(idw)

idw - Informationsdienst Wissenschaft
Nachrichten, Termine, Experten

Pressemitteilung

Max-Delbrück-Centrum für Molekulare Medizin (MDC) Berlin-Buch

Barbara Bachtler

05.02.2004

http://idw-online.de/de/news75533

Forschungsergebnisse
Biologie, Ernährung / Gesundheit / Pflege, Informationstechnik, Medizin
überregional

Variationen im Genom

S p e r r f r i s t: Donnerstag, 5. Februar 2004, 20.00 Uhr

Ob jemand eine besondere Disposition für eine bestimmte Krankheit hat oder nicht, darüber können unter Umständen Gene und ihre Varianten (Mutationen) Einblick geben. Aber woher wissen Wissenschaftler, ob eine Sequenzvariante, also eine Änderung in der Reihenfolge der DNA-Bausteine, tatsächlich eine Rolle bei der Entstehung von Krankheiten spielt? Bei einigen Krankheiten sind solche genetischen Ursachen bekannt. Mit der Entschlüsselung der Genome des Menschen und mehrerer Modellorganismen, wie der Ratte oder der Maus zum Beispiel, versuchen Wissenschaftler aber, dieser Frage systematisch auf den Grund zu gehen. Einen ersten Schritt, der helfen könnte Sequenzvarianten mit einer Funktion im Genom zu erkennen, haben jetzt Dr. Heike Zimdahl und Dr. Norbert Hübner vom Max-Delbrück-Centrum für Molekulare Medizin (MDC) Berlin-Buch in Zusammenarbeit mit der MWG-Biotech AG in Ebersberg sowie Wissenschaftlern aus den USA und England getan. Sie verglichen so genannte cDNAs (die Abkürzung steht für complementary DNA) von drei verschiedenen Laborrattenstämmen mit dem "Standardgenom" der Ratte und spürten dabei über 12 000 Variationen auf. Die von ihnen aufgestellte "Karte" ist nach ihrer Ansicht ein wertvolles Instrument für die vergleichende Genomanalyse mit anderen Säugern und könnte helfen, medizinisch wichtige Gene zu identifizieren. Ihre Arbeit hat jetzt die renommierte Fachzeitschrift Science (Vol. 303, 6. Februar 2004, p. 807)* veröffentlicht.

Wird ein Gen abgelesen, so wird die Sprache der Gene (DNA) umgeschrieben in eine andere Sprache (RNA), um dann in Aminosäuren, den Bausteinen der Proteine, übersetzt zu werden. Proteine sind Genprodukte und für den Aufbau und Betrieb eines Organismus lebensnotwendig. Wird die RNA rückwärts gelesen, entsteht ein der RNA entsprechender (komplementärer) cDNA-Strang. Mit Hilfe dieser rückwärtsgelesenen Sprache können Wissenschaftler auf entsprechende Gensequenzen rückschließen. Weiter können sie einzelne Veränderungen im Ablauf der Gensequenz erkennen, in der Fachsprache kurz SNP (single nucleotide polymorphisms) genannt. Mit dieser Technik haben die Wissenschaftler die erste cDNA basierte SNP-Karte der Ratte aufgestellt. Sie ist in einer wissenschaftlichen Datenbank (ENSEMBL) einsehbar und damit eine öffentlich zugängliche Quelle für die Forschung. Damit ist nach Auffassung der Wissenschaftler die Grundlage dafür geschaffen, systematisch nach funktionellen Varianten im Genom zu suchen.

*A SNP Map of the Rat Genome Generated from cDNA Sequences
Heike Zimdahl[1], Gerald Nyakatura[2], Petra Brandt[2], Herbert Schulz[1], Oliver Hummel[1,3], Berthold Fartmann[2], David Brett[2], Marcus Droege[2], Jan Monti[1], Young-Ae Lee[1], Yinyan Sun[1,3], Shaying Zhao[4], Eitan Winter[5], Chris Ponting[5], Yuan Chen[6], Arek Kasprzyk[6], Ewan Birney[6], Detlev Ganten[1], Norbert Hubner[1]
Science, Vol. 303, 6. Februar 2004, p.807
[1]Max-Delbrück-Center for Molecular Medicine (MDC), Robert-Rössle-Str. 10, 13092 Berlin-Buch, Germany
[2]MWG-Biotech, Anzinger Str. 7a, 85560 Ebersberg, Germany
[3]Max-Planck-Institute for Molecular Genetics, Ihnestr. 73, 14195 Berlin, Germany
[4]The Institute for Genomic Research, Rockville, Maryland 20850, USA
[5]MRC Functional Genetics Unit, University of Oxford, South Parks Road, Oxford OX1 3QX, United Kingdom
[6]EMBL, European Bioinformatics Institute, Hinxton, Cambridge CB10 1SD, United Kingdom

MDC- Presse- und Öffentlichkeitsarbeit
Robert-Rössle-Str 10
13125 Berlin
Barbara Bachtler
Tel: 030/94 06 - 38 96
Fax:030/94 06 - 38 33
e-mail:bachtler@mdc-berlin.de
http://www.mdc-berlin.de