

Forschung

# Forscher optimieren Verfahren zur Erbgutanalyse

29. April 2021, 6:18 Uhr / Quelle: dpa /

Konstanz (dpa) - Ein weltweiter Forscherverbund möchte mit einem verbesserten Verfahren das Erbgut von 70 000 Wirbeltierarten entziffern. Das solle in den nächsten zehn Jahren geschehen, teilte eine Sprecherin der Universität Konstanz mit. Forscher der Uni waren maßgeblich an der Entwicklung der optimierten Erbgutsequenzierung beteiligt, die besonders kostengünstig und effizient sein soll.

Mit dem Verfahren wollen die Forscher einen Standard für die Sequenzierung von Genomen etablieren und es auch anderen Wissenschaftlern erleichtern, an ihrem Projekt mitzuwirken. Zugleich haben sie damit schon die Genome von 16 Tierarten sequenziert - darunter waren etwa ein Buntbarsch und ein Schnabeltier. Die Entwicklung der im Fachjournal «Nature» vorgestellten Methode hat nach Angaben des Evolutionsbiologen Axel Meyer von der Universität Konstanz fünf Jahre gedauert. Das Verfahren soll nun weltweit frei zugänglich gemacht werden.

«Genau genommen ging es uns nicht nur darum, die beste Technologie zur Sequenzierung zu finden, sondern um die beste Kombination von Technologien», schildert Meyer. Das Verfahren kombiniert laut Universität drei Teile: die sehr genaue Sequenzierung von kurzen Erbgut-Abschnitten, die etwas ungenauere von langen und die Sequenzierung von Abschnitten aus unterschiedlichen Teilen desselben Chromosoms. Mit Hilfe der langen Abschnitte blicken die Forscher zunächst wie mit einem Fernglas über die genetische Landschaft und kartieren die Genabschnitte. Anschließend entsteht mit Hilfe der zwei anderen Techniken die komplette Genomsequenz.

© dpa-infocom, dpa:210429-99-396294/2

Forschungsverband Vertebrate Genomes Project

[<http://www.vertebrategenomesproject.org>]

Mitteilung [<https://www.uni-konstanz.de/universitaet/aktuelles-und-medien/aktuelle-meldungen/aktuelles/die-kartierung-des-lebens/>]

Studie [<https://www.nature.com/articles/s41586-021-03451-0>]