

## sequenziert

# Ein kleines Gras weist Forschern den Weg

**Genom einer Modellpflanze für Getreide entschlüsselt.**

**Eine internationale Initiative von Wissenschaftlern hat jetzt das Genom von *Brachypodium distachyon* entschlüsselt. Durch seine nahe Verwandtschaft zu den wichtigsten Nahrungs- und Futtergräsern ist die Pflanze wissenschaftlich von großem Wert. Die Ergebnisse der Arbeit, an der die Gruppe „Pflanzliche Genomforschung“ um Klaus Mayer vom Institut für Bioinformatik und Systembiologie des Helmholtz Zentrums München beteiligt ist, sind in der aktuellen Ausgabe von Nature veröffentlicht.**

Kaum eine Pflanze wurde in den letzten Jahren so gut untersucht, wie die Ackerschmalwand (*Arabidopsis thaliana*). Spätestens seit ihr Genom im Jahr 2000 entschlüsselt wurde, etablierte sich das kleine Kraut zum wichtigsten Modellorganismus in Pflanzenphysiologie, Molekularbiologie und Genetik. Doch der „Star“ der Pflanzengenomforschung hat jetzt Konkurrenz bekommen: Die Zwenke (*Brachypodium distachyon*) ist ein wild wachsendes Süßgras, das mit Gerste und Weizen nah verwandt ist. Genau wie *Arabidopsis* ist das Süßgras klein, schnellwüchsig und anspruchslos. Da es sich bei *Brachypodium* um eine einkeimblättrige Pflanze handelt, eignet sich das Gras deutlich besser als Modell für wichtige Nahrungs- und Futtergräser. Gerade im Rahmen der Getreideforschung sind Ergebnisse aus der zweikeimblättrigen Ackerschmalwand nicht immer gut vom Modell auf die Nutzpflanze zu übertragen.

Ursprünglich stammt *Brachypodium* aus dem östlichen Mittelmeerraum, ist heute aber weltweit in den gemäßigten Breiten anzutreffen. Der wissenschaftliche Name *Brachypodium* leitet sich ab vom griechischen *brachys* (kurz) und *pous* (Plural *podes* = Füße). Er bezieht sich auf die kurz gestielten Ährchen des Grases. Durch die nahe Verwandtschaft und das verhältnismäßig kleine Genom stellt es ein hervorragendes Referenzgenom für die genetische und genomische Analyse der wesentlich komplexeren Genome unserer Getreide dar. Das Genom von *Brachypodium* ist mit fünf Chromosomen und 272 Megabasenpaaren für eine Graspflanze relativ klein – gerade einmal doppelt so groß wie das Genom der Ackerschmalwand. Die Genome der Kulturformen von Gerste und Weizen sind allerdings 20- bis 60-mal so groß und übertreffen auch das menschliche Genom um das Doppelte bzw. Fünffache. Zur Analyse des *Brachypodium*-Genoms wandten die Wissenschaftler die so genannte „Schrotschuss-Methode“ an.

Dabei wird die DNA mehrfach kopiert und wie mit einem Schrotschuss in viele kleine Fragmente zerteilt. Diese Teile werden dann einzeln sequenziert und die Sequenz danach wieder zusammengesetzt. Ein solches Puzzlespiel ist nur mit entsprechenden Methoden der Bioinformatik, die Überlappungen in der Sequenz identifizieren und automatisch zur so genannten Konsensussequenz zusammenfügen, möglich. Das Verfahren ist deutlich schneller als herkömmliche Sequenzierungsalgorithmen, da die vorausgehende Kartierung von Genom-Fragmenten entfallen kann.

Dank der jetzt bekannten Gensequenz kann *Brachypodium* in Zukunft wesentlich zur Analyse der strukturellen und funktionellen Genomik der Süßgräser beitragen, deren mehr als 10.000 Arten die Hauptbasis der Ernährung von Mensch und Tier bilden. Angesichts des riesigen Genoms der meisten Süßgräser war es bisher unmöglich, ihre Genome zu analysieren und zu vergleichen. Das ist nun anders, wie Klaus Mayer erläutert: „Wenn wir in einem bekannten Genom, eben dem von *Brachypodium*, die in der Evolution konservierte Anordnung von Genen kennen, können wir in anderen Genomen gezielt danach suchen. Solche Referenzgene liefern uns sozusagen eine Inventarliste und ein Regalsystem, in dem wir die meisten Gene auch großer Genome wie der Gerste und des Weizens wiederfinden und anordnen können. Die molekularen Daten sind so leichter zu interpretieren. Damit wird die Analyse der großen Getreidegenome revolutioniert.“



Das Süßgras *Brachypodium distachyon*, dessen Genom jetzt vollständig entschlüsselt wurde, dient als Modell für wichtige Nahrungs- und Futtergräser (Foto: Helmholtz Zentrum München).

So entdeckten die Wissenschaftler des Konsortiums mehrere Zehntausend genetische Beziehungen zwischen *Brachypodium*, Reis, Sorghum und Weizen. Diese generelle Ähnlichkeit in Gengehalt und -struktur unterstreicht den Wert des *Brachypodium* als Modell für die funktionelle Genomik unserer Getreide. Die vergleichende Genomanalyse gibt Aufschluss etwa über die Evolution der Genomgröße, Verteilung und Vervielfältigung von Genen oder Rekombinationsvorgänge; sie hilft, Gene zu identifizieren und ihre Funktion aufzuklären. Die Analyse des *Brachypodium*-Genoms, sei ein wesentlicher Fortschritt zur nachhaltigen Sicherung der Nahrungsgrundlage des Menschen, betonen die Münchner Wissenschaftler. Die neu gewonnenen Erkenntnisse seien Voraussetzung dafür, gezielt verbesserte Getreidesorten zu züchten und tragen so zum effizienten Anbau von Nahrungs- und Futtermitteln unter sich ändernden Umweltbedingungen bei.

### Originalpublikation

*The International Brachypodium Initiative (2010) Genome sequencing and analysis of the model grass Brachypodium distachyon, Nature 463, 763-768. doi:10.1038/nature08747*