Internationales "Vertebrate Genomes Project" veröffentlicht 16 neue hochqualitative Referenzgenome von Wirbeltieren

03.05.2021 | Erfolgsgeschichten

Das internationale Vertebrate Genomes Project hat in einer Sonderausgabe der Fachzeitschrift Nature und 20 begleitenden Publikationen die vollständige und nahezu fehlerfreie Sequenzierung von 16 Wirbeltier-Referenzgenomen veröffentlicht. Es ist das Ergebnis der fünfjährigen Pilotphase des Projekts und wird die vergleichende Biologie, die Erhaltung von Arten und die medizinische Forschung voranbringen.

In der Studie des Vertebrate Genomes Project (VGP) werden 16 diploide, hochqualitative, nahezu fehlerfreie und fast vollständige Referenzgenome von Wirbeltieren beschrieben. Auf der Grundlage der Genome aller Wirbeltiere besteht nun die Möglichkeit, zu untersuchen, wie Gene zur Evolution und zum Überleben dieser Arten beigetragen haben und damit offene Fragen zu menschlichen Krankheiten beantwortet werden könnten. Der überwiegende Teil der Genomdaten wurde an drei Sequenzierzentren erstellt, darunter das Rockefeller University Vertebrate Genome Lab in New York, USA (teilweise unterstützt durch das Howard Hughes Medical Institute), das Wellcome Sanger Institute in Großbritannien, und das Max-Planck-Institut für molekulare Zellbiologie und Genetik in Dresden. Auch das Leibniz-Institut für Zoo- und Wildtierforschung und das Berliner Zentrum für Genomik in der Biodiversitätsforschung trugen zu dieser Gemeinschaftsleistung bei.

Entstanden aus der zehn Jahre alten Mission der 'Genome 10K Community of Scientists (G10K)", die Genome von 10.000 Wirbeltierarten zu sequenzieren, und anderen vergleichenden Genomforschungsprojekten ist es das Ziel des VGP, nahezu fehlerfreie Referenzgenome von allen 71.000 existierenden Wirbeltierarten zu erstellen. Referenzgenome sind jeweils ein Beispielgenom einer Art und liefern eine Karte der DNA-Sequenz einer Spezies und ihres räumlichen Kontexts, also wo entlang der Chromosomen ein bestimmtes Stück der DNA-Sequenz zu finden ist. Diese Genome sollen helfen, grundlegende Fragen der Biologie, der Biodiversität, und menschlicher Krankheiten zu beantworten. Außerdem sollen die Arten identifiziert und sequenziert werden, die vom Aussterben bedroht sind, und so ihre genetischen Informationen für zukünftige Generationen bewahrt werden. Die hochqualitativen VGP-Genome sollen in Zukunft zu den wichtigsten Referenzquellen für Spezies werden. In einer digitalen Bibliothek für Genome, der "GenomArk", werden diese gespeichert und sind öffentlich zugänglich.

In der Vergangenheit war die Erstellung von Referenzgenomsequenzen teuer und arbeitsintensiv, sodass sie nur für den Menschen und die wichtigsten Modellorganismen erstellt wurden. Diese Genome enthielten immer noch Lücken und Fehler. Für ein vollständiges Verstehen evolutionärer Prozesse und anderer grundlegender Fragen in der Biologie werden jedoch qualitativ hochwertige Referenzgenome benötigt. Adam Phillippy, Vorsitzender der VGP-Genomassemblierungs- und Informatik-Arbeitsgruppe mit über 100 Mitgliedern und Leiter der Genom-Informatik-Abteilung des National Human Genome Research Institute, National Institutes of Health, Bethesda, Maryland, USA, sagt:

> *"Die Fertigstellung des ersten Wirbeltier-Referenzgenoms, des Menschen, dauerte über 10 Jahre und kostete 3 Milliarden Dollar. Dank der fortlaufenden Forschung und der Investitionen in die DNA-Sequenzierungstechnologie in den letzten 20 Jahren können wir diese erstaunliche Leistung jetzt mehrmals täglich für nur wenige tausend Dollar pro Genom wiederholen."*

Dieses umfangreiche vergleichende Genomprojekt stellt eine neue Ära in der Genomforschung dar, indem es neuartige Pipelines für hochmoderne und konsistente Sequenzierungs-, Assemblierungs- und Annotationstechniken entwickelt und einsetzt. Diese können helfen, grundlegende Fragen der vergleichenden Biologie, Genetik, Biodiversität, Artenerhaltung und Gesundheit in Zukunft zu beantworten. Das Projekt dient auch als Modell für wissenschaftlichen Kooperationen, vor allem für weitere groß angelegte Genomprojekte. Beispielhaft sind die umfangreiche Infrastruktur sowie die erfolgreiche Zusammenarbeit von Hunderten internationalen Wissenschaftlern aus mehr als 50 Institutionen in 12 verschiedenen Ländern (Australien, Dänemark, Deutschland, Großbritannien, Indien, Irland, Kanada, Kolumbien, Russland, Singapur, Spanien und USA) seit das VGP im Jahr 2016 initiiert wurde.

Im nächsten Schritt wird das VGP die weltweite Zusammenarbeit mit anderen Konsortien fortsetzen, um Phase 1 des Projekts abzuschließen, dessen Ziel die Sequenzierung jeweils einer repräsentativen Art aus den 260 Ordnungen der Wirbeltiere ist. Technologische Fortschritte, verbesserte Berechnungsmethoden und die ständig sinkenden Sequenzierungskosten ermöglichen es dem VGP, das ehrgeizige Ziel zu verfolgen, ein Referenzgenom für jede existierende Wirbeltierart der Erde zu erstellen. In der ersten Phase des Projekts konzentriert sich das VGP auf Verbesserung von Genomsequenzierungs- und Assemblierungsansätzen sowie Erstellung von 260 hochwertigen Genomen von Arten, die alle Wirbeltierordnungen repräsentieren. Das VGP wird weiterhin weltweit aktiv sein und mit anderen Konsortien zusammenarbeiten, um Phase 1 des Projekts abzuschließen. Phase 2 wird repräsentativen Arten aus jeder Wirbeltierfamilie beinhalten. Zurzeit werden die zu sequenzierenden Tierarten identifiziert und Mittel zur Finanzierung beschafft. Das VGP hat eine Politik der offenen Tür und heißt weitere Kollaborationspartner willkommen, sich diesem Projekt anzuschließen, angefangen von der Mittelbeschaffung über die Probensammlung bis hin zur Erstellung von Genomassemblierungen oder man kann seine eigenen Genomassemblierungen einbringen, die die VGP-Metriken als Teil der Gesamtmission erfüllen.

Zum Nachlesen

- Nature (28.04.2021): Towards complete and error-free genome assemblies of all vertebrate species
- Max-Planck-Institut für molekulare Zellbiologie und Genetik (28.04.2021): Das "Vertebrate Genomes Project": eine neue Ära der Genomsequenzierung
- Leibniz-Institut für Zoo- und Wildtierforschung (29.04.2021): 16 Wirbeltier-Referenzgenome veröffentlicht: Leibniz-IZW und BeGenDiv beteiligt an einer neuen Ära in der Genomsequenzierung

Quelle: Max-Planck-Institut für molekulare Zellbiologie und Genetik

Redaktion: 03.05.2021 von Anna März, VDI Technologiezentrum GmbH

Länder / Organisationen: Kanada, Kolumbien, USA, Indien, Singapur, Dänemark, Deutschland, Irland, Russland, Spanien, Vereinigtes Königreich (Großbritannien), Australien

Themen: Grundlagenforschung, Lebenswissenschaften

Zurück

Weitere Informationen