



Pressemitteilung

21. November 2006

Analyse des Seeigelgenoms abgeschlossen:

Mensch und Seeigel haben mehr gemeinsam als bislang angenommen.

Internationales Forscherteam unter Beteiligung von Wissenschaftlern des Max-Planck-Institutes für molekulare Genetik in Berlin berichtet von der vollständigen Sequenzierung und Analyse des 800Mb großen Seeigelgenoms

Seeigel gehören zu den Deuterostomia (Neumündern), einer großen Gruppe von Tieren, zu denen auch der Mensch zählt. Die sog. Annotation, die Suche und Zuordnung der 23.500 Gene des Seeigelgenoms bestätigte nun, dass Seeigel uns evolutionär näher stehen als Fliegen und Würmer. In der aktuellen Ausgabe des Wissenschaftsmagazins „Science“ (10. November 2006, Vol. 314, No. 5801) berichtet ein internationales Forscherteam unter Beteiligung von Wissenschaftlern des Max-Planck-Instituts für molekulare Genetik über die vollständige Sequenzierung und Analyse des 800Mb großen Seeigelgenoms. Die Forscher haben herausgefunden, dass Seeigel genauso viele Gene im licht- und geruchssensorischen Bereich haben wie Vertebraten. Überraschend Erkenntnisse gab es vor allem im Bereich der Gene, die für die Immunabwehr zuständig sind. So wurden beim Seeigel Gene für Immunproteine gefunden, die zuvor nur bei Wirbeltieren vermutet wurden.

Das Wissen über die Anzahl und genomische Organisation der Gene, die bei der Immunantwort eine Rolle spielen, ist gerade für das Verständnis von komplexen Abläufen bei der Genregulation von großem Wert. Schon seit langem arbeitet die Arbeitsgruppe „*Evolution und Entwicklung*“ am Max-Planck-Institut für molekulare Genetik an der Identifizierung von Komponenten des regulatorischen Netzwerkes des Seeigelgenoms und der Computeranalyse der Genomorganisation.

Hierzu spielen Experimente, bei denen das Auslesen der Erbinformation untersucht wird, eine große Rolle. Wichtige Elemente dabei sind kleine Bereiche der DNA, auf denen die Gene liegen, an die die sog. Transkriptionsfaktoren binden. Diese Transkriptionsfaktoren sind für die Aktivierung von Genen verantwortlich, d.h. über sie wird geregelt, zu welchem Zeitpunkt und in welchem Maße eine Erbinformation ausgelesen bzw. nicht ausgelesen wird. Wissenschaftler können diese regulatorischen Elemente manipulieren und dann auf Grund von Änderungen in der Entwicklung die eigentliche Funktion dieses jeweiligen regulatorischen Elementes ausmachen. Gerade für solche Art von Experimenten ist der Seeigel ein bevorzugtes Modellsystem. Die Nützlichkeit von Seeigeln als experimentellem System liegt u.a. darin, dass auf sehr einfache Weise Ei- und Samenzellen in großen Mengen aus den Tieren gewonnen werden können und diese aufgrund ihrer Größe und Resistenz einfach zu manipulieren sind. Durch die im Vergleich zu Wirbeltieren sehr schnell ablaufende Entwicklung der befruchteten Seeigeleier können die Effekte der vorgenommenen Manipulationen zeitnah beobachtet werden

Da die Wissenschaftler davon ausgehen, dass die Prinzipien der Genregulation für alle Organismen Gültigkeit besitzen, ist die nun vorliegende Information über das Genom des Seeigels und die damit



verbundenen experimentellen Möglichkeiten für die moderne Genomforschung von sehr großer Bedeutung.

Von der Berliner Arbeitsgruppe wurde auch eine Datenbank entwickelt auf die unter http://www.molgen.mpg.de/~ag_seaurchin/ zugegriffen werden kann.

Originalveröffentlichung:

The Genome of the Sea Urchin *Strongylocentrotus purpuratus*, Sea Urchin Genome Sequencing Consortium, Science, Vol. 314, 10th November 2006, 941-952.

Weitere Informationen:

Dr. Georgia Panopoulou
(panopoul@molgen.mpg.de)

Dr. Albert Poustka
(Poustka@molgen.mpg.de)
Max-Planck-Institut für molekulare Genetik
AG Evolution and Development
Ihnestrasse 73-75
D-14195 Berlin

Tel.: 030 / 8413-1235
Fax: 030/8413-1380

Dr. Claudia Falter
Max-Planck-Institut für molekulare Genetik
Ihnestrasse 73-75
D-14195 Berlin

Tel.: 030 / 8413-1716
Fax: 030 / 8413-1671
Email: falter@molgen.mpg.de

Kontaktadresse für die Veröffentlichung:

George M. Weinstock (gwstock@bcm.tmc.edu)
Human Genome Sequencing Center, Baylor College of Medicine
Houston, USA