



11/2016

## PRESSEINFORMATION

### Forschung für bessere Spaghetti

**Gatersleben, 13. Juli 2016. Wissenschaftler des Leibniz-Instituts für Pflanzengenetik und Kulturpflanzenforschung (IPK) in Gatersleben tragen als Kooperationspartner mit ihren Arbeiten maßgeblich zur Entschlüsselung des Hartweizengenoms bei.**

Das Hartweizengenom konnte jetzt durch die Zusammenarbeit verschiedenster Forschergruppen aus drei Kontinenten unter der Leitung Dr. Luigi Cattivelli vom italienischen Rat für Landwirtschaftsforschung und Ökonomie entschlüsselt werden. "Nudeln, die auf der Basis von Hartweizen hergestellt werden, sind weltweit ein wichtiges Grundnahrungsmittel. Bei deren Herstellern, aber auch bei den Verbraucherinnen und Verbrauchern gibt es Bedarf an Weizensorten, die nicht nur höhere Erträge liefern, sondern auch von noch besserer Qualität sind" erklärt Luigi Cattivelli. "Die Verfügbarkeit der Sequenz des Hartweizengenoms ist ein unverzichtbares Werkzeug, um diese Ziele erreichen zu können."

Die Strategie der wissenschaftlichen Kooperationspartner bestand darin, zunächst kurze Abschnitte des Genoms zu sequenzieren und mittels bioinformatischer Methoden anschließend in der richtigen Reihenfolge zusammensetzen. Es ist ein großer Fortschritt, dass dieser Arbeitsschritt innerhalb weniger Wochen abgeschlossen werden konnte. Vor der Entwicklung der hier zum Einsatz gekommenen Software (NRGene's DeNovoMAGIC™2), hätte es fast eine Dekade gedauert, das im Vergleich zum menschlichen Genom viermal größere Hartweizengenom zu entschlüsseln. Nun gelang es der internationalen Forschergemeinschaft innerhalb weniger Monate, die vollständige Liste der Gene dieser wichtigen Kulturart zur Verfügung zu stellen.

Nun wird begonnen, die jetzt vorliegenden Sequenzdaten zu einer sogenannten Referenzsequenz zusammensetzen und damit ihrem jeweiligen Ort auf den 14 Hartweizenchromosomen zuzuordnen. Referenzsequenzen stellen eine elementare Datengrundlage für die Arbeit in Forschung und Entwicklung und der Pflanzenzüchtung dar. „Wichtige Gene und regulatorische Elemente, welche den Ertrag, die Resistenz gegen schädliche Umwelteinflüsse oder die stoffliche Zusammensetzung des Hartweizens beeinflussen, können so schneller identifiziert und anschließend besser verstanden werden. Diese Erkenntnisse helfen bei der Weiterentwicklung der Zuchtstrategien für Hartweizen. So können neue Sorten entwickelt werden, welche sowohl den Ansprüchen der modernen Landwirtschaft als auch den Wünschen und Bedürfnissen der Verbraucherinnen und Verbraucher z. B. an die nahrungsphysiologischen Eigenschaften ihrer Nudelprodukte, besser entsprechen“ freut sich Dr. Nils Stein, Leiter der Arbeitsgruppe „Genomik Genetischer Ressourcen“ vom IPK Gatersleben, die bereits über viel Erfahrung mit genomischen Forschungsprojekten u. a. zum Brotweizen verfügt und deren Ergebnisse erfolgreich publizieren konnte. Im Rahmen dieses Projektes trugen die Gaterslebener Forscher insbesondere zur richtig orientierten Zusammensetzung der Sequenzabschnitte bei.

Die Arbeiten zur Fertigstellung der Referenzsequenz des Hartweizengenoms werden in weniger als zwei Jahren abgeschlossen sein und der Öffentlichkeit zur Verfügung gestellt. Es wird erwartet, dass diese die Hartweizenforschung entscheidend voranbringt und damit maßgeblich dazu beiträgt, die Geheimnisse dieser seit tausenden von Jahren genutzten Kulturart aufzudecken und die weltweite Nahrungsversorgung in den kommenden Jahren und Jahrzehnten zu sichern.

## **Weitere Informationen:**

Die Domestikation von **Weizen** begann vor etwa 10.000 Jahren. Die Kulturart spielt bis heute eine Hauptrolle in der menschlichen Ernährung. Dennoch ist bisher nur wenig bekannt über die Faktoren, welche die Qualität und den Ertrag des Weizens beeinflussen. Hartweizen im Besonderen wird v.a. in mediterranen Gebieten angebaut, von denen angenommen wird, dass sie zukünftig besonders vom Klimawandel betroffen sein werden. Angesichts dieser Herausforderungen ist es notwendig, neue Sorten zu züchten, welche höhere Erträge liefern bei gleichbleibender oder verbesserter Qualität und einer nachhaltiger gestalteten Anbaupraxis.

Das **Leibniz-Institut für Pflanzengenetik und Kulturpflanzenforschung (IPK)** in Gatersleben ist eine außeruniversitäre, mit Bundes- und Ländermitteln geförderte Forschungseinrichtung und Mitglied der Leibniz-Gemeinschaft. Am IPK forschen und arbeiten mehr als 500 Mitarbeiter/-innen aus über 30 Nationen. Zentrales Anliegen der wissenschaftlichen Arbeiten am IPK ist die Untersuchung der genetischen Vielfalt von Kultur- und verwandten Wildpflanzen und der Prozesse, die zu ihrem Entstehen geführt haben. Daraus abgeleitet erfolgt die Aufklärung der molekularen Mechanismen, die zur Ausprägung und Variation pflanzlicher Merkmale beitragen. Hieraus erwachsende Erkenntnisse ermöglichen die Entwicklung und Anwendung von Strategien zu einer vertieften Charakterisierung und darauf aufbauend zu einer wissensbasierten Nutzbarmachung der in der Genbank vorgehaltenen pflanzengenetischen Ressourcen. [www.ipk-gatersleben.de](http://www.ipk-gatersleben.de)

Weitere Pressemitteilungen des IPK finden Sie [hier](#)

---

### **Ansprechpartnerin für die Medien**

Dr. Sabine Odparlik, Leibniz-Institut für Pflanzengenetik und Kulturpflanzenforschung (IPK), Leiterin der Geschäftsstelle des Direktoriums, Corrensstraße 3, 06466 Seeland OT Gatersleben, Tel. +49 039482 5427 - Fax: +49 039482 5500 – E-Mail: [odparlik@ipk-gatersleben.de](mailto:odparlik@ipk-gatersleben.de)

### **Fachlicher Ansprechpartner**

Dr. Nils Stein, Leibniz-Institut für Pflanzengenetik und Kulturpflanzenforschung (IPK), Ag Genomik genetischer Ressourcen, Corrensstraße 3, 06466 Seeland OT Gatersleben, Tel. +49 039482 5522 – E-Mail: [stein@ipk-gatersleben.de](mailto:stein@ipk-gatersleben.de)