

# Erster Transkript-Atlas sämtlicher Weizengene erweitert die Perspektiven für Forschung und Züchtung



16/2018

Gatersleben, 16. August 2018. **Das vollständige Genom des Weizens (*Triticum aestivum*) wurde heute in ‚Science‘ veröffentlicht. Diese Sequenz ist das „Ankergenom“ für die Erfassung der vollständigen genetischen Vielfalt der Weltnahrungspflanze Weizen. Eine zweite Publikation im gleichen Magazin beschreibt erste Möglichkeiten, die sich daraus für Wissenschaftler und Praktiker ergeben.**

- Veröffentlichung in Science
- Transkript-Atlas für Weizengene

Entscheidend ist das Wissen über die Funktion der Gene, möglichst aller Gene eines Organismus. Die Expression von Genen zu unterschiedlichen Zeitpunkten, in unterschiedlichen Organen und unter verschiedenen Umwelteinflüssen ist ein Ansatzpunkt, an dieses Wissen zu gelangen. Der jetzt veröffentlichte Transkriptom-Atlas für das Weizengenom zeigt, in welche Richtung sich die Forschung entwickelt.

Unter Führung des John Innes Center in Norwich (England) waren Wissenschaftler aus sieben Ländern und 17 Forschungseinrichtungen an der Studie beteiligt. Aus Deutschland waren es Forschende des Leibniz-Instituts für Pflanzengenetik und Kulturpflanzenforschung (IPK) in Gatersleben und des Helmholtz Zentrums in München. Für ihre Studie analysierten die Wissenschaftler über achthundert Expressionsdatensätze aus 28 Studien. Diese kombinierten sie mit der vollständig annotierten Genomsequenz zu einem Transkript-Atlas. Dabei war nicht nur die Größe, sondern auch die besondere Struktur des Weizengenoms eine Herausforderung. Das Weizengenom ist polyploid und setzt sich aus drei Einzelgenomen unterschiedlicher Vorfahren zusammen.

Mit ihrer Studie geben die Wissenschaftler einen bereits sehr umfassenden Einblick in die raumzeitliche Transkriptionslandschaft des polyploiden Weizens. „Erstmals

sind wir in der Lage, die Anteile bei der Ausprägung von Merkmalen einzelnen Subgenomen zuzuordnen und die Gen-Expression mit Hilfe von regulatorischen Netzwerken zu analysieren“, sagt Prof. Dr. Andrea Bräutigam (seit Oktober 2017 Universität Bielefeld), die am Leibniz-Institut für Pflanzengenetik und Kulturpflanzenforschung am Projekt beteiligt war. „Auffallend ist, dass für agronomisch wichtige Eigenschaften große Expressionsunterschiede vor allem an den Endbereichen der Chromosomen bestehen“, so Bräutigam weiter. Voraussetzung für die Studie war die exakte Annotation der Sequenzen. Diese erfolgte am Helmholtz Zentrum in München. „Die Annotation der Gene und die Erstellung von Stammbäumen ist die Basis für die Struktur und Funktionsaufklärung. Mit speziell entwickelten Algorithmen haben wir die Genorte präzise lokalisieren können.“, so Dr. Daniel Lang vom Helmholtz Zentrum München.

Prof. Dr. Cristobal Uauy, der Leiter der Studie am John Innes Centre, sagt: "Das genomische Wissen hat bei anderen Kulturarten wie Mais oder Reis zu einem sprunghaften Wissensanstieg und Fortschritt in der züchterischen Praxis geführt. Durch das jetzt komplett vorliegende Weizengenom und die darauf aufbauenden Arbeiten, lassen sich auch im Weizen Gene besser und schneller identifizieren. Dieses Wissen wird Forschern und Züchtern helfen, die allelischen Variationen des polyploiden Weizens zu nutzen, um Eigenschaften gezielt zu verbessern.“

**Zeichen:** 3210 (inkl. Leerzeichen)

**Publikation:**

R. H. Ramírez-González *et al.* (2018): The transcriptional landscape of polyploid wheat  
<http://science.sciencemag.org/cgi/doi/10.1126/science.aar6089>.  
Science, DOI: 10.1126/science.aar6089

**Mehr Informationen:**

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 pflanzen genetischen Ressourcen.

[www.ipk-gatersleben.de](http://www.ipk-gatersleben.de)

Das **Helmholtz Zentrum München** verfolgt als Deutsches Forschungszentrum für Gesundheit und Umwelt das Ziel, personalisierte Medizin für die Diagnose, Therapie und Prävention weit verbreiteter Volkskrankheiten wie Diabetes mellitus, Allergien und Lungenerkrankungen zu entwickeln. Dafür untersucht es das Zusammenwirken von Genetik, Umweltfaktoren und Lebensstil. Der Hauptsitz des Zentrums liegt in Neuherberg im Norden Münchens. Das Helmholtz Zentrum München beschäftigt rund 2.300 Mitarbeiter und ist Mitglied der Helmholtz-Gemeinschaft, der 18 naturwissenschaftlich-technische und medizinisch-biologische Forschungszentren mit rund 37.000 Beschäftigten angehören. [www.helmholtz-muenchen.de](http://www.helmholtz-muenchen.de)

Der Schwerpunkt der [selbstständigen Abteilung Genomik und Systembiologie pflanzlicher Genome](#) (PGSB) ist die Genom- und Systemorientierte Bioinformatik pflanzlicher Genome. In diesem Rahmen werden Genomverschlüsselungen, Expressionsmuster, funktionelle und systembiologische Fragestellungen untersucht. PGSB verwaltet außerdem einen großen Datensatz pflanzlicher Genome in Datenbanken und macht diese zusammen mit vergleichenden Analysen der Öffentlichkeit zugänglich.

Das **John Innes Centre** ([www.jic.ac.uk](http://www.jic.ac.uk)) ist ein unabhängiges internationales Exzellenzzentrum für Pflanzenforschung und Mikrobiologie. Es widmet sich sowohl der Grundlagen- als auch der angewandten Forschung und macht seine Forschungsergebnisse öffentlich zugänglich. Das JIC wird vorwiegend aus nationalen und internationalen Drittmitteln finanziert. Zudem wird es durch den Biotechnology and Biological Sciences Research Council (BBSRC) der britischen Regierung gefördert.

#### **Ansprechpartner für die Medien:**

Regina Devrient, IPK, Geschäftsstelle des Direktoriums,  
Öffentlichkeitsarbeit  
Tel. +49 039482 5837, E-Mail: [devrient@ipk-gatersleben.de](mailto:devrient@ipk-gatersleben.de)

Abteilung Kommunikation, Helmholtz Zentrum München - Deutsches Forschungszentrum für Gesundheit und Umwelt (GmbH), Ingolstädter Landstr. 1, 85764 Neuherberg - Tel. +49 89 3187 2238 - E-Mail: [presse@helmholtz-muenchen.de](mailto:presse@helmholtz-muenchen.de)

#### **Fachliche Ansprechpartner:**

Prof. Dr. Andrea Bräutigam Phone: (+49) (0)521 106 8753  
[andrea.braeutigam@uni-bielefeld.de](mailto:andrea.braeutigam@uni-bielefeld.de)

Dr. Manuel Spannagl, Helmholtz Zentrum München - German Research Center for Environmental Health, Research Unit Plant Genome and Systems Biology, Ingolstädter Landstraße 1, 85764 Neuherberg, Tel. +49 89 3187 3584, +49 89 3187 3948, E-mail: [manuel.spannagl@helmholtz-muenchen.de](mailto:manuel.spannagl@helmholtz-muenchen.de)

Dr. Daniel Lang ([daniel.lang@helmholtz-muenchen.de](mailto:daniel.lang@helmholtz-muenchen.de), Tel. +49 89 3187 3583 )

Prof. Dr. Cristobal Uauy [Cristobal.Uauy@jic.ac.uk](mailto:Cristobal.Uauy@jic.ac.uk)