



## Orientierung im Buchstaben-Dschungel der Gene

**Datum der Mitteilung:** 15.08.2002  
**Absender:** Dipl.-Biol./Dipl.-Journ. Thomas Gazlig  
**Einrichtung:** [Gesellschaft für Biotechnologische Forschung mbH \(GBF\)](#)  
**Kategorie:** überregional  
Forschungsergebnisse  
Biologie und Biotechnologie, Chemie und Biochemie,  
Informationstechnologie, Medizin und  
Gesundheitswissenschaften

---

### Suchmaschine "NGFN-BLAST" erleichtert Vergleich genetischer Daten im Internet

**Die frei zugängliche Gen-Suchmaschine "NGFN-BLAST" der Gesellschaft für Biotechnologische Forschung (GBF) erleichtert es jetzt Wissenschaftlern herauszufinden, welche Informationen sich hinter ermittelten genetischen Sequenzen verbergen. Als erster öffentlicher BLAST-Server in Deutschland erlaubt der Dienst den Sequenzvergleich mit speziellen, durch die Nutzergemeinde ausgewählten Untergruppen wie zum Beispiel Mensch, Maus oder Ratte. Der BLAST-Server (BLAST = Basic Local Alignment Search Tool) ist Teil der Forschungsarbeiten der GBF im Nationalen Genomforschungsnetz (NGFN). Mitglieder aus dem NGFN erhalten einen bevorzugten Zugriff zu den Daten und können sich ihr Wunschmenü an Untergruppen zusammenstellen. Eine weitere Besonderheit des Dienstes ist der Verweis auf bereits patentierte Sequenzen. Für die wirtschaftliche Nutzung genetischer Daten ist dieser Service von hoher Bedeutung.**

Ähnliche Buchstabenabfolgen in den Gensequenzen weisen oft auf eine Verwandtschaft der kodierten Eiweiße hin und erlauben Rückschlüsse auf die Funktion der Gene. Zurzeit gibt es drei öffentliche Gendatenbanken, die Sequenzvergleiche ermöglichen. Deren Daten werden in den USA, Großbritannien und Japan gesammelt und abgeglichen. Eine gezielte Suche ist oft sehr mühsam, da bisher meist die passenden Gensequenzen aller in der Datenbank vorhandenen Organismen aufgelistet werden. Der NGFN-BLAST-Server greift auf diese Daten zurück, aktualisiert sie jedoch täglich, prüft sie auf Unstimmigkeiten und sortiert sie gemäß der gewünschten Untergruppen. Das System ist so flexibel, dass es bei Bedarf um zusätzliche Untergruppen erweitert werden kann. Damit ist der Dienst ein wichtiges Werkzeug, um die Datenberge aus der Genomforschung nicht nur zu sammeln, sondern auch zu interpretieren.

Arbeitsweise des Dienstes: Beispiel Interferon

Gibt man zum Beispiel die Gensequenz "AAAACCTTAAGAAATATTTTT" in

das Eingabeformular ein und startet dann eine eingeschränkte Suche nach ähnlichen Genabschnitten in Mensch, Maus und Ratte, so zeigt sich, dass es sich bei der Information um einen Teil des gamma-Interferon-Gens handelt. Interferone spielen eine wichtige Rolle bei der Immunantwort. Sie können bestimmte weiße Blutkörperchen so aktivieren, dass sie Bakterien zerstören. Auch bei Virus-Erkrankungen, wie Gelbsucht, hat sich eine Behandlung mit Interferonen bewährt. Die Suche im NGFN-BLAST zeigt zudem, welche Interferone durch Patente geschützt sind. Veränderungen in der eingegebenen Buchstabenfolge oder bei den Suchparametern führen zu anderen Ergebnissen.

Hinweis für die Medien

Den BLAST-Server finden Sie unter <http://ngfnblast.gbf.de/>. Eine Übersicht über die Forschungsarbeiten der GBF im NGFN finden Sie unter <http://www.gbf.de/forschung/ngfn/index.html> Mehr über die GBF erfahren Sie unter <http://www.gbf.de/>, mehr zum NGFN erfahren Sie unter <http://www.rzpd.de/ngfn/>



**Weitere Informationen finden Sie im WWW:**



- <http://ngfnblast.gbf.de/>
- <http://www.gbf.de/>
- <http://www.gbf.de/forschung/ngfn/index.html>
- <http://www.rzpd.de/ngfn/>