffeln aus der Zeit stammen, in der die europäischen Züchtungsprogramme begannen, wollten wir verstehen, wieviel Vielfalt in diesen Kartoffeln vorhanden war, um so zu verstehen, wie hoch das genetische Potenzial unserer Kartoffeln ist", sagt Schneeberger. Die Ergebnisse zeigten: nicht sehr hoch. Der genetische Pool der Kartoffel ist extrem limitiert: Die zehn untersuchten Kartoffeln decken bereits 85 Prozent der genetischen Variabilität aller modernen europäischen Kartoffeln ab.

### Flaschenhals-Effekte nach dem Import aus Südamerika

Die Forschenden erklären diesen Befund mit Flaschenhals-Effekten: Von den ohnehin wenigen ab dem 16. Jahrhundert aus Südamerika importierten Kartoffellinien waren die meisten den europäischen Bedingungen nicht gewachsen. Den dadurch reduzierten Genpool machten Krankheiten dann noch kleiner. Das berühmteste Beispiel ist die Knollenfäule, die in den 1840er-Jahren in Irland, aber auch im Rest von Europa zu einem fast kompletten Ernteausfall und katastrophalen Hungersnöten führte.

Gleichzeitig zeigte die Studie zur Überraschung der Forschenden, dass die Unterschiede zwischen einzelnen Chromosomen-Kopien enorm sein können. "Weil der Genpool so limitiert ist, gibt es zwar nicht viele unterschiedliche Chromosomen, aber wenn die Chromosomen unterschiedlich sind, dann in einem Ausmaß, wie wir es bei domestizierten Pflanzen noch nie gesehen haben", sagt Schneeberger. "Die Unterschiede entsprechen etwa dem Zwanzigfachen dessen, was wir beim Menschen sehen." Entstanden sind diese Unterschiede vermutlich schon vor der Ankunft der Kartoffel in Europa durch die Vermischung mit Wildarten in Südamerika durch die indigenen Völker, die schon vor 10.000 Jahren die Kartoffeln domestiziert haben.

Zuletzt entwickelten die Forschenden einen neuartigen Ansatz, mit dem zukünftig die Genome der circa 2.000 bei der Europäischen Union registrierten Kartoffeln analysiert werden können. Statt aufwendig die Daten zu generieren, die man braucht, um ein Genom zu rekonstruieren, werden einfach zu generierende Daten mit den nun bekannten Genomen verglichen, um festzustellen, welche der bekannten Chromosomen in einer Sorte vorhanden sind. Dass das funktioniert, bewiesen die Forschenden beispielhaft an der Kartoffelsorte Russet Burbank, die seit 1908 existiert und bis heute die Standardsorte für die Herstellung von Pommes frites ist. "Das Wissen über

Genomsequenzen ist die Grundlage für viele Ansätze in der Züchtung, angefangen in der traditionellen Züchtung bis hin zu den neuen Methoden der Genommodifikation", sagt Schneeberger. "In Zukunft werden wir nicht mehr ohne diese Information arbeiten müssen."

**Publikation:**

H. Sun, S. Tusso et al.: **The phased pan-genome of tetraploid European potato.** Nature 2025

<https://www.nature.com/articles/s41586-025-08843-0>

**Kontakt:**

Prof. Dr. Korbinian Schneeberger

Ludwig-Maximilians-Universität München (LMU)

Institut für Genetik

E-Mail: [k.schneeberger@lmu.de](mailto:k.schneeberger@lmu.de)

**Pressekontakt:**

Claudia Russo  
Leitung Kommunikation & Presse  
Ludwig-Maximilians-Universität München  
Leopoldstr. 3  
80802 München

Phone: +49 (0) 89 2180-3423

E-Mail: [presse@lmu.de](mailto:presse@lmu.de)

Diese Meldung kann unter <https://www.presseportal.ch/de/pm/100057148/100930629> abgerufen werden.