

BGI-geführte Genomforschung an Ackerhirse bietet neue Erkenntnisse für die Produktion von Hohertrags-Sorten

SHENZHEN, CHINA, October 8, 2022 /EINPresswire.com/ -- Forscher von BGI-Research und der Chinesischen Akademie der Wissenschaften haben erstmals nachgewiesen, dass die genetische Ausstattung der Pflanze - ihr Genotyp - die phänotypischen bzw. umweltbedingten Auswirkungen der wurzelassoziierten Mikrobiota bei Kolbenhirse bestimmt. Diese Informationen werden es den Forschern ermöglichen, den Ertrag und die Qualität der Pflanze zu verbessern.



Setaria italica

Kolbenhirse (*Setaria italica*) ist eine wichtige regionale Kulturpflanze in trockenen und halbtrockenen Gebieten der Welt. Es handelt sich um eine wichtige Getreideart, die gegen Trockenheit resistent ist, eine hohe Effizienz bei der Wassernutzung aufweist und dennoch eine hohe Ertragsstabilität hat und weniger chemische Düngemittel und Pestizide benötigt. Diese Eigenschaften haben dazu geführt, dass Hirse zu einer wichtigen strategischen Reservepflanze geworden ist und für die Ernährung der wachsenden Weltbevölkerung dringend benötigt wird.

China ist ein großer Hirseproduzent, und die Bedeutung der Hirse hat das BGI dazu veranlasst, seit 2009 Ackerhirse zu untersuchen. Die Sequenzierung des Hirsegenoms, die Entwicklung molekularer Marker, die Erstellung genetischer Karten und die Lokalisierung wichtiger agronomischer Merkmale haben zur Züchtung einer Reihe von herbizidresistenten Sorten geführt. Trotz genomweiter Assoziationsstudien hatten die Wissenschaftler jedoch nicht den entscheidenden Genort gefunden, der das Pflanzenwachstum oder den Ertrag von Hirse bestimmt, was eine Verbesserung von Ertrag und Qualität durch Gentechnik ermöglichen würde.

Die neueste Studie, die heute in [Nature Communications](#) veröffentlicht wurde, "GWAS, MWAS und mGWAS bieten Einblicke in die Präzisionslandwirtschaft auf der Grundlage von

genotypabhängigen mikrobiellen Effekten bei Kolbenhirse", löst dieses Rätsel durch die Untersuchung der genomischen Variationen, der Phänotypen und der rhizoplanen (äußeren Wurzeloberfläche) Mikrobiota von 827 Kolbenhirse-Sorten unter Verwendung einer integrierten Genomweiten Assoziationsstudie, Mikrobiomweiten Assoziationsstudie und Mikrobiom-Genomweiten Assoziationsstudie.

Wichtig ist, dass die Studie ergab, dass Wurzelmikroben agronomische Phänotypen in einer vom Wirtsgenotyp abhängigen Weise beeinflussen. Durch die Regulierung der mikrobiellen Zusammensetzung in Abhängigkeit vom Pflanzengenotyp können die Anpassungsfähigkeit und das Wachstum der Pflanzen an die Umwelt verbessert werden. Diese Entdeckung wird sich auf die Optimierung der Landwirtschaft auswirken, und die Forscher schlagen vor, dass eine "personalisierte Fütterungsstrategie" mit mikrobiellen Präzisions-Biodüngern ein Schlüssel zur Entwicklung ertragreicher Sorten in der Zukunft sein wird.

"Durch die Erforschung der Interaktion zwischen Pflanzengenotypen und Wurzelmikroorganismen wollen wir den Ertrag und die Qualität des Ackerfuchsschwanzes verbessern. Dazu müssen wir die Präzisionszüchtung auf DNA-Ebene mit mikrobiellem ökologischem Dünger, Wasser, Ganzfeldmanagement, Präzisionsaat und anderen modernen Anbautechnologien kombinieren", so Dr. Wang Yayu von BGI-Research und Mitautor der Studie.

Richard Li
BGI Group
[email us here](#)

This press release can be viewed online at: <https://www.einpresswire.com/article/594852753>

EIN Presswire's priority is source transparency. We do not allow opaque clients, and our editors try to be careful about weeding out false and misleading content. As a user, if you see something we have missed, please do bring it to our attention. Your help is welcome. EIN Presswire, Everyone's Internet News Presswire™, tries to define some of the boundaries that are reasonable in today's world. Please see our Editorial Guidelines for more information.

© 1995-2022 Newsmatics Inc. All Right Reserved.