

Wie sich das Geheimnis krankheitsrelevanter Proteine lüften lässt

Krebsforscher entwickeln Leitfaden, um die Puzzleteile der Genomforschung erstmals systematisch zu einem Gesamtbild zusammenzufügen

Die Ergründung zellulärer Mechanismen, die zu Krankheiten wie Krebs führen, stellt die Biomedizin vor eine große Herausforderung. Wissenschaftler der Abteilung Molekulare Genomanalyse unter Leitung von Professor Annemarie Poustka, Deutsches Krebsforschungszentrum, haben sich dieser komplexen Aufgabe angenommen und einen bislang einzigartigen Leitfaden entwickelt, der es Wissenschaftlern ermöglicht, der Funktion von Proteinen schnell und effizient auf die Spur zu kommen. In einem kürzlich veröffentlichten Artikel der Fachzeitschrift „Genome Research“* stellen Dr. Stefan Wiemann und seine Kollegen diese „Funktionelle Pipeline“ vor. In dieser Pipeline haben die Wissenschaftler eine Fülle von Daten aus der Genomforschung zusammengetragen und zeigen beispielhaft die Wirkung von Genen und ihren Proteinen in zellulären Systemen. Diese umfassende Übersicht über die zahlreichen Informationen führt etwa zu dem konkreten Hinweis, ob ein Protein in einem Zusammenhang mit dem Zellzyklus und damit möglicherweise auch mit Krebs stehen könnte. Das Projekt wurde vom Bundesforschungsministerium im Rahmen des Nationalen Genomforschungsnetzes gefördert.

Nach der Entschlüsselung des Erbguts des Menschen beginnt erst die eigentliche Aufgabe der Wissenschaftler. Dazu gehört zunächst die Identifizierung der vorhandenen Gene und ihrer Abschriften, die als Bauanleitung für Proteine dienen. Im nächsten Schritt gilt es, den Einsatzort der Eiweißmoleküle aufzuklären und die Wirkungen und Wechselwirkungen mit anderen Zellkomponenten zu analysieren. Das Verständnis dieser vielfältigen biologischen Prozesse ermöglicht es schließlich, zwischen gesundem und krankem Organismus zu unterscheiden. Die Erkenntnisse bilden damit die Voraussetzung, um neue diagnostische und prognostische Ansätze sowie Therapien zu entwickeln.

Stefan Wiemann und seine Kollegen nutzen Methoden der Bioinformatik und genomische Datenbanken, um Forschungsergebnisse zusammenzutragen, auszuwerten und mit unterschiedlichsten Daten aus Hochdurchsatzverfahren zu verknüpfen. In Verbindung mit Ergebnissen experimenteller Forschung, etwa zur Lokalisierung von Proteinen in der Zelle oder zu Aktivierungsmustern der Gene, so genannten Expressionsprofilen, entsteht eine umfassende Sammlung derzeit verfügbarer Informationen. Mit der Bereitstellung dieses Wissens in einer öffentlich zugänglichen Internetplattform unter www.dkfz.de/LIFEdb haben Wiemann und seine Kollegen in der Post-Genomsequenzierungs-Ära einen großen Beitrag zum Verständnis von biologischen Vorgängen geleistet.

*„From ORFeome to Biology: A Functional Genomics Pipeline“, Stefan Wiemann et. al., Genome Research, October 2004; 14(10B):2136-44.

Das Deutsche Krebsforschungszentrum hat die Aufgabe, die Mechanismen der Krebsentstehung systematisch zu untersuchen und Krebsrisikofaktoren zu erfassen. Die Ergebnisse dieser Grundlagenforschung sollen zu neuen Ansätzen in Vorbeugung, Diagnose und Therapie von Krebserkrankungen führen. Das Zentrum wird zu 90 Prozent vom Bundesministerium für Bildung und Forschung und zu 10 Prozent vom Land Baden-Württemberg finanziert und ist Mitglied in der Helmholtz-Gemeinschaft Deutscher Forschungszentren e.V.

Diese Pressemitteilung ist abrufbar unter www.dkfz.de/pressemitteilungen

Dr. Julia Rautenstrauch
Presse- und Öffentlichkeitsarbeit
Deutsches Krebsforschungszentrum
Im Neuenheimer Feld 280
D-69120 Heidelberg
T: +49 6221 42 2854
F: +49 6221 42 2968