Leibniz-Institut für Pflanzengenetik und Kulturpflanzenforschung (IPK)
Stiftung des öffentlichen Rechts

Die genetische Vielfalt der Wildgersten eröffnet neue Perspektiven für Forschung und Züchtung

Pressemitteilung

Wissenschaftlicher Kontakt
Dr. Martin Mascher
Tel.: +49 39482 5243
mascher@ipk-gatersleben.de

Medienkontakt
Christian Schafmeister
Tel.: +49 39482 5461
schafmeister@ipk-gatersleben.de

Gatersleben, 18. November 2026. **Ein internationales Forschungsteam unter der Koordination des IPK Leibniz-Instituts erschließt erstmals die genomische Vielfalt der gesamten, für die Landwirtschaft bedeutsamen Gattung Hordeum. Die Studie zeigt, wie sich das Erbgut der Gerste und ihrer wilden Verwandten im Laufe der Evolution verändert hat. Die Ergebnisse schaffen neue Möglichkeiten, diese Vielfalt systematisch zu untersuchen und langfristig für die Pflanzenzüchtung zu erschließen. Die Ergebnisse wurden heute im Wissenschaftsmagazin „Nature“ veröffentlicht.**

Wilde Verwandte unserer Kulturpflanzen weisen eine große genetische Vielfalt auf. Sie kann helfen, die Anpassung an unterschiedliche Umweltbedingungen zu verstehen und neue Ansätze in der Pflanzenzüchtung zu entwickeln. Für die Gerste macht ein internationales Forschungsteam unter Führung des IPK Leibniz-Instituts diese Vielfalt jetzt über Artgrenzen hinweg zugänglich. Die Forschenden vergleichen 27 pflanzliche Herkünfte aus 25 Arten der Gattung *Hordeum*, darunter sämtliche anerkannten diploiden Arten sowie ausgewählte polyploide Vertreter. Dafür nutzen sie hochwertige Genomsequenzen, die das Erbgut auf Ebene einzelner Chromosomen abbilden.

Bisherige Pangenomstudien konzentrierten sich auf die Kulturgerste und ihre wilden Verwandten innerhalb der Arten *Hordeum vulgare* und *Hordeum bulbosum*. Ein Pangenom fasst die Erbinformation mehrerer Pflanzen zusammen und macht gemeinsame und unterschiedliche Bestandteile sichtbar. Die nun veröffentlichte Ressource erweitert diesen Ansatz auf die gesamte Gattung *Hordeum* und ermöglicht einen umfassenden Blick auf die evolutionäre Geschichte der Gerste und ihrer wilden Verwandten.

Ein zentrales Ergebnis betrifft das Zusammenspiel von Genen und deren Steuerung. Während die DNA-Sequenzen, die als Baupläne für Proteine dienen, über die Arten hinweg stark konserviert sind, verändern sich viele regulatorische Abschnitte schneller. Diese bestimmen, wann, wo und wie stark Gene aktiv sind. „Unsere Ergebnisse zeigen, dass sich die Genome eng verwandter Pflanzenarten nicht nur in ihren Genen unterscheiden, sondern vor allem auch darin, wie diese Gene reguliert werden“, erklärt Dr. Martin Mascher, der die Studie am IPK koordinierte. „Die Genome der Wildgersten eröffnen uns damit neue Möglichkeiten, die Evolution wichtiger Eigenschaften zu verstehen und bislang unerschlossene genetische Vielfalt zu untersuchen.“

Wie diese Unterschiede wirken können, zeigt die Untersuchung der für die Ertragsbildung wichtigen Eigenschaft des Blühzeitpunkts. Wintergerste benötigt eine längere Kälteperiode, bevor sie blühen kann. Einige wilde *Hordeum*-Arten kommen hingegen ohne diesen Kältereiz aus. Bei *Hordeum cordobense* fand das internationale Forschungsteam eine besondere Anordnung von Genkopien, aus der kleine RNA-Moleküle entstehen. Diese könnten dazu beitragen, ein Gen stillzulegen, das normalerweise die Blüte hemmt. Zusammen mit weiteren Veränderungen an einem wichtigen Blühgen verdeutlicht dies, wie Wildarten dieselben genetischen Schaltstellen nutzen, die auch bei unseren Sommer- und Wintergersten eine Rolle spielen.

Auch der Aufbau der Chromosomen verändert sich im Laufe der Evolution stark. Besonders auffällig ist, dass sich die zentralen Chromosomenbereiche strukturell wesentlich stärker

verändern als die äußeren Abschnitte. In den Bereichen nahe der Zentromere, die bei der Verteilung der Chromosomen während der Zellteilung eine zentrale Rolle spielen, entdeckte das Team umfangreiche Umlagerungen sowie umgekehrt orientierte DNA-Abschnitte. Andere Regionen bewahren dagegen Spuren früherer Kreuzungen zwischen Arten. Die Geschichte der Gattung ähnelt einem Netzwerk, in dem verschiedene Entwicklungslinien wiederholt ihr Erbgut austauschen.

Zudem identifizierten die Wissenschaftlerinnen und Wissenschaftler 611 Gene, die offenbar durch horizontalen Gentransfer aus der Verwandtschaft der Hirsen in die Genome der Wildgersten gelangt sind. Dieser sogenannte horizontale Gentransfer erfolgt außerhalb der üblichen Vererbung von Eltern an Nachkommen. Für zahlreiche dieser Gene zeigt das Team, dass sie in den Empfängerpflanzen abgelesen werden und damit möglicherweise auch biologische Funktionen erfüllen. Ob diesen den Pflanzen Vorteile verschaffen, bleibt Gegenstand weiterer Untersuchungen.

Die Unterschiede in der Genomgröße zwischen den Arten lassen sich vor allem durch die unterschiedliche Anhäufung von Transposons erklären. Diese auch als „springende Gene“ bezeichneten DNA-Elemente können zusätzliche Kopien von sich im Erbgut hinterlassen und machen durchschnittlich 86 Prozent der Genome aus. Eine weitere Fallstudie identifiziert mit EOG1 einen Regulator der Hüllspelzenentwicklung und zeigt, dass der Vergleich wilder Arten zur Aufklärung von Genfunktionen in den landwirtschaftlich genutzten Kulturgewächsen beitragen kann.

Das erweiterte Pangenom der Gerste ermöglicht die systematische Untersuchung genetischer und regulatorischer Varianten. In der Züchtungsforschung lässt sich damit gezielt nach bislang wenig erschlossener genetischer Vielfalt suchen, etwa nach Varianten, die den Blühzeitpunkt oder die Widerstandsfähigkeit gegenüber Krankheitserregern beeinflussen. Ob und wie sich einzelne Varianten in Kulturgerste nutzen lassen, müssen weitere funktionelle Untersuchungen und Züchtungsversuche zeigen.

Originalpublikation: Jia-Wu Feng *et al.* (2026). Structural and regulatory evolution across the genus *Hordeum*. Nature. DOI: 10.1038/s41586-026-11332-7

Bildunterschrift: Die Hüllspelzen verschiedener Wildgerstenarten unterscheiden sich deutlich in ihrer Form und Größe. Der Vergleich ihrer Genome hilft zu verstehen, welche Gene an der Entwicklung dieser pflanzlichen Strukturen beteiligt sind. Die Studie identifizierte unter anderem das Gen EOG1 als wichtigen Regulator der Hüllspelzenentwicklung.

