

Pressemitteilung

Universitätsklinikum Regensburg

Cordula Heinrich

21.04.2009

<http://idw-online.de/de/news311090>

Forschungsergebnisse, Forschungsprojekte
Medizin
überregional



Internationales FANTOM Konsortium veröffentlicht Pionierstudien

Das internationale FANTOM Konsortium veröffentlichte in Nature Genetics eine neue Methode zur Erkennung von Genetischen Regulationsnetzwerken.

Wissenschaftler des internationalen FANTOM Konsortiums (Functional Annotation of the Mammalian cDNA) unter der Leitung des Omics Science Center (OSC) vom RIKEN Yokohama Institut veröffentlichen drei Pionierstudien in der angesehenen Zeitschrift Nature Genetics. Darin stellen sie sowohl eine neue Methode zur Bestimmung der Regulierung von Genen in Säugetieren vor, als auch gegenwärtig bestehende Thesen über diese Regulierung in Frage. Die diesen Studien zugrunde liegenden Daten wurden der wissenschaftlichen Gemeinschaft in einer frei zugänglichen Datenbank zur Verfügung gestellt.

Im derzeit 4. Stadium, FANTOM4, wurde die vom OSC entwickelte Technologie CAGE (Cap Analysis of Gene Expression) um die besonders genaue Bestimmung der DNA Sequenzen mit Hilfe von DNA-Sequenziermaschinen der nächsten Generation erweitert (deepCAGE). Sowohl exakte Genstartpositionen als auch die Expression, d.h. die Menge des primären Genproduktes, jedes einzelnen Gens wurden präzise identifiziert. Am Beispiel der Entwicklungsstadien einer bisher viel studierten Krebszelllinie, der akuten myeloischen Leukämie (AML), wurden mit Hilfe eines Computermodells allein aus den experimentellen Daten und unter Ignorierung bekannten Wissens alle bekannten Schlüsselgene sowie viele der bekannten Genregulationen gefunden.

Als deutscher Part dieses internationalen Konsortiums bringt PD Dr. rer. nat. Michael Rehli, Wissenschaftler an der Abteilung für Hämatologie und internistische Onkologie des Universitätsklinikums Regensburg, seine langjährige Erfahrung über das untersuchte Zellsystem ein und war an der Planung und thematischen Ausrichtung der Forschungsinitiative beteiligt.

Dieser erste Bericht über ein groß dimensioniertes genetisches Netzwerk basierend auf einem experimentellen Datensatz ruft in der wissenschaftlichen Gemeinschaft viel Aufsehen hervor. Für Biowissenschaftler und Mediziner sind die entwickelte deepCAGE Technologie, die in Zusammenhang damit entwickelten bioinformatischen Methoden sowie die bereit gestellten Daten von großer Bedeutung. Die Erkenntnisse können ein besseres Verständnis für die Prozesse liefern, durch welche Zellen krebserregend werden können und wie das Wachstum und die gezielte Differenzierung von Stammzellen reguliert werden. Ein weiteres Anwendungsgebiet ist die Sicherheit des Einsatzes von Stammzellen in regenerativer Medizin. Wissenschaftlicher Koordinator des Konsortiums, Dr. Harukazu Suzuki, dazu: "Wir sind stolz, mit dieser bahnbrechenden Forschungsarbeit ein besseres Verständnis zu ermöglichen, wie Gene auf molekularer Ebene Zellen regulieren. Wir wollen allen Mitgliedern des Konsortiums unsere Anerkennung für ihren großartigen Beitrag in dieser Forschungsanstrengung aussprechen."

Neue Erkenntnisse wurden auch über die überall im Säugetiergenom vorfindbaren Transposonen (springende Gene) gewonnen, deren Funktion bisher größten Teiles unbekannt war. Es hat sich heraus gestellt, dass diese Elemente häufig gewebespezifisch exprimiert und dynamisch gesteuert sind, was vermuten läßt, dass sie eine regulierende Rolle spielen. Die FANTOM-Mitarbeiter haben außerdem eine andere Art von kurzen RNAs, genannt tiRNAs

(Transkriptionsinitiations-RNA) oder kleine RNAs, in Mensch, Huhn und Fruchtfliege identifiziert. Sie umfassen ungefähr 18 Nukleotide in Länge und finden sich innerhalb von -60 bis +120 nt der Transkriptionsstartstellen und dürften in Metazoen (Tieren) tatsächlich weit verbreitet sein. Eine Themenserie von BioMed Central (BMC) zeigt weitere FANTOM4-Studien in Genombiologie- und anderen BMC-Magazinen.

URL zur Pressemitteilung: <http://fantom.gsc.riken.jp/> - FANTOM Konsortium

URL zur Pressemitteilung: <http://www.nature.com/ng/journal/vaop/ncurrent/abs/ng.375.html> - Publikation in Nature Genetics