

Deutschland startet Epigenom Programm DEEP

21 Forschergruppen aus ganz Deutschland haben sich im deutschen Epigenom-Programm (DEEP) zusammengefunden, um 70 Epigenome menschlicher Zelltypen zu entschlüsseln. Das Wissen um diese zusätzlich zu den Genen existierenden Markierungen wird zu neuartigen Einsichten in die zellspezifischen Programme gesunder und kranker, alter und junger Zellen führen. Das Deutsche Krebsforschungszentrum (DKFZ) übernimmt die zentrale Datenspeicherung. Das DEEP wird vom Bundesministerium für Bildung und Forschung (BMBF) gefördert.

DEEP ist die deutsche Beteiligung am weltweit koordinierten International Human Epigenome Consortium (IHEC). Darin verfolgen Forscher unter Verwendung einheitlicher Standards das ambitionierte Ziel, 1000 Epigenome zu entschlüsseln. Damit werden erstmals umfassende vergleichbare Datenanalysen und -bewertungen möglich. Die deutschen Wissenschaftler werden im Rahmen von DEEP Zellen analysieren, die bei Fettleibigkeit, entzündlichen Darmerkrankungen und bei Arthritis eine Rolle spielen. Für diese Aufgabe stellt das Bundesministerium für Bildung und Forschung (BMBF) in den kommenden fünf Jahren insgesamt 16 Millionen Euro zur Verfügung.

Mit dem Begriff Epigenetik bezeichnen Wissenschaftler vererbare Eigenschaften von Zellen, die nicht in der Sequenz der DNA-Bausteine festgeschrieben sind. Mit der vollständigen Entschlüsselung des menschlichen Erbgutes wurde zunehmend klar, dass viel mehr Faktoren die Funktionen des menschlichen Körpers regulieren als die Gene alleine. Eiweiße, die regulieren, wie zugänglich einzelne Gene sind, spielen für die Funktion der Gene eine gewaltige Rolle. Zudem gibt es chemische Veränderungen der Genbausteine selbst, die diese mit zusätzlichen „epigenetischen“ Informationen versehen. Gemeinsam bestimmen diese epigenetischen Modifikationen, welche Gene wann und wo an- und abgeschaltet werden und wie Zellen ihre speziellen genetischen Programme umsetzen. Die Kenntnis dieser epigenetischen Markierungen soll Auskunft darüber geben, wie etwa die Lebensführung, zum Beispiel die Ernährung, bestimmte Genfunktionen in betroffenen Zellen ändert. Epigenetiker erforschen daher, wie Gene in den Zellen programmiert werden und welchen Einfluss die Umwelt darauf hat.

Wissenschaftler erstellen epigenetische Karten von 70 Zelltypen

Im Rahmen von DEEP wollen die Wissenschaftler „epigenetische Karten“ von insgesamt 70 ausgesuchten menschlichen Zelltypen erstellen. Im Fokus stehen Zellen, die bei Stoffwechsel- und Entzündungskrankheiten wie krankhaftes Übergewicht und rheumatische Arthritis eine Rolle spielen. Durch die systematische Kartierung können die Forscher besser verstehen, wie Zellen miteinander biochemisch kommunizieren und wie aus Kommunikationsstörungen Krankheiten entstehen.

Die 70 Epigenom-Karten werden dabei von Zelltypen erstellt, wobei jeweils gesunde und kranke Zellen miteinander verglichen werden. Für diese Aufgabe nutzen die Forscher neueste Hochdurchsatztechnologien in sechs Datenproduktions- und drei Datenanalyse-Zentren. Das Deutsche Krebsforschungszentrum übernimmt dabei die Funktion des zentralen Datenspeichers. Alle Daten werden in öffentlichen Datenbanken direkt für die weltweite biomedizinische Forschung zugänglich und nutzbar gemacht. Als Zentrum für die Koordination wurde Saarbrücken ausgewählt, der Koordinator des Programms ist der Epigenetiker Prof. Jörn Walter von der Universität des Saarlandes.

Im Arbeitsprogramm von DEEP werden neben der Kartierung auch direkte funktionelle Studien an menschlichen Zellen oder Modellorganismen durchgeführt. Ziel dieser Arbeiten ist es, den Nutzen der Kartierungsdaten für das Verständnis von Krankheiten zu verdeutlichen.

Die Partner in DEEP sind: Deutsches Krebsforschungszentrum Heidelberg, Deutsches Rheumaforschungs-Zentrum Berlin, EURICE – European Research and Project Office GmbH, IFADO Dortmund, Institut für Arbeitsmedizin Dortmund, Max-Delbrück-Centrum Berlin, Max-Planck-Institut für Immunologie und Epigenetik Freiburg, Max-Planck-Institut für Informatik Saarbrücken, Max-Planck-Institut für molekulare Genetik Berlin, Qiagen AG Hilden, Sanofi-Aventis Höchst, Universität Duisburg-Essen, Universität Kiel, Universität Münster, Universität Regensburg, Universität des Saarlandes.

Neben Deutschland sind die Europäische Union sowie Forschungsinstitutionen aus den USA, aus Kanada, Japan und Südkorea an IHEC beteiligt.

Pressemitteilung

31.08.2012

Quelle: Deutsches Krebsforschungszentrum (30.08.2012)(P)

dkfz.



Deutsches Epigenom Programm