

**Sperrfrist: Mittwoch, 10. August 2005, 19.00 Uhr MEZ**

## **Rasterfahndung nach Krebsgenen**

Forscherteam identifiziert bisher unbekannte Gene, die für die Signalübertragung bei Leukämie und anderen Krebsarten von Bedeutung sind

Ursache von Krebs sind häufig Störungen von Informationswegen, die die Teilung von Zellen regulieren. **Dr. Michael Boutros**, Leiter der Boveri-Nachwuchsgruppe „Signalwege und Funktionelle Genomik“ des Deutschen Krebsforschungszentrums (DKFZ), hat zusammen mit einem Team um **Dr. Martin Zeidler**, Abteilung Molekulare Entwicklungsbiologie des Max-Planck-Instituts für biophysikalische Chemie in Göttingen, den so genannten JAK/STAT-Signalweg untersucht, der bei Leukämien und Lymphomen eine wichtige Rolle spielt. Dabei fanden sie zuvor unbekannte Gene und Proteine, die für Krebstherapie und –diagnostik interessant werden könnten. Die Forscher setzten dabei auf die RNA-Interferenz-Methode, mit der man erstmals alle Komponenten einer Informationskaskade im gesamten Genom gleichzeitig untersuchen kann. Ihre Ergebnisse werden in der aktuellen Ausgabe der Zeitschrift *Nature*<sup>\*</sup>, 11. August 2005, veröffentlicht.

Mit dem RNA-Interferenz-Verfahren entdeckten die Wissenschaftler Gene, die für 4 bekannte und 86 nicht charakterisierte Proteine codieren. Darunter sind mehrere Gene, die bei der Entstehung von Leukämien eine Rolle spielen. Die Forscher synthetisierten rund 20 000 künstliche RNA-Kopien, mit denen man über 90 Prozent der Drosophila-Genaktivität lahm legen kann. Damit fahndeten sie gezielt nach Genen, die Komponenten des JAK/STAT Signalwegs positiv oder negativ regulieren. Da diese Methode bei menschlichen Zellen noch nicht genomweit funktioniert, untersuchten die Wissenschaftler das Genom der Taufliege Drosophila. Der JAK/STAT-Signalweg ist in der Evolution von der Fruchtfliege bis zum Menschen hoch konserviert, weshalb Signalkaskaden bei Fruchtfliege und Mensch ähnlich aufgebaut sind. Im nächsten Schritt wollen Boutros und sein Team einzelne der neu identifizierten Komponenten molekularbiologisch-biochemisch charakterisieren, um deren Funktion in menschlichen Zellen zu erforschen.

JAK steht für „Janus Tyrosin Kinase“; JAKs sind Enzyme, die Transkriptionsfaktoren im Zellkern anschalten, die wiederum die Aktivität von Genen steuern. Der Transkriptionsfaktor STAT (signal transducer and activator of transcription) beeinflusst Gene, die die Zellteilung oder –differenzierung beeinflussen.

Beide Kooperationspartner werden im Rahmen des Emmy-Noether-Nachwuchsprogramms von der Deutschen Forschungsgemeinschaft gefördert.

*\*Patrick Müller, David Kutenkeuler, Viola Gesellchen, Martin P. Zeidler and Michael Boutros: "Identification of novel JAK/STAT signalling components by genome-wide RNAi", Nature, 11. August 2005*

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.

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

Dr. Martin Zeidler  
Max Planck Institut für biophysikalische Chemie  
Göttingen  
Tel: +49 551 201-1671  
Fax: +49 551 201-1755  
E-Mail: [mzeidle@gwdg.de](mailto:mzeidle@gwdg.de)