



# Pressemitteilung

## Europaweite Studie zur Epigenetik des Acker-Hellerkrauts

**Forschungsteam unter der Leitung der Universität Tübingen untersucht, welchen Einfluss Gene und Umwelt auf natürliche epigenetische Variationen der weitverbreiteten Wildpflanze haben**

**Dr. Karl Guido Rijkhoek**  
Leiter

**Janna Eberhardt**  
Forschungsredakteurin

Telefon +49 7071 29-76788  
+49 7071 29-77853

Telefax +49 7071 29-5566  
karl.rijkhoek[at]uni-tuebingen.de  
janna.eberhardt[at]uni-tuebingen.de

[www.uni-tuebingen.de/aktuell](http://www.uni-tuebingen.de/aktuell)

Tübingen, den 09.11.2022

Zu den vererbaren Variationen innerhalb einer Art tragen kleine Unterschiede in der DNA-Sequenz bei, aber auch chemische Modifikationen der DNA, sogenannte epigenetische Veränderungen. Um deren Bedeutung für die Evolution von Pflanzen besser zu verstehen, untersuchte ein internationales Forschungsteam unter der Leitung von Professor Oliver Bossdorf vom Institut für Evolution und Ökologie der Universität Tübingen jetzt in einer europaweiten Studie zahlreiche Populationen des Acker-Hellerkrauts. Die Forscherinnen und Forscher verknüpften DNA-Sequenzen und Umweltdaten der Herkunftsorte mit der epigenetischen Variation dieser Wildpflanze. Ihren Ergebnissen zufolge wird ein großer Teil der epigenetischen Markierungen vor allem durch die DNA-Sequenz bestimmt. Ein Teil der epigenetischen Variation steht aber stark im Zusammenhang mit den klimatischen Bedingungen der Pflanzen-Herkunftsorte. In der Landwirtschaft könnte das Acker-Hellerkraut künftig als Winterdeckfrucht und als Grundlage für Biokraftstoff an Bedeutung gewinnen. Die Studie wurde in der Fachzeitschrift *PLoS Genetics* veröffentlicht.

Das Acker-Hellerkraut oder auch Acker-Pfennigkraut, lateinisch *Thlaspi arvense*, ist eine einjährige weißblühende Wildpflanze aus der Familie der Kreuzblütler, die in großen Teilen Europas und in Asien beheimatet ist. Ihre deutschen Namen erhielt sie aufgrund der Form ihrer runden Früchte, die an Münzgeld erinnern. Für die Studie sammelten die Forscherinnen und Forscher europaweit in 207 wilden Populationen des Acker-Hellerkrauts Samen und zogen deren Nachkommen im Labor unter Standardbedingungen auf. Aus Proben dieser Pflanzen analysierten sie dann deren komplette DNA-Sequenzen, sowie die 'Methylome', die Gesamtheit der DNA-Methylierungen – wichtige epigenetische Veränderungen, die beeinflussen, ob und wie häufig bestimmte Gene abgelesen werden.

## Potenzielle Nutzpflanze

„Man kann die Bedeutung der Epigenetik für die Evolution und Anpassungsfähigkeit von Pflanzen nur verstehen, wenn man umfangreiche und hochaufgelöste Daten sowohl zur Genetik als auch Epigenetik vieler Pflanzenherkünfte und zu deren Umweltbedingungen hat. Bisher gab es solche Daten ausschließlich für wenige Modellpflanzen der Pflanzenforschung wie die Ackerschmalwand *Arabidopsis thaliana*“, sagt Oliver Bossdorf. Gemeinsam mit dem Forschungsteam habe er nun erstmals eine solche Kombinationsuntersuchung an einer Wildpflanze vorgenommen, die an zahlreichen natürlichen Standorten gesammelt wurde.

„Bei den DNA-Methylierungen, also epigenetischen Markierungen, im Genom des Acker-Hellerkrauts haben wir eine starke geografische Variation festgestellt. Ein großer Teil davon hängt direkt mit der DNA-Sequenz zusammen. Doch wird, je nach Kontext im Genom, ein wichtiger Anteil auch durch die Umweltbedingungen am Herkunftsort der Pflanze bestimmt“, sagt Bossdorf. Dies legt nahe, dass epigenetische Variationen beim Acker-Hellerkraut eine Rolle bei der kurzzeitigen Anpassung an das herrschende Klima spielen könnten. Das Acker-Hellerkraut werde aktuell als Grundlage für einen neuen Biotreibstoff gezüchtet und solle künftig auch als Deckfrucht von Feldern im Winter eingesetzt werden, berichtet der Wissenschaftler. „Unsere Ergebnisse könnten daher auch für die Landwirtschaft nutzbar sein, vor allem beim Anbau des Acker-Hellerkrauts unter sich verändernden Klimabedingungen.“



Den runden Schötchen, die an Münzen erinnern, verdankt *Thlaspi arvense* die deutschen Namen Acker-Hellerkraut oder Acker-Pfennigkraut.

Foto: Anupoma Niloya Troyee



Aus Samen europaweiter Populationen des Acker-Hellerkrauts (*Thlaspi arvense*) wurden für die neue Studie Pflanzen im Gewächshaus unter standardisierten Bedingungen herangezogen.

Fotos: Dario Galanti

**Publikation:**

Dario Galanti, Daniela Ramos-Cruz, Adam Nunn, Isaac Rodríguez-Arévalo, J. F. Scheepens, Claude Becker, Oliver Bossdorf: Genetic and environmental drivers of large-scale epigenetic variation in *Thlaspi arvense*. *PLoS Genetics*, <https://doi.org/10.1371/journal.pgen.1010452>

**Kontakt:**

Prof. Dr. Oliver Bossdorf  
Universität Tübingen  
Institut für Evolution und Ökologie  
Evolutionäre Ökologie der Pflanzen  
Telefon +49 7071 29-78809  
oliver.bossdorf[at]uni-tuebingen.de