

26.04. 2017

Universität Zürich - Erstmals das Genom von Gerste entschlüsselt

Von PPS



Bild Rechte

Universität Zürich

(Zürich)(PPS) **Nach zehn Jahren Forschungsarbeit von Wissenschaftlern aus zehn Ländern liegt nun erstmals die komplette Sequenz des Gerstengenoms vor - die grösste je entschlüsselte DNasequenz. Damit liefern sie eine zentrale Basis, um neue, schädlingsresistente und qualitätsverbesserte Sorten zu züchten. Das Genom der Gerste umfasst 5,2 Milliarden Basenpaare und besitzt rund 39'000 Gene.**

Gerste ist eines der wichtigsten Getreide der Welt und dient seit Jahrtausenden als Tierfutter sowie als Hauptrohstoff zur Produktion von Bier. Bereits vor 10'000 bis 12'000 Jahren wurde Gerste im nahen Osten angebaut. Seither wurden zahlreiche Sorten gezüchtet, die an unterschiedliche Klimabedingungen angepasst sind.

5,2 Milliarden Basenpaare: grösstes je sequenziertes Genom

Einem Konsortium von Forschungsinstitutionen aus zehn Ländern, darunter auch die Universität Zürich, ist es gelungen, die Sequenz des Gerstengenoms zu bestimmen. Dieses umfasst 5,2 Milliarden Basenpaare und ist damit das grösste Genom, das je

sequenziert wurde – fast doppelt so gross wie die gesamte menschliche DNA-Sequenz. Insgesamt besitzt das Gerstengenom mehr als 39'000 Gene und somit etwa gleich viele wie das Erbmateriale des Menschen.

Für die Pflanzenzüchtung besonders interessant sind einerseits jene Gene, die in der Malzproduktion involviert sind – ein Ausgangsstoff für die Herstellung von Bier und Whiskey. Wie alle Kulturpflanzen ist Gerste andererseits von zahlreichen Schädlingen wie Pilzen, Bakterien, Insekten oder Unkräutern bedroht. Mit der kompletten Genomsequenz sowie detaillierten Informationen über Standort, Struktur und Funktion der Gene liegt nun eine sehr nützliche Ressource vor, um neue Sorten zu züchten, die resistent gegenüber Schädlingen sind oder über bessere qualitative Eigenschaften verfügen.

80 Prozent des Gerstengenoms besteht aus «egoistischer DNA»

Die 39'000 Gene machen aber nur etwa drei Prozent des gesamten Genoms aus. Der grosse Teil des restlichen Genoms besteht aus komplexen, repetitiven DNA-Sequenzen. Bioinformatiker Thomas Wicker vom Institut für Pflanzen- und Mikrobiologie der UZH leitete zusammen mit

Wissenschaftlern des Helmholtz Zentrums in München die Analyse dieses Grossteils des Genoms. Die repetitiven DNA-Sequenzen bestehen vor allen aus sogenannten Transposons. «Das sind mobile genetische Einheiten, die fähig sind, Kopien von sich selbst herzustellen. Transposons werden daher auch als «egoistische DNA» oder «genomische Parasiten» bezeichnet», erklärt Wicker.

Transposons und Gene liegen auf unterschiedlichen Bereichen des Genoms

Einzelne Familien von Transposons waren im Laufe der Evolution so erfolgreich, dass sie Tausende von Kopien von sich produzierten und heute mehr als 80 Prozent des gesamten Gerstengenoms ausmachen. Aber wie kann Gerste mit diesen riesigen Mengen genomischer Parasiten umgehen, die sich ständig im Genom vervielfältigen? Mit dieser Frage beschäftigten sich die Forscher aus Zürich und München.

«Überraschend für uns war die Entdeckung, dass Transposons und Gene unterschiedliche Kompartimente entlang den Chromosomen besetzen», so Wicker. Die mittleren Bereiche der Chromosomen sind vor allen von Transposons besetzt, während Gene bevorzugt an den Enden der Chromosomen sitzen. Nur wenige Transposonfamilien werden in der Nähe von Genen toleriert.

Was genau diese Kompartimentierung verursacht und welche Rolle Transposons in der Evolution von Gerste spielen, ist bislang nicht bekannt. Diese Fragen zu beantworten, ist das nächste Ziel der Forschenden aus Zürich und München.

International Barley Genome Sequencing Consortium (IBSC)

Über zehn Jahre waren Forschende aus Deutschland, Grossbritannien, China, Australien, der Tschechischen Republik, Dänemark, Finnland, Schweden, den USA und der Schweiz mit dieser Mammutaufgabe beschäftigt. Koordiniert wurde das Projekt von Nils Stein vom Leibniz-Institut für Pflanzengenetik und Kulturpflanzenforschung in Gatersleben, Deutschland.

Literatur: Martin Mascher, Heidrun Gundlach, Axel Himmelbach, Sebastian Beier, Sven O. Twardziok, Thomas Wicker et. al. A chromosome conformation capture ordered sequence of the barley genome. Nature. 26 April, 2017. DOI:10.1038/nature22043

Pressekontakt:

Media Relations
Universität Zürich
Seilergraben 49, 8001 Zürich

Tel. +41 44 634 44 67
mediarelations @ kommunikation.uzh.ch

Kategorie

Wissenschaft & Forschung & Bildung

Source URL: <https://www.presseportal-schweiz.ch/pressemeldungen/universitaet-zuerich-erstmal-das-genom-gerste-entschluesselt>