

**Sperrfrist: Mittwoch, 30. Mai, 19 Uhr (MESZ)!**

## **Forscherteam sequenziert das Tomatengenom**

Wissenschaftler der Universität Bonn sind an dem internationalen Projekt beteiligt

**Das Tomato Genome Consortium (TGC), eine Gruppe von mehr als 300 Wissenschaftlern aus vierzehn Ländern, hat das Erbgut der domestizierten Tomate und seiner nächsten wilden Verwandten (*Solanum pimpinellifolium*) sequenziert. Dies ist eine wichtige Grundlage, die weitere Forschung zur Optimierung der Tomatenproduktion und anderer Nutzpflanzen beschleunigen und Kosten einsparen wird. Dabei sind Resistenzen gegen Schädlinge, Krankheiten und Trockenheit von großem Interesse, die im Zuge der Domestizierung in Amerika, dem Export nach Europa im sechzehnten Jahrhundert und der folgenden intensiven Züchtung verloren gegangen sind, aber in wilden Arten gefunden werden können. Die Tomatensequenzen sind in der aktuellen Ausgabe von „Nature“ veröffentlicht.**

In Deutschland waren das Helmholtz Zentrum München, das Max-Planck-Institut für Pflanzengzüchtungsforschung in Köln und die Universität Bonn an der bioinformatischen Analyse und Annotation der Genomsequenzen beteiligt. Dabei wird die DNS-Sequenz entschlüsselt und Informationen über die enthaltenen Gene und deren Funktionen sowie weiterer Merkmale angehängt (annotiert). Diese Genomannotation wurde in einer internationalen Partnerschaft von verschiedenen Bioinformatikgruppen bearbeitet, die jeweils einen Schritt der Analyse durchführten.

Die Gruppe von Dr. Klaus Mayer am Helmholtz-Zentrum München verwaltet mehrere Pflanzengenomdatenbanken, stellte wichtige Infrastruktur für das Datenmanagement im Projekt und führte Genfamilien- und vergleichende Genomanalysen durch. Das Team von Prof. Dr. Heiko Schoof vom Max-Planck-Institut für Pflanzengzüchtungsforschung Köln und von der Universität Bonn war für die Funktionsvorhersage verantwortlich und wies allen Genen eine Beschreibung zu, die Hinweise auf die biologische Funktion gibt. Sie beteiligte sich außerdem an Expressions- und Promoteranalysen, wobei die Aktivität und Regulation von Genen untersucht wird.

Zusammengenommen bieten die vorgestellten Sequenzen den bisher detailliertesten Blick auf das Erbgut der Tomate. Hiermit sind die rund 35.000 Gene der Tomate mit ihrer Position im Erbgut und der Leserichtung der Sequenz sowie für die meisten mit Hinweisen auf ihre Funktion bekannt. Die Sequenzen werden Forschern helfen, die Beziehungen zwischen Eigenschaften und Genen der Tomate aufzudecken und ihr Verständnis zu erweitern, wie Genetik und Umweltfaktoren zusammenwirken.

Die Tomate ist ein Vertreter der Nachtschattengewächse oder Solanaceen. Die neuen Sequenzen werden eine Referenz darstellen, um wichtige Gene in verwandten Solanaceen zu identifizieren. Zu den Solanaceen gehören Kartoffel, Paprika, Aubergine und Petunie. Sie sind die weltweit wichtigste Familie von Gemüsepflanzen - sowohl hinsichtlich ihrer wirtschaftlichen Bedeutung als auch ihrer Produktionsmenge. Mitglieder der Solanaceen dienen als Nahrung, Gewürz und Arzneipflanzen.

Die Sequenzen eröffnen auch Einblicke in die Diversifizierung der Tomate und die Anpassung an neue Umweltbedingungen. Sie zeigen, dass sich das Tomatengenom vor etwa 60 Millionen Jahren abrupt verdreifacht hat. Um diese Zeit fand ein großes Massenaussterben statt, welches auch zum Verschwinden der Dinosaurier führte. Danach ging ein Großteil der verdreifachten Gene verloren. Einige der Gene, die durch dieses Ereignis erzeugt wurden, existieren aber bis heute und kontrollieren einige der attraktivsten Eigenschaften der Tomate: unter anderem Festigkeit, Reifung und Färbung der Frucht.

Das Tomato Genome Consortium (TGC) wurde im Jahr 2003 auf einer wissenschaftlichen Konferenz in Washington (DC) gegründet. Mitglieder sind Wissenschaftler aus Argentinien, Belgien, China, Frankreich, Deutschland, Indien, Israel, Italien, Japan, Korea, den Niederlanden, Spanien, dem Vereinigten Königreich und den USA. Ein wichtiger Teil der europäischen Forschungsarbeiten wurde vom sechsten Forschungsrahmenprogramm der Europäischen Kommission im Rahmen des EU-SOL Projekts gefördert (FOOD-CT-2006-016214, <http://www.eu-sol.net>).

**Die Genomsequenzen und weitere Informationen sind auf der Solgenomics Webseite (<http://solgenomics.net>) und unter <http://mips.helmholtz-muenchen.de/plant/tomato/index.jsp> verfügbar.**

**Fotos zu dieser Pressemitteilung finden Sie unter:  
<http://www3.uni-bonn.de/Pressemitteilungen/xxx-2012>**

Wissenschaftliche Kontakte:

Prof. Dr. Dani Zamir  
The Hebrew University of Jerusalem  
P.O. Box 12, Rehovot 76100 Israel  
Tel: +972-8-9489092  
E-Mail: [zamir@agri.huji.ac.il](mailto:zamir@agri.huji.ac.il)

Giovanni Giuliano, Ph.D.  
ENEA (Italian National Agency for New Technologies, Energy and Sustainable Development)  
Tel. +39 06 3048 3192  
E-Mail: [giovanni.giuliano@enea.it](mailto:giovanni.giuliano@enea.it)

Prof. Dr. Heiko Schoof

**presseinfo**



Rheinische  
Friedrich-Wilhelms-  
Universität Bonn

Universität Bonn  
INRES Crop Bioinformatics  
Tel. 0228/7360363  
E-Mail: [schoof@uni-bonn.de](mailto:schoof@uni-bonn.de)

Dr. Klaus Mayer  
Helmholtz Zentrum München  
Institut für Bioinformatik und Systembiologie  
Tel. 089/31873584  
E-Mail: [k.mayer@helmholtz-muenchen.de](mailto:k.mayer@helmholtz-muenchen.de)

Pressekontakt:

Johannes Seiler  
Universität Bonn  
Abteilung Presse und Kommunikation  
Tel. 0228/734728  
E-Mail: [j.seiler@uni-bonn.de](mailto:j.seiler@uni-bonn.de)