

WISSENSCHAFT EPIGENETIK

Wie Umweltfaktoren bis tief ins Erbgut wirken

Von Adrian Lobe | Veröffentlicht am 29.11.2011 | Lesedauer: 3 Minuten



Berühmtes Zwillingsspaar: Alice und Ellen Kessler

Quelle: dpa/DPA

Selbst eineiige Zwillinge mit identischer DNA sehen nicht zwangsläufig gleich aus. Europäische Forscher entschlüsseln, wie Umweltfaktoren unser Erbgut beeinflussen.

Gene entscheiden, wie wir aussehen, welche Fähigkeiten wir haben und welche Krankheitsrisiken wir tragen. Drei Milliarden Buchstaben lang ist die DNA eines Menschen, geschrieben aus einem Gewirr aus den Buchstaben A, T, G und C. Dahinter steckt der Name der Proteine: Adenin, Thymin, Guanin und Cytosin.

Seit 2003 ist die Buchstabenfolge bekannt. Doch bleibt das Verständnis der Genfunktionen rudimentär. Wie ist es etwa zu erklären, dass eineiige Zwillinge mit derselben DNA nicht völlig identisch aussehen?

Fest steht: In der Genomfunktion kommt es zu erblichen Veränderungen, ohne dass eine Abweichung in der DNA auftritt. Die Frage ist: Was ist programmiert, was von der Umwelt beeinflusst?

Epigenetiker untersuchen, inwieweit externe Faktoren dafür verantwortlich sind, ob Gene aktiviert werden oder nicht. "Die Epigenetik beschäftigt sich mit Genregulationsmechanismen, indem sie die Verpackung der DNA in der Zelle untersucht. Im Gegensatz zur DNA, die in jeder Körperzelle gleich ist, ist die Verpackung verschieden. Dies kann erklären, wie Zellen bestimmte Gene regulieren", sagt Dirk Schübeler vom Friedrich Miescher Institute for Biomedical Research (FMI) in Basel.

Der Biologe ist mit seinem Labor Teil des EU-Forschungsprojekts "Blueprint". Das Programm, das mit 30 Millionen Euro von der EU gefördert

wird, vereinigt 41 Forschungsinstitute und Universitäten. Ziel ist es, eine vollständige Karte des menschlichen Genoms mit all seinen Steuerungsfunktionen zu entwerfen.

“Die Epigenetik ist eine relativ neue Forschungsdisziplin“, sagt Schübeler. “Die Auswirkungen der Mechanismen auf die Genomfunktion erkennt man erst seit wenigen Jahren. Inzwischen können wir sie im ganzen Genom untersuchen.“

Methylierung durch Stress oder Ernährung

Die medizinische Genomforschung hat nachgewiesen, dass das menschliche Genom komplexen Regulationsmechanismen unterworfen ist. Epigenetische Faktoren, wie etwa die DNA-Methylierung, haben entscheidenden Einfluss auf die Steuerung verschiedener Genaktivitäten - und damit auf die Entstehung von Krankheiten.

Bei der Methylierung werden sogenannte Methylgruppen an einzelne Buchstaben der DNA gehängt, ohne dass die Abfolge verändert wird. Die chemischen Bausteine verhindern, dass die unterliegenden Gene abgelesen werden können. Sie bilden eine Art Blockiersystem.

Der Prozess wird durch Umwelteinflüsse wie Stress oder Ernährung hervorgerufen und kann zu einem stark veränderten Phänotyp führen. Doch wie wird das Epigenom von diesen Faktoren beeinflusst?

Um dies zu klären, wollen die Forscher 60 Blutzellen und 60 Krebszellen analysieren. Blutzellen haben den Vorteil, dass sie sich regelmäßig erneuern und Zellen in verschiedenen Reifestadien enthalten.

“Die Epigenome von Blutzellen könnten allgemeine Gesetze enthüllen, wie Zellen sich entwickeln“, sagt Henk Stunnenberg von der Uni Nijmegen in den Niederlanden. Der Abgleich von gesunden und kranken Zellen könnte Aufschluss darüber geben, ob es epigenetische Abweichungen gibt. Das könnte auch in der Prävention und Therapie nützen.

“Anders als genetische Anomalien, die weder der Körper noch die Medizin verändern können, sind epigenetische Strukturen revidierbar“, sagt Schübeler. “Sollten Krankheiten epigenetische Ursachen haben, wäre es zumindest denkbar, diese gezielt wieder zu ändern. Ob das der Fall ist und funktionieren könnte, wird man sehen müssen.“

Ein Angebot von WELT und N24.

© WeltN24 GmbH

Die WELT als ePaper: Die vollständige Ausgabe steht Ihnen bereits am Vorabend zur Verfügung – so sind Sie immer hochaktuell informiert. Weitere Informationen: <http://epaper.welt.de>

Der Kurz-Link dieses Artikels lautet: <https://www.welt.de/105332382>