

GENETISCHER BAUPLAN

Der Weizencode

Hochkomplex, aber extrem wichtig: Bis zum Jahr 2017 wollen Forscherinnen und Forscher den Bauplan des Brotweizens entschlüsselt haben. Damit könnte die Zukunft eines der wichtigsten Nahrungsmittel gesichert sein.

Er hat kein Gehirn, wirkt auch sonst eher einfach gestrickt und wird selten größer als ein Meter fünfzig. Und doch ist sein Erbgut fünf Mal so groß wie das des Menschen – was die Gene betrifft, ist der Brotweizen ein echter Riese. Noch dazu ein sehr wichtiger. Sei es für zahllose Backwaren, die Herstellung von Malz, Futtermittel oder schlicht zur Stärkegewinnung. *Triticum aestivum* – so der lateinische Name – ist ein echtes Multitalent. Die vollständige Entschlüsselung des genetischen Bauplans könnte es ermöglichen, entscheidende Zuchtprogramme deutlich zu beschleunigen.

Aber: Der Bauplan ist beim Brotweizen höchst komplex. Denn das Getreide besitzt nicht nur ein Genom, sondern drei. Jene drei Pflanzen, aus denen der Brotweizen einst hervorging, haben ihre Chromosomen nämlich nicht einfach gemischt, sondern vereint. Experten sprechen von Allohexaploiden. Das heißt, von jedem Chromosom gibt es nicht nur zwei Exemplare, wie etwa beim Menschen, sondern gleich sechs.

„Dieses Genom zu sequenzieren, ist eine echte Herausforderung“, sagt daher auch Dr. Manuel Spannagl, Bioinformatiker am Münchner Helmholtz Zentrum. Schon bei der unscheinbaren Acker-Schmalwand – jener Pflanze, die im Jahr 2000 als erste komplett entschlüsselt wurde – war seine Forschungsgruppe beteiligt. „Dann haben wir uns zu den komplexeren Genomen vorgearbeitet, wir hatten

schon Reis, Mais, dann Roggen und jetzt eben den Brotweizen“, sagt er. Höchste Zeit, stammen doch rund zwanzig Prozent der weltweit von Menschen konsumierten Kalorien vom Brotweizen. „Die Züchter haben an detaillierten Informationen zur Sequenz ein sehr großes Interesse“, unterstreicht Dr. Tanja Gerjets, Forschungsreferentin bei der Gemeinschaft zur Förderung von Pflanzeninnovation e.V. (GFPI), die Wichtigkeit des Projekts. „Denn damit wird die Züchtung neuer Sorten durch das frühzeitige Erkennen bestimmter Eigenschaften vereinfacht und beschleunigt.“

Konkret erhoffen sich die Züchter, künftig deutlich leichter Sorten entwickeln zu können, die eine höhere Abwehrkraft gegenüber Schädlingen aufweisen. Mit Blick auf die steigende Weltbevölkerung spielen aber auch höhere Erträge eine wichtige Rolle.

Koordiniert wird das Megaprojekt vom Internationalen Konsortium für die Sequenzierung des Weizengenoms (IWGSC). Seit zehn Jahren arbeitet die Organisation bereits an der Entschlüsselung des Brotweizengenoms – derzeit zählt sie über tausend Mitglieder aus 55 Ländern. Bereits 2014 stellten Mitglieder des IWGSC eine Übersichtssequenz des Brotweizens fertig. Ein guter Anfang, aber nicht genau genug. „Zum Beispiel fehlen dort viele Steuerungselemente, die sich vor und nach der eigentlichen Gensequenz befinden“, sagt Spannagl.

Jetzt wird das Erbgut auf der Grundlage dieser Vorarbeiten noch einmal vollständig und exakt sequenziert. „Man nennt das dann Referenzsequenz. Das heißt, sie sollte von Anfang bis Ende eines Chromosoms mit nur wenigen Unterbrechungen durchgehend sein“, so der Bioinformatiker.

Zwei der insgesamt 21 Weizenchromosomen werden dabei in Deutschland entschlüsselt. Neben den Wissenschaftlern aus München sind die Pflanzengenetiker um Dr. Nils Stein vom Institut für Pflanzengenetik und Kulturpflanzenforschung (IPK) im sachsen-anhaltinischen Gatersleben beteiligt.

„Hier werden wir die eigentliche Sequenzierung im Labor machen“, so Stein. Dabei wird die DNA in kleine Stücke zerlegt, die kurz genug sind, um sie einzeln zu entziffern. Die Bioinformatiker in München setzen aus den Stücken dann die Sequenz zusammen und interpretieren sie – eine Mammutaufgabe. Aber eben auch eine, die sich auszahlen könnte.

Das Bundesministerium für Ernährung und Landwirtschaft finanziert die Arbeiten deshalb bis 2018 insgesamt mit 1,5 Millionen Euro. Dank neuer technischer Entwicklungen könnte es aber deutlich schneller gehen. Das IWGSC rechnet bereits 2017 mit dem Projektende (siehe auch Interview S. 30).

Von Miriam Ruhenstroth