

## IPK: Neue Methode zur Genom-Assemblierung bei Gerste bringt hervorragende Ergebnisse

Gatersleben, 17.03.2021 Die Genome der Individuen einer Art unterscheiden sich von einander, sodass wir viel über genetische Diversität unserer Kulturpflanzen lernen können, wenn wir ihre Genome vergleichen. Forscher, die viele Genome untersuchen, benötigen allerdings eine schnelle und zuverlässige Methode für die Sequenzassemblierung. Ein internationales Forschungsteam unter Führung des IPK Leibniz-Institutes hat nun eine neue Methode der DNA-Sequenzierung untersucht. Die Ergebnisse, die jetzt im Magazin „The Plant Cell“ veröffentlicht wurden, sind dabei sehr vielversprechend. Die Wissenschaftler hoffen nun, die Methode künftig auch für die Assemblierung weiterer Gersten-Genome nutzen zu können.

Das Genom kodiert das gesamte Erbgut eines Lebewesens, also auch von Kulturpflanzen wie der Gerste. Es ist als DNA-Nukleotidsequenz im Kern einer jeden Zelle vorhanden. Die DNA ist in Chromosomen organisiert, Strukturen, die so groß sind, dass man sie unter dem Mikroskop sehen kann.

Bei der Kulturpflanze Gerste besteht das Genom aus ungefähr fünf Milliarden Basenpaaren. Ein Genom zu sequenzieren und zu assemblieren, heißt, all seine Basenpaare auszulesen und anschließend zu einem computerlesbaren Text in der richtigen Reihenfolge zusammensetzen. Früher war die Genomassemblierung sehr schwer. Es hat beispielsweise über zehn Jahre gedauert, die Sequenz des Gerstenreferenzgenoms zu assemblieren. „Wir wollten daher wissen, ob eine neue Methode der DNA-Sequenzierung mit hoher Genauigkeit und langen Leselängen die Genomassemblierung bei Resequenzierungen, aber auch die Erstsequenzierung eines Referenzgenoms vereinfachen kann“, erläutert Dr. Martin Mascher, Leiter der Unabhängigen Arbeitsgruppe Domestikationsgenomik am IPK und Mitglied des Deutschen Zentrums für integrative Biodiversitätsforschung (iDiv) Halle-Jena-Leipzig.

Dazu wendete das Forschungsteam die PacBio-HiFi-Sequenzierung an. HiFi-Sequenzierung ist eine Methode, um lange DNA-Sequenzabschnitte von bis zu 25.000 Basenpaaren, sogenannte „Reads“, mit hoher Genauigkeit auszulesen. Die Reads wurden zu sogenannten Assemblies zusammengesetzt, die ganze Chromosomen repräsentieren. Parallel nutzten die Wissenschaftler aber auch alternative Methoden der DNA-Sequenzierung und assemblierten auch diese Daten.

Der Vergleich der verschiedenen Ansätze hat gezeigt, dass HiFi die qualitativ besten Genomsequenzen liefert. Der HiFi-Ansatz enthielt mehr vollständige Gene als die anderen Vergleichsmethoden. Selbst wenn die Gene in mehreren, nahezu identischen Kopien vorlagen, gelang dies mit HiFi, diese zu unterscheiden und exakt zu assemblieren. Auch gelang es fast die gesamte nicht-kodierenden und hochrepetitive Bereiche zwischen den eigentlichen Genen korrekt zusammensetzen. „Am wichtigsten für uns ist neben der Exaktheit die Geschwindigkeit. Die HiFi-Sequenzierung arbeitet sehr schnell, sodass wir hochgenaue und



**Wissenschaftlicher Kontakt**  
Dr. Martin Mascher  
Tel.: +49 39482 5243  
[mascher@ipk-gatersleben.de](mailto:mascher@ipk-gatersleben.de)

**Medienkontakt**  
Christian Schafmeister  
Tel. +49 39482 5461  
[schafmeister@ipk-gatersleben.de](mailto:schafmeister@ipk-gatersleben.de)

vollständige Genomassemblies innerhalb weniger Tage abschließen konnten“, erklärt Dr. Martin Mascher.

Die Ergebnisse eröffnen den Wissenschaftlern neue Möglichkeiten. Genomassemblierung wird auch in Zukunft eine Herausforderung bleiben. Der neue HiFi-Ansatz und ihre langjährige Erfahrung in der Sequenzierung und Assemblierung von Getreidegenomen werden es den IPK-Forschern aber erlauben, die Genome der Kulturgerste und verwandter Formen zuverlässig und schnell zusammensetzen. „Wir werden HiFi-Sequenzierung einsetzen, um die Genome weiterer Gerstensorten zu assemblieren. Unsere Genbank am IPK Leibniz-Institut in Gatersleben wird uns dazu weitere Kultursorten und verwandte Wildformen bereitstellen. Unser Ziel ist die Erfassung der weltweit vorhandenen genetischen Vielfalt“, erklärte Dr. Martin Mascher und beschreibt bereits die nächsten Herausforderungen. „Wir werden nach bisher unbekannter genetischer Variation suchen, also etwa nach Resistenzgenen, um so die genetischen Möglichkeiten für die Kulturgersten weiter bereichern und neue Züchtungen unterstützen zu können.“

**Originalpublikation:** Mascher *et al.* (2021), Long-read sequence assembly: a technical evaluation in barley. *The Plant Cell*. DOI 10.1093/plcell/koab077

**Abbildung (zur freien Verwendung):**

<https://ipk-cloud.ipk-gatersleben.de/s/sWFq3W5bCRXFZb3>



Bei der Kulturpflanze Gerste besteht das Genom aus ungefähr fünf Milliarden Nukleotiden. Der Vergleich der verschiedenen Ansätze hat gezeigt, dass HiFi die besten Genomsequenzen liefert.

Foto: Eva Siebenhühner/ IPK

