

Press release**Max-Delbrück-Centrum für Molekulare Medizin (MDC) Berlin-Buch****Barbara Bachtler**

04/28/2008

<http://idw-online.de/en/news257661>Research results, Scientific Publications
Biology, Chemistry, Information technology, Medicine, Nutrition / healthcare / nursing
transregional, national**Neues Werkzeug für Suche nach krankheitsrelevanten Variationen im Genom**

S p e r r f r i s t: Montag, 28. April 2008, 20:00 Uhr MESZ Die genetische Grundlage von Krankheiten lässt sich jetzt leichter erforschen. Dr. Kathrin Saar und Prof. Norbert Hübner vom Max-Delbrück-Centrum für Molekulare Medizin (MDC) in Berlin-Buch haben in einem europäisch-japanischen Forschungsverbund eine Genomkarte mit über 300 verschiedenen Rattenstämmen erstellt. Das neue Werkzeug kann helfen, die Entstehung von Herz-Kreislauf-Erkrankungen oder Diabetes in Laborratten und auch beim Menschen zu verstehen. Die Arbeit ist in dem Fachjournal Nature Genetics (Vol. 40, Nr. 5, 2008) online veröffentlicht.

Für die Analyse der genetischen Ursachen von Volkskrankheiten sind Laborratten besonders geeignet. Forscher nutzen Laborratten seit über 150 Jahren als Modelltier in klinischen Forschungslabors. Im Genom eines jeden Lebewesens, so auch der Laberratte, gibt es Variationen (SNPs) in der Bausteinabfolge der Erbsubstanz DNA, die sie von ihren Artgenossen unterscheiden. Wissenschaftler untersuchen diese SNPs, um zu klären, ob es Variationen im Genom gibt, die Krankheiten verursachen oder ihre Entstehung beeinflussen. Einige Millionen dieser Variationen gibt es in jedem Individuum. Die MDC-Forscher und ihre Kollegen aus dem Ausland haben jetzt drei Millionen SNPs im Rattengenom identifiziert. Sie haben damit ihr bisheriges Werkzeug, das auf der Analyse von drei Laborrattenstämmen beruhte, erheblich verfeinern können.

SNP and haplotype mapping for genetic analysis in the rat

The STAR Consortium¹

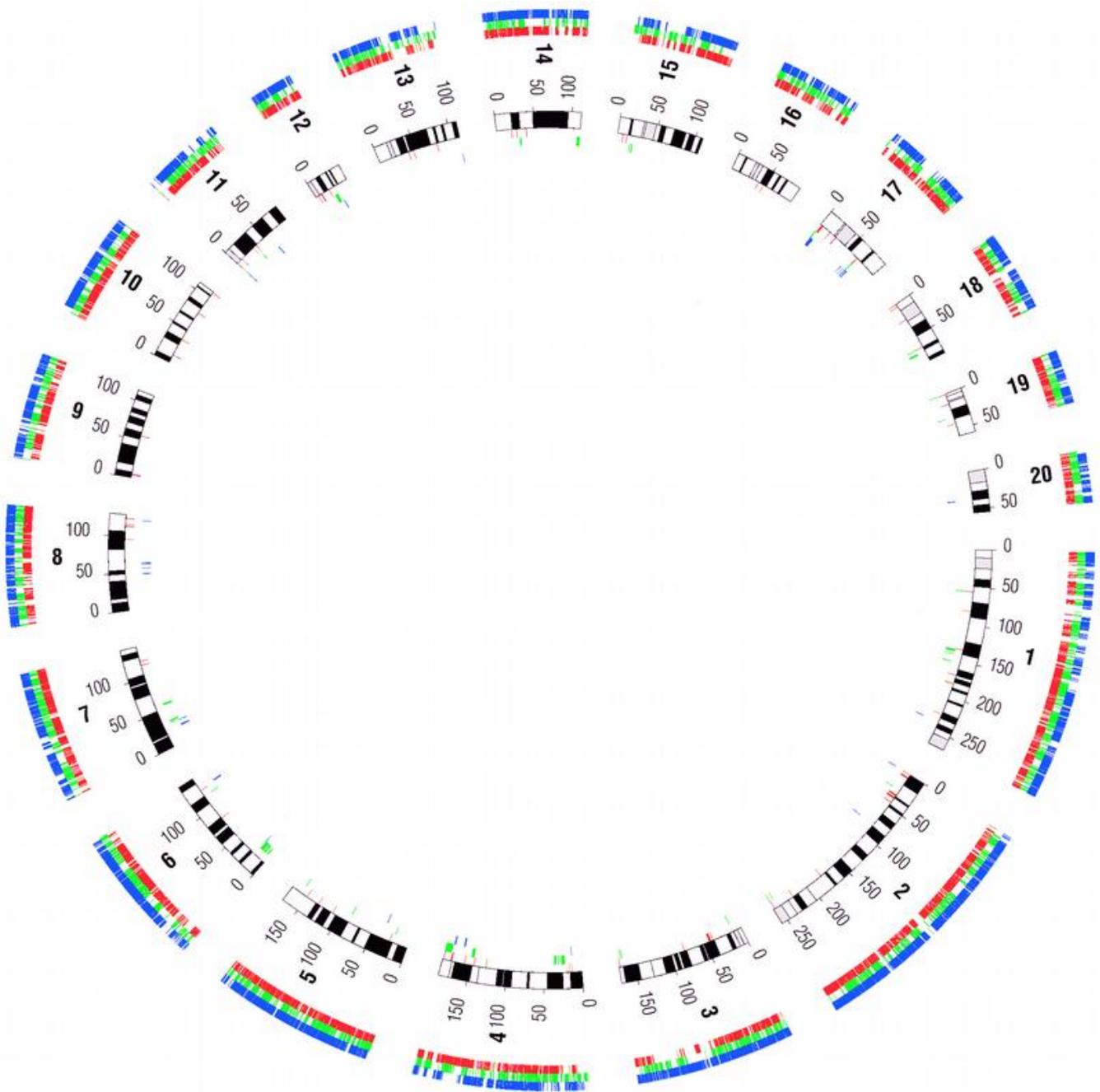
The complete list of authors is as follows:

The STAR Consortium: Kathrin Saar¹, Alfred Beck², Marie-Thérèse Bihoreau³, Ewan Birney⁴, Denise Brocklebank³, Yuan Chen⁴, Edwin Cuppen⁵, Stephanie Demonchy⁶, Paul Flicek⁴, Mario Foglio⁶, Asao Fujiyama^{7,8}, Ivo G Gut⁶, Dominique Gauguier³, Roderic Guigou⁹, Victor Guryev⁵, Matthias Heinig¹, Oliver Hummel¹, Niels Jahm¹⁰, Sven Klages², Vladimir Kren¹¹, Heiner Kuhl², Takashi Kuramoto¹², Yoko Kuroki⁷, Doris Lechner⁶, Young-Ae Lee¹, Nuria Lopez-Bigas⁹, G Mark Lathrop⁶, Tomoji Mashimo¹², Michael Kube², Richard Mott³, Giannino Patone¹, Jeanne-Antide Perrier-Cornet⁶, Matthias Platzer¹⁰, Michal Pravenec¹¹, Richard Reinhardt², Yoshiyuki Sakaki⁷, Markus Schilhabel¹⁰, Herbert Schulz¹, Tadao Serikawa¹², Medya Shikhagaie⁹, Shouji Tatsumoto⁷, Stefan Taudien¹⁰, Atsushi Toyoda⁷, Birger Voigt¹², Diana Zelenika⁶, Heike Zimdahl¹ & Norbert Hübner¹

Affiliations for participants: ¹Max-Delbrück-Center for Molecular Medicine (MDC), Robert-Roessle-Strasse 10, 13125, Berlin, Germany. ²Max Planck Institute for Molecular Genetics, Berlin, Germany. ³Wellcome Trust Centre for Human Genetics, University of Oxford, Oxford, UK. ⁴European Bioinformatics Institute, Hinxton, UK. ⁵Hubrecht Institute, Utrecht, The Netherlands. ⁶CEA/Institut de Génomique, Centre National de Génotypage, Evry, France. ⁷RIKEN Genomic Sciences Center, Kanagawa 230-0045, Japan. ⁸National Institute of Informatics, Tokyo 101-8430, Japan. ⁹Centre de Regulació Genòmica, Barcelona, Spain. ¹⁰Leibniz-Institut für Altersforschung - Fritz-Lipmann-Institut, Jena, Germany. ¹¹Institute of Physiology, Czech Academy of Sciences and 1st Medical Faculty, Charles University, Prague, Czech Republic. ¹²Institute of Laboratory Animals, Graduate School of Medicine, Kyoto University, Yoshidakonoe-cho, Sakyo-ku, Kyoto 606-8501, Japan.

Barbara Bachtler
Pressestelle
Max-Delbrück-Centrum für Molekulare Medizin (MDC) Berlin-Buch
Robert-Rössle-Straße 10
13125 Berlin
Tel.: +49 (0) 30 94 06 - 38 96
Fax: +49 (0) 30 94 06 - 38 33
e-mail: presse@mdc-berlin.de
<http://www.mdc-berlin.de/de/news>

URL for press release: http://www.mdc-berlin.de/de/news/2004/20040205-variationen_im_genom/index.html



Auf dieser Genomkarte können Wissenschaftler erkennen, wie die genetischen Variationen (SNPs, markiert in grün, rot und blau) auf die einzelnen Chromosomen der Ratte (schwarz-weiß markiert) verteilt sind.
(Graphik: Matthias Heinig/Copyright: MDC)