LIFE Science Hub
JOURNAL OF SCIENCE
EXPANDING KNOWLEDGE ABOUT NUTRITION AND HEALTH

ORIGINAL RESEARCH

Domestizierung von Sorghum und genomische Selektion der Biosynthese von Speicherstärke

M. Moscati[1]

1 Italy

1. ABSTRACT

Die analysierte Studie untersuchte, wie die Domestizierung die Gene verändert hat, die an der Produktion von Speicherstärke bei Sorghum, einer Getreidekultur, beteiligt sind. Mithilfe von Genomsequenzierungsdaten und Analysen der genetischen Vielfalt verglichen die Autoren traditionelle Kulturpflanzensorten mit wilden oder unkrautartigen Linien. Viele Gene des Hauptwegs der Stärkesynthese zeigten eine geringere genetische Variabilität bei den kultivierten Sorten, ein Signal, das mit den Selektionsdrücken während der Domestizierung vereinbar ist.Im Abschnitt „Die Wahl zu leben in Gesundheit oder Krankheit“ von Dr. A. Colonnese und R. Panzironi trägt die Publikation zu der Darstellung bei, dass die wichtigsten landwirtschaftlichen Nutzpflanzen eine ernährungsphysiologische Rolle spielen, die eng mit ihrem Stärkegehalt verknüpft ist. Unabhängige Studien zu Mais, Sorghum und Reis bestätigen, dass Gene des Stärkestoffwechselwegs Selektionssignale aufweisen können, die mit der Domestizierung assoziiert sind. Die Belege zeigen jedoch nicht, dass die Selektion die Stärkemenge immer direkt erhöht hat, noch dass diese Erklärung für jede Kulturpflanze identisch gilt. Die Bestätigung ist daher indirekt und betrifft vor allem die Beziehung zwischen Domestizierung, Getreide und Stärkegenen.

ONLINE ARTICLE

ARTICLE INFORMATION

Published: November 10, 2026
Updated: November 11, 2026

DOI 10.5281/zenodo.24140653

MISSION

LIFE Science Hub – Journal of Science entstand mit dem Ziel, wissenschaftliches Wissen zugänglich zu machen, ohne auf methodische Strenge, Qualität der Quellen und Verlässlichkeit der Inhalte zu verzichten. Die Zeitschrift fördert die Verbreitung von Wissen in den Gesundheits-, Ernährungs-, Medizin- und Langlebigkeitswissenschaften und schlägt so eine Brücke zwischen der Welt der Forschung und der Gesellschaft.

Durch Artikel, Übersichtsarbeiten, vertiefende Beiträge und Expertenbeiträge stärkt das Journal die evidenzbasierte Medizin und Wissenschaft, fördert eine korrekte Interpretation wissenschaftlicher Daten und tritt Fehlinformationen entgegen. Jeder Inhalt wird mit dem Ziel entwickelt, die Komplexität der Forschung in verständliche, nützliche und anwendbare Informationen zu übersetzen, wobei die Grundsätze von Genauigkeit, Transparenz und wissenschaftlicher Unabhängigkeit unangetastet bleiben.

Frei von politischen, industriellen und kommerziellen Einflüssen versteht sich die Zeitschrift als maßgeblicher und unabhängiger redaktioneller Raum, der der Förderung der wissenschaftlichen Kultur, der beruflichen Weiterbildung und dem Wachstum des Gesundheitsbewusstseins in der Bevölkerung gewidmet ist.

2. ANALYSIERTE STUDIE

Die Forschungsfrage lautete, ob die Domestizierung von Sorghum erkennbare Spuren in den Genen hinterlassen hat, die es dem Korn ermöglichen, Stärke zu produzieren und zu speichern. Die Hypothese war, dass kultivierte Sorten im Vergleich zu wilden oder als Unkraut wachsenden Verwandten selektiven Druck an spezifischen Punkten des Stärkestoffwechselwegs erfahren haben.Der Bezug zum Abschnitt im Buch betrifft eine präzise Passage: Stärke ist nicht nur ein Bestandteil des Korns, sondern ein zentrales Speicherprodukt bei Getreide und ein biologisches Merkmal, das für die Geschichte seines Anbaus von Bedeutung ist. Die Studie misst nicht den menschlichen Getreidekonsum, vergleicht nicht den Protein- oder Mineralstoffgehalt der Lebensmittel und beweist nicht, dass die Erhöhung des Stärkegehalts das einzige Ziel der landwirtschaftlichen Selektion war. Sie dokumentiert stattdessen genetische Signale, die mit einer Selektion in einem Netzwerk von Genen vereinbar sind, die an der Stärkesynthese bei Sorghum beteiligt sind.

3. MATERIALIEN UND METHODEN DER ORIGINALSTUDIE

Die Autoren analysierten 114 Gene, die als am Stoffwechsel und der Synthese von Stärke in Sorghum beteiligt identifiziert wurden. Der Hauptvergleich betraf Akzessionen, die als *Landraces*, also traditionelle Kulturpflanzensorten, klassifiziert wurden, sowie wilde oder als Unkraut geltende Genotypen. Die genaue Anzahl der zu jeder Gruppe gehörenden Akzessionen ist im verfügbaren Material nicht angegeben, da die entsprechende ergänzende Tabelle nicht im bereitgestellten Text enthalten ist.Die Genome wurden mittels Next-Generation-Sequencing untersucht, mit einer effektiven durchschnittlichen Lesetiefe von etwa 22-fach pro Linie, variierend zwischen 16- und 45-fach. Die Autoren analysierten zudem die Genexpression im unreifen Korn, das 16 Tage nach der Blüte geerntet wurde, mittels RNA-seq (ein Verfahren, das misst, welche Gene in RNA transkribiert werden).Um die Selektion zu bewerten, berechneten sie die Nukleotiddiversität, also das Ausmaß, in dem sich DNA-Sequenzen zwischen Individuen unterscheiden; den FST-Wert, einen Index für die genetische Differenzierung zwischen Populationen; den Tajima-D-Test, der das beobachtete Variationsmuster mit dem bei Abwesenheit von Selektion erwarteten Muster vergleicht; sowie das Ka/Ks-Verhältnis, das Mutationen, die ein Protein verändern können, mit Mutationen vergleicht, die dessen Sequenz nicht verändern. Ein Ka/Ks-Verhältnis von unter 1 ist im Allgemeinen mit einer reinigenden Selektion vereinbar, also der Eliminierung potenziell schädlicher Varianten.

4. ERGEBNISSE

Das zentrale Ergebnis ist, dass viele Gene des Hauptsynthesewegs für Stärke Unterschiede zwischen kultiviertem Sorghum und wildem oder unkrautartigem Sorghum aufwiesen. Bei den traditionellen kultivierten Sorten lag die durchschnittliche Nukleotidvielfalt der Gene des Primärwegs bei 0,0009933, verglichen mit 0,00119 bei den wilden oder unkrautartigen Linien: eine durchschnittliche Verringerung um das etwa 1,4-Fache. Einfach ausgedrückt: Bei den kultivierten Sorten waren einige genetische Regionen einheitlicher geworden – ein Trend, der mit einem Domestizierungs-Flaschenhals und an bestimmten Loci mit Selektion vereinbar ist.Die Verringerung der Vielfalt war bei einigen Genen, die für den Kohlenstofffluss in Richtung Stärke wichtig sind, besonders ausgeprägt. So war die Vielfalt bei *SbSH2*, einem Gen, das für eine Untereinheit der ADP-Glukose-Pyrophosphorylase kodiert – einem Enzym, das an der Bildung des direkten Stärkevorläufers beteiligt ist –, um 92,4 % reduziert. Verringerungen wurden auch für den Transporter *SbBT1* sowie für Gene der Stärkesynthasen beobachtet, also jener Enzyme, die die Glukoseketten der Stärke verlängern.Unter den 114 untersuchten Genen zeigten 71 mindestens ein Signal für reinigende Selektion und 62 mindestens ein Signal für ausgleichende Selektion, einen Prozess, der verschiedene Varianten innerhalb der Population aufrechterhalten kann. Dreiundvierzig Gene wiesen in verschiedenen Regionen ihrer Sequenz unterschiedliche Signale auf. Diese Ergebnisse deuten auf eine komplexe Evolutionsgeschichte hin: Nicht alle Stärkegene haben sich auf die gleiche Weise verändert, und ein einzelnes genetisches Signal reicht nicht aus, um den endgültigen Effekt auf den

Stärkegehalt im Korn zu bestimmen.Im Hauptweg zeigten die traditionellen Sorten zudem eine signifikante Korrelation zwischen der Position des Gens im Stoffwechselweg und dem Ka/Ks-Verhältnis, mit einem Kendall-Koeffizienten von 0,338 und einem P-Wert von 0,023 oder weniger. Dieser Wert ist mit einer stärkeren Konservierung der weiter oben im Stoffwechselweg liegenden Schritte vereinbar. Bei den wilden oder unkrautartigen Linien sowie bei den von den Autoren betrachteten sekundären Wegen war die Korrelation nicht signifikant.

5. INTERPRETATION

Um Stärke zu produzieren, wandelt das Korn den Zucker aus der Pflanze in lange Glukoseketten um. Einige anfängliche Schritte dieser Sequenz sind essenziell: Eine Veränderung dieser Schritte kann viele nachfolgende Funktionen beeinflussen. Die Studie zeigt, dass bei kultiviertem Sorghum verschiedene Gene dieses Netzwerks Signale bewahrt haben, die mit der Domestizierung vereinbar sind.Das in der Publikation dokumentierte Segment lautet daher: Anbau und Selektion von Sorghum Veränderungen der genetischen Variabilität in den Genen der Stärkesynthese. Dies steht im Einklang mit der Tatsache, dass Getreide Nahrungsquellen sind, bei denen Stärke einen wichtigen Energiespeicher darstellt. Der weitere Schritt „genetische Selektion höherer Stärkegehalt“ bleibt jedoch eine plausible Interpretation, die durch diese Daten nicht direkt belegt wird, da die Autoren nicht systematisch die Stärkemengen, Erträge, Proteine oder Mineralstoffe in denselben Pflanzen gemessen haben.Zudem muss zwischen einer Selektionssignatur und einem funktionellen Nachweis unterschieden werden. Eine Selektionssignatur signalisiert, dass eine genetische Region im Laufe der Zeit einen nicht zufälligen Verlauf genommen hat; sie beweist jedoch nicht automatisch, welches sichtbare Merkmal der Pflanze sich verändert hat oder welcher landwirtschaftliche oder ökologische Druck dies verursacht hat.

6. UNABHÄNGIGE BESTÄTIGUNGSNACHWEISE

Eine unabhängige Bestätigung liefert der Mais, eine weitere bedeutende Getreideart. Whitt und Kollegen untersuchten sechs Gene, die für den Stärkestoffwechsel bei Mais und seinem wilden Verwandten, der Teosinte, relevant sind. Sie beobachteten eine ungewöhnlich geringe genetische Vielfalt in den Stärkegenen sowie starke Anzeichen für eine Selektion. Das Ergebnis stützt die allgemeine Annahme, dass die Domestizierung auf Gene des Stärkestoffwechselwegs bei Getreide einwirken kann, ohne jedoch zwingend zu belegen, dass der Effekt in jeder Sorte eine quantitative Zunahme der Stärke bewirkt [1].Eine weitere Bestätigung betrifft direkt die Sorghumhirse. In einer phylogeografischen Analyse von Sorten aus verschiedenen Regionen untersuchten de Alencar Figueiredo und Kollegen sechs Kandidatengene für die Kornqualität, darunter *Sh2*, *Bt2*, *SssI*, *Wx* und *Ae1*. Die Gene *Sh2*, *Bt2* und *SssI* zeigten einen Verlust an Vielfalt außerhalb des Ursprungsgebiets der Sorghumhirse, während andere Loci nach der Domestizierung neue Varianten beibehielten oder entwickelten. Diese Beobachtung bestätigt, dass die menschliche Selektion nicht einheitlich auf den gesamten Stärkestoffwechselweg einwirkt [2].Auch beim Reis verglichen Yu und Kollegen sechs Hauptgene der Stärkesynthese in 99 kultivierten Akzessionen und 70 Akzessionen des wilden Vorfahren *Oryza rufipogon*. Sie stellten Anzeichen für eine positive Selektion des Gens *GBSSI* in Japonica-Gruppen sowie für *GBSSI* und *SBEIIb* in der aromatischen Gruppe fest. Die Daten zeigen, dass bei einer dritten Getreideart spezifische Stärkegene in die Geschichte der Domestizierung und der Kornqualität involviert waren. Die Bestätigung bleibt jedoch teilweise, da andere untersuchte Gene mit einer neutralen Evolution vereinbar waren [3].

7. WIDERSPRÜCHLICHE BELEGE

Es wurden keine direkt widersprüchlichen Belege von ausreichender Relevanz identifiziert; dies bedeutet jedoch nicht, dass keine gegenteiligen Ergebnisse existieren.Es gibt jedoch erhebliche Einschränkungen bei der Verallgemeinerung. Bei Reis beobachtete die unabhängige Studie selektive Signale nur für einige Gene und nicht für alle Gene des untersuchten Signalwegs. Zudem wurde kein signifikanter Zusammenhang zwischen der Position der Gene im Stärke-Stoffwechselweg und dem Ausmaß oder den Mustern der Diversität im wilden Vorfahren festgestellt. Dies relativiert die Annahme, dass jeder Schritt des Stoffwechselwegs bei verschiedenen Getreidearten notwendigerweise demselben

evolutionären Modell folgt [3].Bei Sorghum weist dieselbe Publikation, die Gegenstand der Beweisprüfung ist, darauf hin, dass einige genetische Varianten in den kultivierten Sorten zugenommen statt abgenommen haben. Daher ist Domestizierung nicht mit einem einfachen, allgemeinen Verlust an Diversität gleichzusetzen, noch belegt sie allein einen linearen Anstieg von Stärke, Ertrag oder Nährwert.

8. QUADRO COMPARATIVO E SINTESI DELLE EVIDENZE

Die Tabelle unterscheidet zwischen der analysierten Studie und den unabhängigen Forschungsarbeiten, die zur Bewertung der Darstellung im Buchkapitel herangezogen wurden.

Quadro comparativo

Referenz	Studientyp	Population oder Modell	Hauptergebnis	Richtung der Evidenz	Stärke der Evidenz
Originalstudie	Populationsgenomik und RNA-seq	Kultivierte, wilde und unkrautartige Sorghumhirse; 114 Stärkegene	Viele Gene des Stärkestoffwechsels zeigen Diversitätsvariationen und Signale, die mit einer Selektion während der Domestizierung vereinbar sind.	biologisch konsistente Evidenz	moderat
[1]	Genetische Beobachtungsstudie	Kultivierter Mais und Teosinte; sechs Gene des Stärkestoffwechsels	Die Stärkegene zeigten eine geringe genetische Diversität und Selektionssignale.	direkte Bestätigung	moderat
[2]	Genetische Beobachtungsstudie	194 Akzessionen von kultivierter Sorghumhirse; sechs Kandidatengene für die Kornqualität	Einige Stärkegene haben an Diversität verloren, während andere nach der Domestizierung neue Varianten beibehalten haben.	direkte Bestätigung	moderat
[3]	Genetische Beobachtungsstudie	99 Akzessionen von kultiviertem Reis und 70 Akzessionen von Wildreis; sechs Stärkegene	Signale für positive Selektion bei einigen, aber nicht bei allen Genen; kein signifikanter Zusammenhang mit der Position im Stoffwechselweg beim wilden Vorfahren.	indirekte Bestätigung	moderat

9. SINTESI EDITORIALE E CONCLUSIONI

SCHLUSSFOLGERUNGEN

Die analysierte Studie belegt überzeugend, dass die Domestizierung von Sorghum genetische Spuren in zahlreichen Genen hinterlassen hat, die an der Stärkesynthese beteiligt sind. Unabhängige Belege zeigen ein konsistentes Bild bei Mais, Sorghum und Reis: Bestimmte Stärkegene wurden im Laufe der Kulturgeschichte einer Selektion unterzogen.Die Argumentation ist auf biologischer und evolutionärer Ebene gut fundiert. Die Annahme, dass die landwirtschaftliche Selektion immer zu mehr Stärke geführt habe oder dass dies zwangsläufig den Gehalt an Proteinen und Mineralstoffen reduziert habe, wird hingegen nur indirekt gestützt. Für solche Schlussfolgerungen wären Studien erforderlich, die Genetik, Kornzusammensetzung, Ertrag und Anbaubedingungen integrieren.

Aggiornato al 17/11/2026. Questo contenuto riflette una sintesi divulgativa delle evidenze scientifiche al momento della pubblicazione e non sostituisce il parere medico.

10. TRANSPARENZ UND WISSENSCHAFTLICHE VERANTWORTUNG

Künstliche Intelligenz wurde ausschließlich als Hilfsmittel zur redaktionellen und dokumentarischen Unterstützung eingesetzt. Sämtliche Inhalte, Interpretationen, Literaturangaben und Schlussfolgerungen wurden vom Autor geprüft, überarbeitet und freigegeben, der die volle wissenschaftliche Verantwortung dafür übernimmt.

Das Manuskript wurde zudem vor der Veröffentlichung einem unabhängigen Peer-Review-Verfahren unterzogen.

Um größtmögliche Transparenz zu gewährleisten, ist die vollständige Chronologie des Artikels, einschließlich der Daten von Einreichung, Überarbeitung, Annahme und Veröffentlichung sowie der Angaben zum Peer-Review-Verfahren, auf der eigenen Seite zur Artikelhistorie verfügbar.

11. RIFERIMENTI BIBLIOGRAFICI

[1] **Genetic diversity and selection in the maize starch pathway**
Whitt et al., 2002
Proceedings of the National Academy of Sciences
DOI: https://doi.org/10.1073/pnas.202476999

[2] **Phylogeographic Evidence of Crop Neodiversity in Sorghum**
de Alencar Figueiredo et al., 2008
Genetics
DOI: https://doi.org/10.1534/genetics.108.087312

[3] **Molecular Evolution of the Endosperm Starch Synthesis Pathway Genes in Rice (Oryza sativa L.) and Its Wild Ancestor, O. rufipogon L.**
Yu et al., 2011
Molecular Biology and Evolution
DOI: https://doi.org/10.1093/molbev/msq243