

## Verbessertes Referenzgenom unterstützt die Züchtung von Roggen und Weizen

Gatersleben, 19.08.2026 **Roggen ist nicht nur eine widerstandsfähige und ertragreiche Kulturpflanze, sondern besitzt auch einen wertvollen Genpool für die Weizenzüchtung. Ein internationales Forschungsteam unter Führung des IPK Leibniz-Instituts hat durch die Publikation einer hochqualitativen Referenzgenomsequenz die Grundlagen für Forschung und Züchtung erheblich verbessert. Die Sequenz repräsentiert erstmals die vollständigen Zentromere aller sieben Chromosomenpaare. Die Zentromere sind für die korrekte Verteilung der Erbinformation bei der Zellteilung von Bedeutung. Die Ergebnisse der Studie sind jetzt im Fachmagazin „Nature Communications“ veröffentlicht worden.**

Roggen verbindet eine enge und lange evolutionäre Geschichte mit Gerste und Weizen. Seine Karriere als wichtige Kulturart ist aber deutlich kürzer. Während Gerste und Weizen vor 10.000 Jahren im sogenannten Fruchtbaren Halbmond Vorderasiens „gezähmt“ wurden, breitete sich Roggen zunächst als Ackerunkraut aus. Dabei übernahm Roggen allmählich einige Eigenschaften seiner beiden „großen Brüder und Schwestern“, bis auch Roggen vor 5.000 - 6.000 Jahren zu einer eigenen Kulturart wurde und in Nordeuropa im Mittelalter zum wichtigsten Brotgetreide wurde.

Das große und komplexe Roggengenom stellt die Wissenschaft aber vor Herausforderungen. Das Erbgut ist nicht nur deutlich größer als das menschliche Genom, sondern es besteht zu fast 90 Prozent aus sich wiederholenden DNA-Sequenzen. Bisherige Referenzsequenzen, wie die 2021 am IPK erstellte, waren sehr nützliche und wichtige Fortschritte für Forschung und Züchtung. Jedoch blieben diese noch unvollständig und zu ungenau. Sie enthielten Lücken, falsch ausgerichtete Abschnitte, kollabierte Regionen und nicht zuletzt unvollständig abgebildete Zentromere. Letztere sind bei der Zellteilung elementar wichtig, um die entstehenden Tochterzellen mit der gleichen Erbinformation auszustatten, damit sie funktionsfähig werden.

Das Forschungsteam nutzte für die Erstellung der nun verbesserten Referenzsequenz die am IPK durch Förderung von Bund und Land verfügbaren modernsten Sequenziertechnologien. In einem ersten Schritt wurden lange DNA-Moleküle der Linie Lo7 gelesen. Bei dieser Linie handelt es sich um einen etablierten Referenzgenotypen in der Roggenforschung. Die langen Lesestücke erlauben es, schwierig zu entschlüsselnde Bereiche des Genoms effizienter zu überbrücken. Im nächsten Schritt wurden die DNA-Stücke in die richtige Reihenfolge auf den sieben Chromosomen gebracht. Anschließend überprüften die Forscherinnen und Forscher die neue Referenzsequenz mit mehreren unabhängigen Methoden und konnten die hohe Qualität der Genomsequenz bestätigen.

„Die neue Referenzsequenz stellt einen Quantensprung für die Roggenforschung und Züchtung dar“, erklärt Dr. Erwang Chen, Erstautor der Studie. „Sie ist vollständiger als vorangegangene Versionen, korrigiert frühere Anordnungsfehler und schafft Zugang zu Regionen der Erbinformation für die weitere Analyse und Nutzung“, so der IPK-Forscher. „In diesen Regionen gibt es identische Abschnitte in direkter Wiederholung, die in früheren Versionen nur kollabiert vorlagen und nicht korrekt aufgelöst werden konnten.“ Besonders die korrekte Zusammensetzung der Zentromere sei dabei ein Durchbruch. „Diese Bereiche waren bisher besonders schwer zu entschlüsseln. Mit der neuen Sequenz können wir nun

### Pressemitteilung

#### Wissenschaftlicher Kontakt

Prof. Dr. Nils Stein  
Tel.: +49 39482 5522  
[stein@ipk-gatersleben.de](mailto:stein@ipk-gatersleben.de)

#### Medienkontakt

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

sehen, wie diese zentralen Bereiche der Chromosomen aufgebaut sind und welche DNA-Elemente sie prägen“, erklärt Dr. Erwang Chen. Außerdem konnte das Forschungsteam des IPK zeigen, dass bestimmte bewegliche DNA-Elemente, sogenannte Transposons, in Roggen-Zentromeren noch vor kurzer Zeit aktiv waren. „Das beweist, dass sich die Zentromere zwischen nahe verwandten Getreidearten unterschiedlich entwickeln können.“ Denn die Transposons führen zu Variationen und diese zu unterschiedlichen Funktionen.

Für die Züchtung besonders interessant sind die neuen Erkenntnisse zu dem „kurzen“ Arm des Roggenchromosoms 1R, genannt 1RS. Dieser wurde durch Kreuzung bereits in mehrere Weizensorten übertragen und verbessert Merkmale wie Krankheitsresistenz, Stresstoleranz und Ertrag. Besonders bekannt sind Resistenzgene gegen pflanzenpathogene Pilze, wie Rost oder Mehltau. Die Studie zeigt, dass die in Weizen genutzten 1RS-Abschnitte alle mehr oder weniger identisch oder zumindest sehr nah miteinander verwandt sind. Vergleicht man diesen Abschnitt jetzt in den entzifferten verschiedenen Roggengenotypen, stellt man fest, dass dieser Bereich in Roggen eine viel größere Variabilität zeigt.

„Das bedeutet, dass in der Roggenvielfalt noch viel ungenutztes Potenzial steckt“, betont Prof. Dr. Nils Stein, Leiter der Abteilung „Genbank“. „Mit dem neu erreichten Standard der Genomsequenzierung in Roggen können wir jetzt den nächsten Schritt gehen. Im Rahmen des Forschungsprojektes „RyeHub“, gefördert durch das Bundesministerium für Forschung, Technologie und Raumfahrt (BMFTR), haben wir bereits begonnen, viele Roggengenome für ein sogenanntes Pangenom des Roggens zu entschlüsseln. Dies dient als Grundlage für die systematische Erschließung der genomischen Diversität des Roggens für Forschung und Züchtung.“ Mit Pangenom bezeichnen Forschende die Gesamtheit aller Gene oder DNA-Sequenzen einer Art.

#### **Originalpublikation:**

Erwang *et al.* (2026): Unveiling centromeric retrotransposon dynamics through a high-quality rye genome assembly. Nature Communications. DOI: [10.1038/s41467-026-76753-4](https://doi.org/10.1038/s41467-026-76753-4)

#### **Foto:**



Ein internationales Forschungsteam hat eine neue, hochwertige Referenzgenomsequenz von Roggen erstellt. Sie bietet eine gute Grundlage für Züchtungsfortschritte bei Roggen und Weizen. Foto: IPK Leibniz-Institut/ N. Stein

