



Pressemitteilung

15. Februar 2008

Süßes Geheimnis wird gelüftet

Wissenschaftler aus Berlin und Bielefeld wollen das Genom der Zuckerrübe entschlüsseln - Grundlage für die Züchtung leistungsfähigerer Sorten wird gelegt

Forscher vom Max-Planck-Institut für molekulare Genetik in Berlin und dem Centrum für Biotechnologie (CeBiTec) der Universität Bielefeld planen, in den nächsten drei Jahren unter Beteiligung deutscher Saatgutfirmen die gesamte Erbinformation der Zuckerrübe zu entschlüsseln. Damit legen sie die Grundlage für die Züchtung leistungsfähigerer Sorten. Das Projekt wird vom Bundesministerium für Bildung und Forschung im Rahmen der Förderinitiative GABI-FUTURE mit insgesamt drei Millionen Euro gefördert.

Die Sequenzierung gesamter Genome erweitert nicht nur das Wissen über die sequenzierte Art, sondern gibt auch Hinweise auf übergreifende Fragestellungen wie die Evolution von Arten. Die Vielzahl der in den letzten Jahren entschlüsselten Genome enthält bislang nur vier Blütenpflanzen (Ackerschmalwand, Weinrebe, Pappel und Reis). Die Sequenzierung weiterer Pflanzengenome wird international vorangetrieben, z. B. bei wirtschaftlich bedeutenden Arten wie Mais, Kartoffel, Tomate und einigen Getreidearten. Auch Pflanzen wie Akelei und Gauklerblume, die aufgrund ihrer Formenvielfalt Aufschlüsse über die Neuentstehung von Arten geben können, sind für die Wissenschaft von Interesse. Wissenschaftler des Berliner Max-Planck-Instituts für molekulare Genetik sowie des Centrums für Biotechnologie (CeBiTec) der Universität Bielefeld werden nun mit modernen Techniken der Hochdurchsatzsequenzierung und bioinformatischen Methoden die Genomsequenz der Zuckerrübe ermitteln. Anschließend sollen die gefundenen Gene mit ihren biologischen Funktionen in Verbindung gebracht werden. Das Projekt wurde durch ein internationales Expertengremium begutachtet. Das Bundesministerium für Bildung und Forschung (BMBF) stellt im Rahmen der Pflanzengenominitiative GABI-FUTURE eine Förderung von insgesamt drei Millionen Euro bereit.

Zuckerrüben sind mit keiner der bisher sequenzierten Arten eng verwandt, daher wird das Spektrum der bekannten Pflanzengenome durch das Ergebnis des Vorhabens wesentlich erweitert. Das Genom der Zuckerrübe besitzt nur etwa ein



Drittel der Größe des menschlichen Genoms. Dennoch erwarten die Wissenschaftler, mehr Gene als beim Menschen zu finden. Am intensivsten wird das Forschungsgebiet der vergleichenden Genomanalyse von den Arbeiten profitieren. Die vergleichende Betrachtung von Pflanzengenomen unter Einbindung der Zuckerrübensequenz gewährt neue Einblicke in die Pflanzenevolution, darüber hinaus können einzelne Gene und Genfamilien analysiert werden. Die Wissenschaftler hoffen, dass auf Grundlage ihrer Ergebnisse molekulare Marker entwickelt werden können, welche die Züchtung leistungsfähigerer Zuckerrübensorten vereinfachen.

Kontakt:

Univ.-Doz. Dr. Heinz Himmelbauer
Max-Planck-Institut für Molekulare Genetik
Innestr. 63-73
14195 Berlin

Tel: 030-8413 1354
Email: himmelbauer@molgen.mpg.de

Prof. Dr. Bernd Weisshaar
Centrum für Biotechnologie (CeBiTec)
Universität Bielefeld
Universitätsstr. 27
33615 Bielefeld

Tel: 0521-106-8721
Email: genomforschung@uni-bielefeld.de