



28.04.2004

Pressemitteilung

BMBF-Initiativen DHGP und NGFN tragen zum internationalen Erfolg der weltweit größten Datenbank der Genfunktionen bei

Genomforscher - darunter Wissenschaftler des Deutschen Humangenomprojektes (DHGP) und des Nationalen Genomforschungsnetzes (NGFN) - haben jetzt einen weiteren Meilenstein in der Genomforschung gesetzt. Die weltweit größte Datenbank der Genfunktionen wurde am Dienstag im Internet veröffentlicht. Die neue Datenbank hilft Genforschern bei der Suche nach Krankheits-Genen und Gen-Funktionen.

Insgesamt haben 152 Wissenschaftler aus 12 Ländern und 40 Institutionen bei der Erstellung der Datenbank mitgewirkt. Zu den handverlesenen Wissenschaftlern, die diese Datenbank erstellten, gehören auch die Mitglieder des Deutschen cDNA-Konsortiums, das seit 1996 im Rahmen des Deutschen Humangenomprojektes (DHGP) gefördert wurde und seit 2001 einen maßgeblichen Bestandteil des Nationalen Genomforschungsnetzes (NGFN) bildet. Sowohl NGFN als auch DHGP sind Förderinitiativen des Bundesministeriums für Bildung und Forschung (BMBF). „Wir wollten, dass nur die besten Genomforscher teilnehmen, um einen hohen Qualitäts-Standard zu gewährleisten“, sagt Dr. Takashi Gobojobori, Leiter des internationalen Konsortiums.

Die Förderung der systematischen Genomforschung in den Förderinitiativen DHGP und NGFN gehört zu den wichtigen Zielen des Bundesministeriums für Bildung und Forschung (BMBF). Denn die Ursachen von Krankheiten findet man schneller, wenn man nicht einzelne, sondern systematisch Tausende von Genen und Gen-Produkten untersucht. Der Beitrag der DHGP/NGFN-Wissenschaftler zur jetzt veröffentlichten „H-invitational Datenbank“ ist eine Paradebeispiel dafür, wie auf diese Weise ausgeklügelte und leistungsfähige Werkzeuge auch für die Krankheitsforschung entstehen.

In der „H-invitational“ Datenbank sind mehr als 20.000 der etwa 30.000 menschlichen Gene mit einer Fülle von Informationen zu ihrer Funktion dokumentiert. Es wird erwartet, dass dieses umfassende Archiv einen internationalen Standard für die Analyse von Genaktivitäten und humanen Erkrankungen setzen wird. Eine detaillierte funktionelle Karte der Mehrheit der menschlichen Gene ist ein entscheidender Fortschritt für Biologen und Mediziner in Wissenschaft und Medikamentenentwicklung weltweit.

Zwei Jahre dauerte es, bis die Datenbank fertiggestellt war: „Biologen, Mediziner und Computer-Wissenschaftler aus vielen Ländern haben in diesem interdisziplinären Projekt gearbeitet, Gen-Funktionen mit Krankheitsinformationen verknüpft und dadurch die weltweit größte frei zugängliche Datenbank mit Informationen zu den menschlichen Genen erstellt“, erläutert Dr. Wiemann, Leiter des Deutschen cDNA-Konsortiums.

Frau Prof. Annemarie Poustka, Sprecherin des Nationalen Genomforschungsnetzes und Leiterin der Abteilung Molekulare Genomanalyse am DKFZ, ist sich sicher, dass mit Hilfe der Datenbank neue Krankheitsgene gefunden werden können und so die Arbeit der Krankheitsnetze des Nationalen Genomforschungsnetzes unterstützt wird. "Per Mausklick kann man nun in der neuen Internet-Datenbank abrufen, welche verschiedenen Varianten es zu jedem Gen gibt. Dort kann man gleichzeitig auch nachlesen, was das Gen im menschlichen Körper bewirkt. Aus weiteren Informationen können die Wissenschaftler Anhaltspunkte darüber erhalten, ob eine bestimmte Gen-Variante beim Ausbruch von Krankheiten eine Rolle spielt", erläutert Frau Prof. Poustka. Die Entschlüsselung des menschlichen Erbgutes im Frühjahr 2001 hatte gezeigt, dass das genetische Material zwischen verschiedenen Menschen nicht völlig identisch ist. Einige der genetischen Veränderungen, die in einem Abstand von etwa 1000 Gen-Buchstaben auftreten, können Krankheiten verursachen oder zumindest zu einer veränderten Anfälligkeit gegenüber Krankheiten führen.

„Wir sind uns sicher, dass Wissenschaft und Industrie durch unsere Datenbank wesentlich umfassendere Einblicke in die Bedeutung menschlicher Erkrankungen bekommen werden, als dies bisher möglich war“, verspricht Dr. Takashi Gojobori.

Die Datenbank ist seit dem 20. April 2004 unter <http://www.jbirc.aist.go.jp/hinv/index.jsp> im Internet zugänglich eine beschreibende Publikation ist in der Zeitschrift Public Library of Science Biology erschienen und ebenfalls frei verfügbar unter <http://www.plosbiology.org>.

Für weitere Informationen:

Projektmanagement NGFN
Projektträger im DLR
Postfach 240107
53154 Bonn
Tel.: +49 (0) 228 / 3821 331
Fax : +49 (0) 228 / 3821 332
E-Mail: pm-ngfn@dlr.de

oder im Internet:

- <http://www.jbirc.aist.go.jp/hinv/index.jsp>.
- <http://www.ngfn.de>