

Pressemitteilung

Heinrich-Heine-Universität Düsseldorf

Dr.rer.nat. Arne Claussen

12.08.2021

<http://idw-online.de/de/news774242>

Forschungsergebnisse, Wissenschaftliche Publikationen
Biologie, Ernährung / Gesundheit / Pflege, Tier / Land / Forst, Umwelt / Ökologie
überregional



Genauere Methode zur Bestimmung aktiver Gene

Biologie: Veröffentlichung in PLoS Genetics Die gesamte DNA eines Organismus ist deutlich umfangreicher als das tatsächlich genutzte Genom. Ein Konsortium von deutschen und US-Forschenden unter Beteiligung der Heinrich-Heine-Universität Düsseldorf (HHU) und des Max-Planck-Instituts für Pflanzenzüchtung Köln (MPIPZ) entwickelte eine Methode, die in einer einzigen Analyse alle Bereiche des aktiven Genoms bestimmen kann. Sie stellen ihre Ergebnisse anhand der Nutzpflanze Mais in der aktuellen Ausgabe der Zeitschrift PLoS Genetics vor.

Nur wenige Prozent des Genoms dienen tatsächlich dazu, die Struktur eines Organismus und seine Funktionen zu kodieren und zu steuern. Der überwiegende Rest hat keine ersichtliche Funktion. Außerdem unterscheiden sich je nach Ort und Funktion einer Zelle wiederum die Gene, die konkret aktiviert sind, um die spezielle Funktion der Zelle zu ermöglichen.

Um die Gene auszulesen, setzt das Enzym „RNA-Polymerase“ an der DNA an. Ab einer festgelegten Stelle liest es einen definierten Abschnitt des Erbmoleküls ab, indem es die Information der DNA auf ein ähnliches Molekül, die „Messenger-RNA“ (mRNA), überträgt. Die mRNA wird dann ihrerseits in die Ribosomen transportiert, die aus dem mRNA-Bauplan Proteine herstellen. Diese Proteine können als Baustein für die Zelle dienen oder aber bestimmte Funktionen in ihr steuern.

Eine entscheidende Rolle bei diesem zielgerichteten Ablesen von Genen spielen die sogenannten Transkriptionsfaktoren. Diese Proteine binden an die DNA und stellen das Startsignal für die Polymerase dar. Da diese Transkriptionsfaktoren oft nahe („cis“) an der auszulesenden Stelle ankoppeln, werden die Bindestellen auch „Cis-Elemente“ genannt; die Menge aller dieser Stellen ist das „Cistrom“.

Bisher war es äußerst aufwändig, das Cistrom eines Organismus zu bestimmen: Jeder Transkriptionsfaktor musste mit der sogenannten ChIP-Methode separat untersucht werden. Bei einer Maispflanze mit rund 2.500 Transkriptionsfaktoren bedeutet das also ebenso viele Versuche, um das gesamte Cistrom zu analysieren. Ein Team von Forscherinnen und Forschern der Florida State University in Tallahassee in den USA, des Instituts für Molekulare Physiologie der HHU und des MPIPZ in Köln entwickelte nun eine „MOA-seq“ genannte Methode, mittels derer das gesamte Cistrom in einem einzigen Versuch und mit hoher Auflösung bestimmt werden kann.

In der jetzt erschienenen Veröffentlichung in PLoS Genetics stellt das Forschungsteam außerdem vor, wie sie die neue Methode auf das Cistrom eines entwickelten Maiskolbens anwenden. Sie konnten, mit zur ChIP-Methode vergleichbarer Genauigkeit, erstmals ein Cistrom dieser für die Ernährung so wichtigen Nutzpflanze bestimmen, und dies sowohl schneller als auch mit geringeren Kosten und Materialaufwand als es mit der etablierten Methode möglich gewesen wäre.

Dr. Thomas Hartwig, am Max-Planck-Institut in Köln ansässiger Leiter des Forschungsteams „Ertragssteigerung in Mais“: „MOA-seq findet zuverlässig die Bindestellen der aktiven Transkriptionsfaktoren im Genom, die Gene an- oder

abschalten. Die Methode hat sehr vielfältige Anwendungsmöglichkeiten, zum Beispiel bei der Zuordnung von Mutationen, welche Cis-Elemente verändern und damit Genexpression und Eigenschaften kontrollierten.“

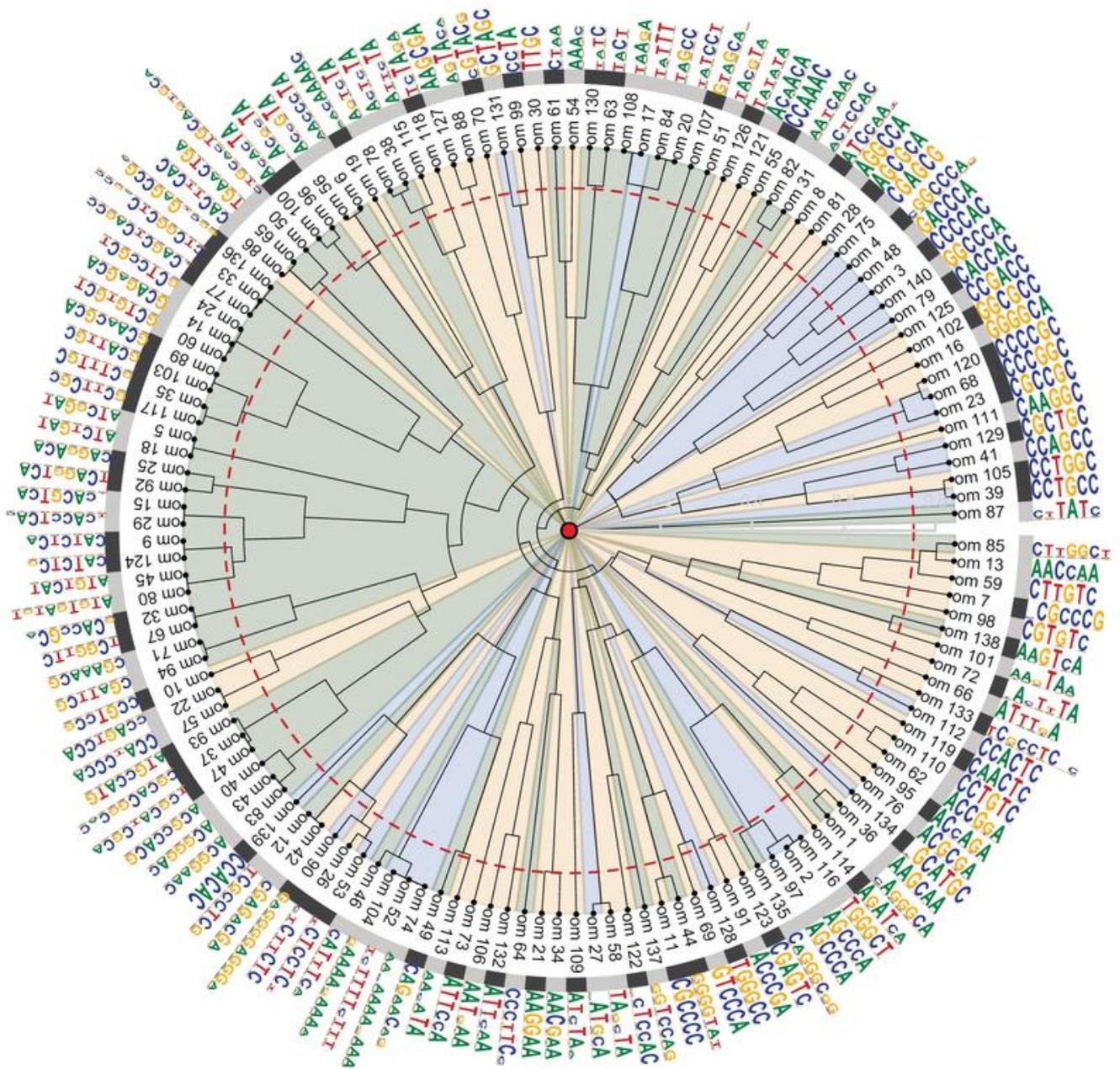
Prof. Dr. Wolf B. Frommer, Leiter des Instituts für Molekulare Physiologie der HHU, ergänzt: „Ich gratuliere Dr. Hartwig und Prof. Hank Bass von der Florida State University. Mit einer Basen-genauen Zuordnung von Variationen in Promotoren zu bestimmten Eigenschaften, wie Ertrag oder Trockenresistenz, kann die Züchtung klimaangepasster Sorten wesentlich effizienter gemacht werden.“

Die in Düsseldorf, Köln und Tallahassee entwickelte MOA-Sequenziermethode („MOA-seq“) ist auch die Grundlage eines großangelegten Projektes von Dr. Hartwigs Gruppe, um das Cistrom, welches bei Trockenresistenz in Mais und anderen Nutzpflanzen beteiligt ist, zu charakterisieren. Dazu wurde ein internationales Konsortium unter dem Namen „FIND-CIS“ gegründet, welches auch seit kurzem von der Deutschen Forschungsgemeinschaft (DFG) unterstützt wird.

Originalpublikation:

Savannah D. Savadel, Thomas Hartwig, Zachary M. Turpin, Daniel L. Vera, Pei-Yau Lung, Xin Sui, Max Blank, Wolf B. Frommer, Jonathan H. Dennis, Jinfeng Zhang, Hank W. Bass, The native cistrome and sequence motif families of the maize ear. PLoS Genetics 2021

DOI: [10.1371/journal.pgen.1009689](https://doi.org/10.1371/journal.pgen.1009689)



Die Vielzahl der verschiedenen Sequenzen, zu welchen die Transkriptionsfaktoren binden und welche das von der Forschungsgruppe beschriebene Cistrom des Mais ausmachen.
HHU / Thomas Hartwig



Dr. Thomas Hartwig (rechts) und Seung-Hyun Park, Bachelorstudent in Hartwigs Arbeitsgruppe, im Forschungsmaisfeld des Max-Planck-Instituts für Pflanzenzüchtungsforschung in Köln.
HHU / Julia Engelhorn