

Publikation in Science: Erste Genomsequenz des Wilden Emmers



Gatersleben, 7. Juli 2017: **Ein internationales Forschungsteam mit der Beteiligung von Wissenschaftlern des Leibniz-Instituts für Pflanzengenetik und Kulturpflanzenforschung (IPK) hat die erste Genomsequenz des Wilden Emmers in der renommierten Fachzeitschrift Science veröffentlicht.**

12/2017

PRESSEMITTEILUNG

Wilder Emmer ist die Ursprungsart fast aller Kulturweizensorten in der Welt, einschließlich des für die Nudelherstellung verwendeten Hart- als auch des Brotweizens. Aufgrund seiner brüchigen Ähren ist er für die Landwirtschaft uninteressant, jedoch weist er einzelne Merkmale auf, die für die Züchtung verbesserter Weizensorten von großem Interesse sind.

- Veröffentlichung in Science
- Erste Genomsequenz des Wilden Emmers

Die Studie wurde im Rahmen einer internationalen Kooperation mit Wissenschaftlerinnen und Wissenschaftler verschiedener Forschungseinrichtungen, von Dr. Assaf Distelfeld geleitet, einem Pflanzenwissenschaftler der israelischen Universität Tel Aviv. Neben dem IPK in Gatersleben und dem Helmholtz Zentrum München war auch die israelische Firma NRGene beteiligt, welche die für die Entschlüsselung des Genoms notwendigen bioinformatischen Methoden entwickelte.

Die Zusammenarbeit lieferte Resultate, die zukünftig einen wesentlichen Beitrag zur globalen Ernährungssicherung leisten könnten“, freut sich Dr. Daniel Chamovitz, der ebenfalls an der Universität Tel Aviv an der Studie arbeitete, „Immerhin werden etwa 20% der weltweit konsumierten Kalorien in Form von Weizen produziert.“

Ein Vergleich der Genome moderner Weizensorten mit dem Genom des Wilden Emmers erlaubt es nicht nur, neue Gene zu identifizieren, welche die Züchtung stressresistenter und ertragreicherer Weizensorten ermöglichen werden, sondern gewährt auch einen Einblick in die Schritte der etwa 10.000 Jahre währenden Domestikationsgeschichte dieser wichtigen Kulturart. Die Sequenzierung der sehr komplexen Weizengenome ist eine besondere Herausforderung, denn sie sind mehr als dreimal so groß wie das menschliche Genom. „Innovative Technologien erlaubten es uns, die Sequenz des

Wilden Emmers und anderer Weizengenome in hoher Qualität zu erarbeiten,“ erläutert Nils Stein, Leiter der Arbeitsgruppe Genomik Genetischer Ressourcen am IPK in Gatersleben.

Damit stehen der Wissenschaft nun die Werkzeuge zur Verfügung, die Genomsequenzen wichtiger Kulturpflanzen und deren verwandten Wildarten effizient und schnell zu entschlüsseln und damit die Grundlage für Erkenntnisgewinn und Entdeckungen für deren wissenschaftliche Verbesserung im Sinne der globalen Ernährungssicherung und einer nachhaltigen landwirtschaftlichen Praxis zur Verfügung zu stellen.

Zeichen: 2584 (inkl. Leerzeichen)

Publication:

Avni R, Nave M, Barad O, Twardziok SO, Gundlach H, Hale I, Mascher M, Spannagl M, Wiebe K, Jordan KW, Golan G, Deek J, Ben-Zvi B, Baruch K, Ben-Zvi G, Himmelbach A, MacLachlan RP, Sharpe AG, Fritz A, Ben-David R, Budak H, Fahima T, Korol A, Faris JD, Hernandez A, Mikel MA, Levy A, Steffenson B, Maccaferri M, Tuberosa R, Cattivelli L, Faccioli P, Ceriotti A, Kashkush K, Pourkheirandish M, Komatsuda T, Eilam T, Sela H, Sharon A, Ohad N, Chamovitz DA, Mayer KFX, Stein N, Ronen G, Peleg Z, Pozniak CJ, Akhunov ED, Distelfeld A (2017) Wild emmer genome architecture and diversity elucidate wheat evolution and domestication. Science doi: 10.1126/science.aan0032

Picture:



Titel: Nils Stein bei der Beobachtung von Getreide unter Gewächshausbedingungen (IPK/Sebastian Mast).

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 pflanzengenetischen Ressourcen.

www.ipk-gatersleben.de

Medienkontakt

Regina Devrient, IPK
Geschäftsstelle des Direktoriums | Öffentlichkeitsarbeit
Tel. +49 039482 5837
E-Mail: devrient@ipk-gatersleben.de