



Presseinformation

München,
14. Juni 2007, Nr. 45

»Genetischer Müll« als Ordnungshüter

Ein internationales Forscherteam fand heraus, dass die Teile des Erbguts, die bislang als »genetischer Müll« angesehen wurden, als Bauplan für Ribonukleinsäuren, RNA, dienen – ebenso wie die anderen Teile des Genoms. Diese »Müll-RNAs« sind keinesfalls unwichtig, sie scheinen an der Entstehung von Krankheiten wie Krebs oder Herzinfarkt beteiligt zu sein. Die Ergebnisse sind im renommierten Wissenschaftsmagazin Nature erschienen.

Die menschliche DNA besteht aus 3,3 Milliarden Basenbuchstaben – eine unvorstellbare Zahl. Nach der gängigen Lehrmeinung braucht der Mensch jedoch nur 1,5 Prozent davon: Als Blaupause setzen sich nach ihren Vorgaben zunächst RNA zusammen, die wiederum als Strickmuster für Proteine dienen, den Grundbausteinen der Zellen. Der Rest des Genoms – also 3,25 Milliarden Basenbuchstaben – galt bisher als genetischer Müll ohne nennenswerte Funktion.

Nun müssen einige Kapitel der Lehrbücher umgeschrieben werden: Denn wie ein internationales Forscherteam herausfand, werden auch die als »genetischer Müll« oder als »nichtkodierende Gene« bezeichneten Abschnitte des Erbguts nahezu vollständig in RNA übersetzt. Und sie haben zudem eine Funktion: Die »Müll-RNAs« regulieren die Gene, nach deren Bauplan die Proteine zusammengesetzt werden. Geht hier etwas schief, produziert der Körper also beispielsweise zu viel oder zu wenig Proteine, gerät die Körperzelle aus dem Gleichgewicht – Krankheiten entstehen.

»Unsere Ergebnisse eröffnen viele neue Möglichkeiten für die Krankheitsdiagnostik und werden künftig sicher auch für die Therapie interessant – etwa bei Krebs oder Herzinfarkten«, sagt Dr. Jörg Hackermüller vom Fraunhofer-Institut für Zelltherapie und Immunologie IZI, das gemeinsam mit der Universität Leipzig am Projekt beteiligt ist – als einzige deutsche Partner in einem internationalen Forscherteam. Andere beteiligte Länder sind die USA, Kanada, Singapur, Spanien, und Großbritannien. »Bisher hat man sich bei der Suche nach krebserrelevanten Genen auf die kodierenden Bereiche beschränkt, also auf knapp zwei Prozent des Erbguts. Nun können wir die Gen-Diagnose auf das gesamte Genom ausweiten.«

Ansprechpartner:
Dr. Wilhelm Gerdes
Telefon: 03 41 / 3 55 36-1 30
Fax: 03 41 / 3 55 36-1 09
wilhelm.gerdes@izi.fraunhofer.de

**Fraunhofer Institut für
Zelltherapie und Immunologie IZI**
Deutscher Platz 5e
04103 Leipzig
www.izi.fraunhofer.de

**Fraunhofer-Gesellschaft
Presse und Öffentlichkeitsarbeit**
Franz Miller / Janine Drexler
Hansastraße 27c
80686 München
Telefon: 0 89 / 12 05-13 01
Fax: 0 89 / 12 05-75 15
presse@zv.fraunhofer.de
www.fraunhofer.de/presse



Presseinformation

14. Juni 2007
Seite 2

Der Vorteil einer solchen Gen-Diagnose und -Krankheitsbehandlung: Genetische Defekte stehen ganz am Anfang einer Krankheit. Über sie könnten die Ärzte Erkrankungen künftig sehr früh diagnostizieren und behandeln – und würden so wertvolle Zeit gewinnen. Für einige Krankheiten ist der Zusammenhang mit den »Müll-RNAs« bereits geklärt: So ist etwa beim Prostatakrebs eine dieser RNAs falsch reguliert. »Beim Prostatakrebs ist man bereits heute so weit, dass man diese Methode prinzipiell zur Diagnose einsetzen kann«, sagt Prof. Peter Stadler von der Universität Leipzig. »Insgesamt lernen wir jedoch erst, mit solchen Fragestellungen umzugehen, da die Forschung sich bisher nur auf die Bereiche konzentriert hat, die den Bauplan für die Proteine liefern.«

30 Millionen Basenbuchstaben des menschlichen Genoms hat die internationale Forschergruppe für das Projekt »Encyclopedia of DNA Elements ENCODE« analysiert, das im Jahr 2003 vom National Human Genome Research Institute ins Leben gerufen wurde. »Die untersuchten Genabschnitte haben wir so ausgewählt, dass sie Rückschlüsse auf das gesamte Genom erlauben«, sagt Hackermüller. Die Ergebnisse wurden am 14. Juni 2007 in der Zeitschrift Nature veröffentlicht.

Eine weitere Erkenntnis der Forschergruppe: Die nichtkodierenden RNAs arbeiten viel spezifischer als die RNAs, die als Bauplan für die Proteine dienen. Oft sind diese »Müll-DNAs« nur in einem einzigen Gewebe aktiv.

Die **Fraunhofer-Gesellschaft** ist die führende Organisation für angewandte Forschung in Europa. Unter ihrem Dach arbeiten 56 Institute an über 40 Standorten in ganz Deutschland. Rund 12 500 Mitarbeiterinnen und Mitarbeiter erzielen das jährliche Forschungsvolumen von 1,2 Mrd Euro. Davon erwirtschaftet die Fraunhofer-Gesellschaft rund zwei Drittel aus Aufträgen der Industrie und öffentlich finanzierten Forschungsprojekten. Die internationale Zusammenarbeit wird durch Niederlassungen in Europa, den USA und Asien gefördert.