

Genomforschung als Informationsforschung

Die DNA-Sequenzierung ist als wissenschaftliche Methode heutzutage unverzichtbar geworden und nicht mehr wegzudenken. Die rasante Weiterentwicklung der Genomanalyse bildet schon heute die Grundlage für Innovationsschübe, die den Bereich der Lebenswissenschaften und der Medizin nachhaltig verändern werden. Vor allem in der Humandiagnostik kommen diese neuen Technologien der Erbgutanalyse immer stärker zum Einsatz, erlauben sie doch die Diagnose seltener Erbkrankheiten oder die Analyse von Krebserkrankungen. Peter Pohl, Geschäftsführer und Mitgründer der GATC Biotech AG, erklärt im Interview, warum die Gensequenzierung zukünftig einen noch höheren Stellenwert einnehmen wird.

Herr Pohl, wo wird die DNA-Sequenzierung heute eingesetzt und warum ist sie für die Medizin so wichtig?



Die moderne Medizin befindet sich derzeit im Wandel von einer empirischen Vorgehensweise hin zu einer wissenschaftlich fundierten. Molekulare Analyseverfahren wie z.B. die Genomsequenzierung ermöglichen ein genaueres naturwissenschaftliches Verständnis der Ursachen und weiteren Entwicklung von Erkrankungen. Bestimmbare Messgrößen, sogenannte Biomarker, werden deshalb verstärkt in Behandlungsprozesse einbezogen.

Der Fortschritt und das immer breiter werdende Anwendungsspektrum auf dem Gebiet der DNA- und RNA-Sequenzierung führen zum vermehrten Einsatz von Genomanalysen im klinischen Alltag. Genetische Merkmale und Ursachen von Krankheiten können so früher erkannt werden und in die Verbesserung der Präventions- oder Therapiemöglichkeiten einfließen.

In den vergangenen Jahren stand zunächst

„Im hoch innovativen Umfeld unserer Branche weiß man nie, was am nächsten Tag passieren wird. Das gefällt mir.“ Peter Pohl, Geschäftsführer und Mitgründer der GATC Biotech AG
© GATC Biotech

die Entschlüsselung des Erbguts im Vordergrund. Mittlerweile unterliegt die Genomforschung einem Paradigmenwechsel von der Grundlagenforschung in den klinischen Alltag. Die personalisierte Krebsdiagnostik zur individuellen

Charakterisierung der Erkrankung, aber auch zur therapiebegleitenden Überwachung, sind hierfür prominente Beispiele.

Warum ist es so wichtig, die Next-Generation-Sequenzierung weiter auszubauen? Wo sehen Sie die zukünftigen Anwendungsbereiche?

Das Anwendungspotenzial der Entschlüsselung der genetischen Information ist enorm. Erstmals ist es möglich, den Informationsgehalt der Evolution zu entziffern und nutzbar zu machen. Genomforschung ist also Informationsforschung und stellt somit eine Schlüsseltechnologie dar. Die Genomanalyse wiederum ist Grundlage für weitere Innovationsschübe im Bereich der Lebenswissenschaften, vor allem in der molekularen Diagnostik, aber beispielsweise auch in der Optimierung industrieller Prozesse zur Arzneimittel- oder Lebensmittelherstellung. Eine weitere Anwendung ist die Erforschung der molekularen Grundlagen von zellulären Prozessen und deren Regulation.



Logistik, Standardisierung, Parallelisierung der Prozessabläufe und ein eigens entwickeltes Labor-Informationen-Management-System (LIMS) sind Garant für eine schnelle Bearbeitung des Probenaufkommens.
© GATC Biotech

Die Anwendungsmöglichkeiten in der Genomforschung sind vielfältig – von der Exomsequenzierung über die Erforschung des Transkriptom bis hin zur Epigenetik, der Erforschung der molekularen Mechanismen, die zu einem stärkeren oder schwächeren Ablesen der Gene führt, ohne dass diese Information in der Genomsequenz gespeichert ist.

Diese ist besonders interessant, da neueste Forschungen zeigen, dass die Entstehung von Krankheiten oder die Veränderung von Persönlichkeitsmerkmalen epigenetisch beeinflusst sein können.

Entsprechend dem aktuellen Stand der Wissenschaft und den Anforderungen am Markt arbeitet GATC Biotech an neuen Produkten. Was sind Ihre neuesten Produkte?

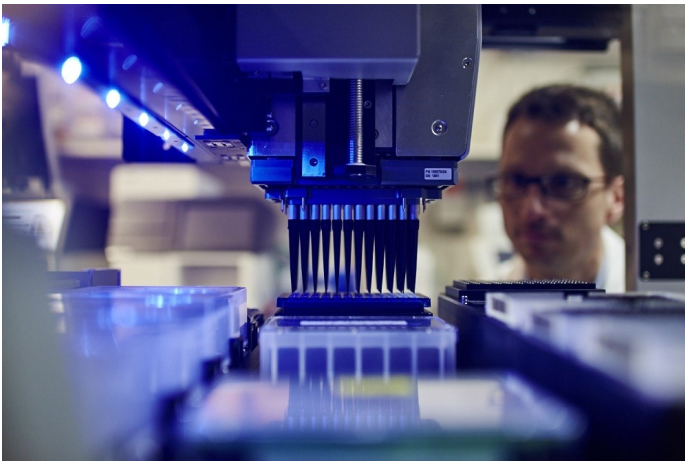
Innovation wird in der Produktentwicklung von GATC Biotech groß geschrieben. Es gibt zum Beispiel zwei neue Produkte zur Untersuchung von PCR-Fragmenten von bis zu 3.000 Basenpaaren. Diese ermöglichen Wissenschaftlern die kosteneffiziente Hochdurchsatz-Sequenzierung spezifischer Zielregionen komplexer Genome.

Die neuartige Flexibilität in der Länge ermöglicht die Charakterisierung von benachbarten SNPs (Single Nucleotide Polymorphism), regulatorischen Sequenzen in den nicht translatierten Regionen sowie anderer genetisch bedingten Charakteristika, welche in der Regel nicht durch kürzere, relativ

einfach zu sequenzierende PCR-Fragmente abgedeckt werden. Dies hat den großen Vorteil, dass nicht nur die meisten Gene komplett analysiert werden können, sondern auch benachbarte Bereiche, die unter Umständen Einfluss auf das Übersetzungsverhalten des jeweiligen Gens haben. Da mehrere Abschnitte durch einen einzigen Read an einem Stück abgedeckt werden, können auch Co-Varianten entdeckt und quantifiziert werden.

Spezifische Anwendungen für das Produkt INVIEW AMPLICON Ultra-long sind beispielsweise CRISPR Genome Editing oder Human-Leukozyten-Antigen(HLA)-Typisierung. INVIEW AMPLICON Ultra-deep, zur Analyse von kürzeren Fragmenten bis zu 570 Basenpaaren, ist bestens zur Identifizierung von seltenen Mutationen in komplexen und heterogenen Proben geeignet.

Wer ist die Zielgruppe der neuen Produkte und wo sollen sie eingesetzt werden?



Akkreditierte Prozesse nach ISO 17025 sind die Grundlage für höchste Qualitätsansprüche und Zuverlässigkeit in der Diagnostik.
© GATC Biotech

Die Zielgruppen lassen sich meistens nicht ganz klar definieren. Grenzen sind hier fließend, da wir mit unseren Entwicklungen sowohl Mediziner für Anwendungen in der Humandiagnostik oder der translationalen Medizin ansprechen als auch die industrielle und akademische Forschung für verschiedenste Bereiche.

Die Sequenzierung von PCR-Fragmenten wird im medizinischen Bereich für die Detektion seltener genetischer Varianzen, z.B. bei Erbkrankheiten, verwendet. Außerdem ist es eine effektive Methode zur taxonomischen Profilierung mikrobieller Gemeinschaften mit Hilfe der 16S rRNA. Hier reichen die Anwendungen von der Optimierung von Lebensmitteln,

kosmetischen Produkten oder Futterzusatzstoffen bis hin zur Analyse von Umweltproben.

Welche Entwicklungen plant die GATC zukünftig?

Weitere Ziele sind die Beschleunigung der medizinischen Forschung, die Verknüpfung phänotypischer Merkmale mit den zugrundeliegenden Genen sowie die Identifikation krebserrelevanter Genvarianten. Schon heute bedient man sich der DNA- und RNA-Sequenzierung für diagnostische Fragestellungen, für Biomarker ID und Medikamentenentwicklung. Dennoch steht die Technologie erst am Anfang ihres vollumfänglichen Potenzials.

Aktuell konzentriert sich unsere unternehmerische Energie auf einen völlig neuen Ansatz für den Bereich der personalisierten Medizin. In einem Early-Access-Programm stellen wir Wissenschaftlern die neuartige GATCLIQUID Technology Suite zur Verfügung, um gemeinsam neue diagnostische Tests im Bereich der Onkologie zu entwickeln. GATCLIQUID liegt ein Verfahren zur Diagnose von Krebserkrankungen aus Blut (engl. Liquid Biopsy) zugrunde. Daraus werden sich Produkte ableiten, mit denen wir bestrebt sind, in den kommenden Jahren Krebs von einer tödlichen in eine chronische Krankheit zu wandeln. Wir sind fest davon überzeugt: GATCLIQUID wird das „Röntgen des 21. Jahrhunderts“.

Fachbeitrag

21.01.2016

Jochen Goedecke

BioLAGO

© BIOPRO Baden-Württemberg GmbH

Weitere Informationen

Peter Pohl

Geschäftsführer GATC Biotech AG

Jakob-Stadler-Platz 7

D-78467 Konstanz

E-Mail: p.pohl(at)gatc-biotech.com

▶ [GATC Biotech](#)
AG

Der Fachbeitrag ist Teil folgender Dossiers



Data-Mining: Neue Chancen für Medizin und Gesundheit

Gendiagnostik

Genomik

Sequenzierung

DNA-Analytik

PCR