



Pressemitteilung

24. Oktober 2008

MPI für molekulare Genetik ist deutscher Partner des 1000 Genome-Projekts

Bundesministerium für Bildung und Forschung fördert Beteiligung der Berliner Wissenschaftler mit insgesamt 4,9 Millionen Euro

99% der Gene sind bei allen Menschen identisch. Nur 1% des gesamten Erbmaterials variiert zwischen verschiedenen Personen. Wissenschaftler interessieren sich jedoch vor allem für die Unterschiede, da diese nach unserem bisherigen Wissen für die individuelle Empfänglichkeit gegenüber Krankheiten, Medikamenten und Umwelteinflüssen verantwortlich sind. Die Erstellung einer genauen Karte solcher Unterschiede im Erbmaterial verschiedener Individuen ist Ziel des internationalen 1000 Genome-Projekts, das im Januar 2008 gestartet wurde. Im August dieses Jahres wurde das Max-Planck-Institut für molekulare Genetik aus Berlin als neuntes und bisher letzter Partner in das internationale Konsortium aufgenommen. Heute konnte die Datenproduktion der Pilotphase des Projektes erfolgreich abgeschlossen werden. Ermöglicht wurde dies durch Unterstützung des Bundesministeriums für Bildung und Forschung, welches die Beteiligung der Berliner Forscher an dem internationalen Großprojekt im Rahmen des Programms „Integrierte Verbünde der medizinischen Genomforschung NGFN-Plus“ mit insgesamt 4,9 Millionen Euro fördert.

Knapp dreizehn Jahre dauerte die Entschlüsselung des Humangenoms. Über 1.000 Forscher aus 40 Ländern waren daran beteiligt, etwa drei Milliarden Basenpaare wurden im Rahmen des Projekts entziffert. Seit Abschluss des Humangenomprojektes im Jahre 2003 hat die Sequenzieretechnologie jedoch große Fortschritte gemacht. Inzwischen sind neue Technologien verfügbar, die es erlauben, in kurzer Zeit und zu einem Bruchteil der früheren Kosten das Erbmaterial einzelner Individuen detailliert zu charakterisieren. Dies ermöglicht die Konzeption und Durchführung von Projekten, die noch vor zwei Jahren unvorstellbar waren. So gründet sich im Januar 2008 ein internationales Forschungskonsortium von zunächst fünf Partnern, um eine Karte der genetischen Variation des Menschen in bisher nicht erreichter Qualität zu erstellen. Nach der Aufnahme dreier weiterer Partner im Juni ist im August diesen Jahres das Max-Planck-Institut für molekulare Genetik aus Berlin als neuntes und bisher letzter Partner in das internationale Konsortium aufgenommen worden.



„Für die deutsche Forschungslandschaft ist es essentiell, sich an internationalen Schlüsselprojekten wie diesem zu beteiligen“, betont Professor Hans Lehrach, Direktor am Max-Planck-Institut für molekulare Genetik und Leiter des deutschen Forschungsteams des 1000 Genome-Projekts. „Dadurch gelingt es uns, die Innovations- und Wettbewerbsfähigkeit Deutschlands auf dem Gebiet der krankheitsorientierten Genomforschung zu stärken und in einem Bereich, der sicher enorme Bedeutung für die Medizin der Zukunft haben wird, international an der Spitze zu bleiben.“

Ziel des 1000 Genome-Projekts ist es, sämtliche Varianten von Genen in einem Katalog zu erfassen, die mit einer Häufigkeit von mind. 1% im Erbgut der gesamten Menschheit vorkommen. Dafür wollen die Wissenschaftler das Erbgut von mindestens 1000 einzelnen Personen analysieren. Die entsprechenden Proben wurden bei den unterschiedlichsten Volksgruppen gesammelt, unter anderem bei Menschen nord- und westeuropäischer Herkunft in den USA, den Yoruba aus Nigeria, den Massai aus Kenia, bei Japanern aus Tokyo, Chinesen aus Peking und Italienern aus der Toskana. Die Forscher gehen davon aus, dass Kenntnisse über die natürliche Genvariation beim Menschen ihnen in künftigen Projekten mehr über die Rolle der einzelnen Variationen bei der Entstehung von Krankheiten wie Krebs, Diabetes oder Störungen des Herz-Kreislaufsystems verraten.

Der Zeitplan der Wissenschaftler ist ehrgeizig. In nur drei Jahren hoffen sie, ihr Projekt abschließen zu können. In den ersten zehn Monaten des Projektes, der sogenannten Pilotphase, ist untersucht worden, wie oft jedes einzelne Gen sequenziert werden muss – Forscher sprechen von Sequenziertiefe – , um das Auffinden von seltenen Varianten sicher zu stellen. Insgesamt 75 Milliarden Basen mussten die Wissenschaftler um Hans Lehrach in dieser Phase sequenzieren, um für die weitere Teilnahme an dem Projekt zugelassen zu werden. Eine besondere Herausforderung für die Berliner Forscher, die erst im August in das 1000 Genome-Konsortium aufgenommen worden waren und daher nur zwei Monate für die Bewältigung dieser Aufgabe zur Verfügung hatten. Heute konnten sie stolz bekannt geben, dass die erforderliche Anzahl an Proben untersucht und die Ergebnisse fristgerecht in die Datenbank des 1000 Genome-Konsortiums eingespeist worden sind. Bis Ende 2010 schließt sich jetzt die sogenannte Produktionsphase des Projektes an. Etwa 700 Milliarden Basen sollen allein im MPI für molekulare Genetik sequenziert werden – im Gesamtprojekt werden es etwa 20.000 Milliarden Basen. Die Ergebnisse werden in öffentliche Datenbanken eingereicht und stehen so der wissenschaftlichen Fachwelt zur Verfügung.

Weitere Informationen:

<http://www.1000genomes.org>

Kontakt (Pressestelle):

Dr. Patricia Marquardt
Max-Planck-Institut
für molekulare Genetik
Ihnestr. 63-73
14195 Berlin

Tel.: +49 30 8413-1716
Fax: +49 30 8413-1671
Email: patricia.marquardt@molgen.mpg.de