

Internationales Forschungsteam berichtet

Referenzgenomsequenz für Roggen veröffentlicht

Gemeinsam mit Forschenden aus 13 Ländern beschreiben Wissenschaftler des Julius-Kühn-Instituts (JKI) in „Nature Genetics“ einen Durchbruch, mit dem das Brotgetreide züchterisch noch schneller und präziser an künftige Herausforderungen angepasst werden kann.

Nicht weniger als 63 Autoren aus 13 Ländern haben zu einer Studie beigetragen, die zuletzt in der renommierten Fachzeitschrift „Nature Genetics“ veröffentlicht wurde. Sie beschreibt erstmals für den Roggen eine Referenzgenomsequenz mit fast sieben Milliarden Bausteinen. Unter der Federführung des Instituts für Pflanzengenetik und Kulturpflanzenforschung, IPK Gatersleben wurde die Existenz von mehr als 34.000 Genen auf den sieben Chromosomen des Roggens bioinformatisch vorhergesagt.

Bekannt ist nur die Spitze des Eisbergs, denn bislang kann nur einem Bruchteil dieser Gene eine biologische Funktion zugeordnet werden. „Das wird mit der veröffentlichten Referenzgenomsequenz nun leichter. Sie ist ein großer Schritt für die Züchtungsforschung und für die züchterische Verbesserung des Roggens“, sagt Prof. Frank Ordon. Der Präsident des Julius-Kühn-Instituts betont, dass nach Gerste und Weizen nun die Sequenz der dritten für die europäische Landwirtschaft bedeutenden Getreideart vorliege. „Es ist bemerkenswert, dass sich so viele Forschungseinrichtungen für diese global gesehen eher unbedeutende Getreide starkgemacht und quasi mittels Crowdfunding in kurzer Zeit das Ergebnis erzielt haben“, erklärt der JKI-Präsident.

Roggen hat regionale Bedeutung

Warum rückt ein Getreide mit regionaler Bedeutung im Roggen Gürtel Mittel- und Osteuropas nun

in den Fokus internationaler Spitzenforschung? Eine Antwort liefert die einzigartige Blühbiologie des Fremdbefruchters Roggen. Denn sie führt beim genügsameren Bruder des Weizens zu hoher Anpassungsfähigkeit und ausgeprägter Toleranz gegenüber biotischem und abiotischem Stress. „Seine Ertragsicherheit macht Roggen zur verlässlichen Größe für die Produktion von Brot- und Futtergetreide im Zeichen des Klimawandels“, erklärt Dr. Bernd Hackauf vom Julius-Kühn-Institut.

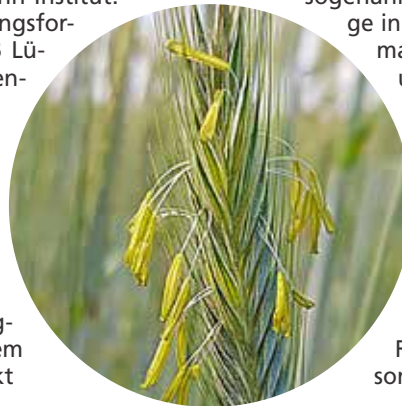
Der Züchtungsforscher aus Groß Lüsewitz (Mecklenburg-Vorpommern) ist einer der Co-Autoren der nun veröffentlichten Studie. Er widmet sich seit mehr als 30 Jahren dem Roggen. „Mit dem uneingeschränkt zugänglichen Genkatalog hat Roggen nun zu Reis, Mais, Gerste und Weizen aufgeschlossen. Das Referenzgenom macht es möglich, Roggen von einer Nischenkultur zu einem leistungsstarken Getreide mit maßgeschneiderten Kornqualitäten zu entwickeln“, zeigt der JKI-Wissenschaftler die Perspektiven auf.

Es gilt zunächst, den Roggen von seiner hohen Anfälligkeit gegenüber dem gefährlichen Mutterkornpilz zu befreien. Wertvolle Genvarianten, die zu hohem Pollenausschüttungsvermögen führen, sind bereits gefunden. Weil die Pilzsporen mit den Pollen konkurrieren müssen, verfügen Sorten mit maximalem Pollenschüttungsvermögen über eine optimale Mut-

terkornabwehr. Nun sucht Hackauf in der Genomsequenz nach Genen, die unerwünschte, weil ertragsmindernde Nebeneffekte solcher sogenannten Restorergene kompensieren.

Fit für den Klimawandel werden

Ein weiterer Fokus liegt auf dem Kurzstroh-Gen Ddw1, dessen Einfluss auf die Standfestigkeit, den Ertrag und den CO₂-Fußabdruck sogenannter Halbzwerge in diesem Jahr erstmals umfassend



Eine Roggenähre produziert zirka vier Millionen Pollenkörner, die über den Wind verbreitet werden, ein Alleinstellungsmerkmal des Fremdbefruchters.

Foto: B. Hackauf/JKI

geprüft wird. Ein besseres Verständnis von Genstruktur und -funktion ist aber nicht nur Grundlage einer modernen Roggenzüchtung, sondern wirkt auch als Ideengeber für die genetische Verbesserung anderer Getreidearten. So bringt die Referenzgenomsequenz des Roggens beispielsweise auch Schwung in das Leuchtturmprojekt Tertius des Bundeslandwirtschaftsministeriums, in dem Erbinformationen des Roggens zur verbesserten Wurzelbildung in Weizen genutzt werden, um diesen fit für den Klimawandel zu machen.

Die Originalpublikation findet sich unter: <https://dx.doi.org/10.1038/s41588-021-00807->

Hintergrund: Genomsequenzierungen

Die erste Nutzpflanzengenomsequenz wurde 2005 für den Reis ver-

öffentlicht. Sie ebnete den Weg für die Sequenzierung weiterer und komplizierterer Getreidegenome. Das erste heimische Getreide, das vollständig sequenziert wurde, war 2017 die Gerste (Mascher et al. 2017). Nach zehn Jahren und unter Beteiligung von Forschenden aus zehn Nationen stellte sie das mit 5,2 Milliarden Basenpaaren bis dato größte sequenzierte Genom dar. Ein erster Etappenerfolg bei der Sequenzierung des Roggens wurde ebenfalls 2017 vermeldet, zu dem Zeitpunkt war etwa ein Drittel des Roggen-genoms sequenziert. Der Weizen mit seinen 21 Chromosomen folgte ein Jahr später 2018 (IWGSC 2018) nach insgesamt 13 Jahren intensiver Forschungsarbeit. Die restlichen zwei Drittel des Roggens benötigten eine konzentrierte Anstrengung von 13 Ländern, um schließlich in drei weiteren Jahren auch für den Roggen den Erfolg zu vermelden. Das geschah in dem Wissen, dass der Roggen, der derzeit nur eine Nischenart ist, auch bei der Verbesserung anderer, wirtschaftlich bedeutsamer Pflanzen nützlich sein könnte.

Onlineartikel zum Gerstengenom: pflanzenforschung.de/de/pflanzenwissen/journal/genom-der-gerste-sequenziert-basis-fuer-schaedlingsresi-10797

Onlineartikel zum Weizengenom: <https://biooekonomie.de/nachrichten/neues-aus-der-biooekonomie/riesengenom-von-weizen-entschluesselt>

Wissenschaftlicher Ansprechpartner:

Dr. Bernd Hackauf, Julius-Kühn-Institut (JKI), Bundesforschungsinstitut für Kulturpflanzen, Fachinstitut für Züchtungsforschung an landwirtschaftlichen Kulturen, Tel.: 03 82 09-45-207, bernd.hackauf@julius-kuehn.de

pm JKI, Stefanie Hahn

RGT CADRAN ^{neu}
Spitzengenetik für Spitzenerträge



RGT PANDORA ^{neu}
Früh drischt besser