

GENOMXPRESS

1/02

Informationen aus der deutschen Genomforschung · Ausgabe März 2002

EDITORIAL	2
CRAIG VENTER: WISSENSCHAFTLICHES GENIE ODER SCHARLATAN?	
Zwei widersprüchliche Ereignisse im März	2
FORENSISCHE SPURENKUNDE	4
AKTUELLE ENTWICKLUNGEN IM NATIONALEN GENOMFORSCHUNGSNETZ	6
PSYCHIATRISCHE GENETIK AUS DER PERSPEKTIVE VON PATIENTEN, PSYCHIATERN UND DER ALLGEMEINBEVÖLKERUNG	9
FIRMENPORTRAIT	
«Metanomics» – Die Spur der Gene	11
ASCENION GMBH – EXKLUSIVES INTELLECTUAL PROPERTY (IP) ASSET MANAGEMENT	14
TECHNOLOGIETRANSFER IM NATIONALEN GENOMFORSCHUNGSNETZ (NGFN)	16
NEWS & CONFUSE	
Informationen, Treffen und Veranstaltungen	19
SCIENCE DIGEST	
Nachrichten und Kurzberichte	33
JOBBÖRSE	42
IMPRESSUM	48

EDITORIAL

Liebe Leserinnen und Leser,
das Jahr 2002 liegt noch in seinen Anfängen. Einige die Forschungslandschaft prägende Entscheidungen wurden in dieser ersten Phase des Jahres bereits gefasst. Das Parlament beschloss Stammzellenforschung unter strengen Auflagen auch in Deutschland zu ermöglichen. Das nationale Pflanzengenomprogramm GABI wird ab 2003/04 in eine zweite Phase geführt werden, und in Europa laufen die Vorbereitungen für das sechste Forschungsrahmenprogramm auf Hochtouren.

Die Gemeinsamkeit aller Entscheidungen liegt im Bestreben, politische Rahmenbedingungen zu schaffen, die Spitzenforschung ermöglichen sollen. Durch Zufall stießen wir heute auf eine Tabelle aller bisher verliehenen Nobelpreise. Die Standorte der Forschungslabore von Preis-

träger der jüngeren Vergangenheit sind uns allen bewusst. Interessanter waren für uns die Herkunftsländer früherer Preisträger. Unter den Honoratioren der Anfangszeit des Nobelpreises fanden sich zahlreiche französische und deutsche Wissenschaftler. Vielleicht war das deutsch – französische Forschungsforum in Paris im Februar diesen Jahres, ein Schritt um an diese Vergangenheit anzuknüpfen. Ein Signal für die Entwicklung einer auf Kooperation beruhenden europäischen Forschungslandschaft ging von diesem Treffen auf jeden Fall aus.

In dieser Ausgabe werden Sie vergeblich Berichte aus den laufenden DHGP oder GABI Projekten suchen, da leider keine Artikel aus den Projekten eingegangen sind. Wir wollen Sie nochmals auffordern, den GenomXPress als

Ihren Newsletter anzusehen. Er kann einerseits das Forum sein, Ihr Projekt und Ihre Ergebnisse vorzustellen. Andererseits wollen wir Sie ermutigen hier Ihre allgemeinen Gedanken zu formulieren. Wie sollte die Gestaltung von GABI in der zweiten Phase aussehen? Wie kann das DHGP integraler Bestandteil des Nationalem Genomforschungsnetzes werden? Wie sehen Sie als Journalist, Firmenvertreter, Politiker, Lehrer etc. die deutsche Genomforschung? Schreiben Sie uns Ihre Gedanken, informieren Sie uns und die anderen Leser über interessante Ereignisse, Tagungen und Workshops. Wir, das Team des GenomXPress haben den Wunsch, den Newsletter zu Ihrem Forum zu entwickeln.

Mit fröhlichen Grüßen aus Berlin und Potsdam,
Jörg Wadzack und Jens Freitag.

CRAIG VENTER: WISSENSCHAFTLICHES GENIE ODER SCHARLATAN?

Zwei widersprüchliche Ereignisse im März · Jörg Wadzack

Anlässlich des Geburtstages von Paul Ehrlich, dem Mediziner und Nobelpreisträger, verlieh die Paul-Ehrlich-Stiftung am 14.03.2001 in der Frankfurter Paulskirche den Paul Ehrlich und Ludwig Darmstädter-Preis an Craig Venter. Der mit etwa 60.000 Euro dotierte Paul-Ehrlich und Ludwig Darmstädter-Preis ist der bedeutendste Medizinpreis Deutschlands.

Der Stiftungsrat der Paul-Ehrlich-Stiftung zeichnete Craig Venter für die Entwicklung der genomweiten Schrotschussmethode sowie die erste erfolgreiche vollständige Sequenzierung eines (Mikro-)Organismus aus. Craig Venter hatte mit der von ihm mit Hilfe von Robotertechnik und viel Bioinformatik weiterentwickelte Strategie 1995 das Genom des Bakteriums *Haemophilus influenza* sequenziert. In den Folgejahren sequenzierten Craig Venter und sein Team verschiedene Mikroorganismen, wie die Erreger von Malaria, Tuberkulose, Magengeschwüre u. a., bevor er 1998 mit der Sequenzierung des menschlichen Genoms begann.

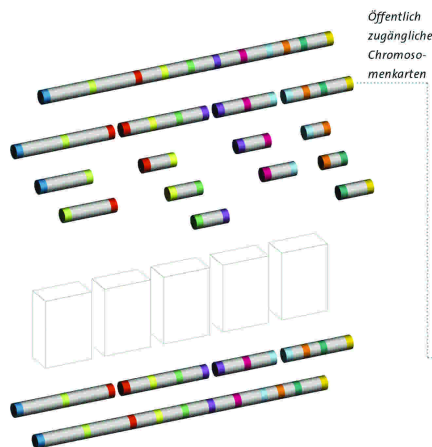
Fast zeitgleich erschien Anfang März ein Vorabdruck eines Artikels in dem angesehenen amerikanischen Wissenschaftsjournal 'Proceedings of the National Academy of Science' (PNAS), in dem sich Wissenschaftler des Internationalen Sequenzierkonsortiums des öffentlichen Humangenomprojekts (HGP) sehr kritisch mit dem methodischen Ansatz der von der Firma Celera Genomics parallel zum öffentlichen Projekt im Februar 2001 publizierten Version des menschlichen Genoms auseinandersetzen. Craig Venter war Mitbegründer von Celera Genomics und bis vor kurzem Chef des Unternehmens.

Die Autoren zeigen, dass Craig Venter den Nachweis für den erfolgreichen Einsatz der genomweiten Schrotschussmethode bis heute schuldig geblieben ist. Mit dem Ansatz der genomweiten Schrotschussmethode trat Craig Venter 1998 an, um in Konkurrenz zum öffentlichen Humangenomprojekt schneller und billiger das menschliche Genom zu sequenzieren.

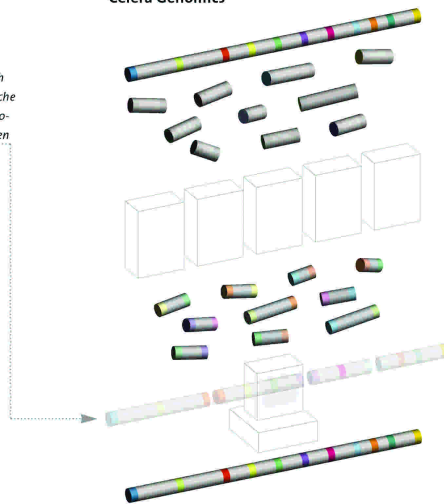
Im Vorfeld der Veröffentlichung der Arbeitsversion hat es einen fast zwei Jahre andauernden Disput zwischen dem HGP und den privatwirtschaftlich organisierten Anstrengungen von Craig Venter und seiner Firma Celera Genomics gegeben, der sich im wesentlichen auf die unterschiedlichen Sequenziermethoden der beiden Kontrahenten bezog. Craig Venter hatte es in dieser Diskussion geschafft, mit effektvollen öffentlichen Statements die Aufmerksamkeit der Öffentlichkeit und der Medien auf sich und sein Projekt zu ziehen. Erst kurz vor der Publikation der beiden Arbeitsversionen räumte er ein, dass er die Daten des öffentlichen Projektes für das Zusammensetzen seiner Rohdaten genutzt hatte. Die Sequenzdaten von Celera Genomics sind bis heute nur gegen eine Nutzungsgebühr und mit Auflagen einzusehen, die Daten des HGP dagegen stehen für jedermann frei zugänglich im Internet bereit.

Zum besseren Verständnis seien hier noch einmal die beiden unterschiedlichen methodi-

Humangenomprojekt



Celera Genomics



schen Ansätze des öffentlichen Projektes und von Craig Venter kurz erläutert (Abb. 1).

Hierachische Schrottschussmethode des HGP:

Die Methode des HGP basiert auf einer Kombination von Kartierung und Schrottschuss-Sequenzierung. Die menschliche DNA wird zunächst in größere Fragmente zerlegt. Dann wird die Lage dieser Fragmente auf den Chromosomen bestimmt und auf einer Chromosomenkarte verzeichnet. Die Fragmente werden nun in kleinere, handhabbare Stücke geteilt und sequenziert. Die Stücke überlappen sich um eine Anzahl von Basenpaaren, die gerade ausreicht, um die Stücke nach dem Sequenzieren wieder akkurat zu ordnen. Unter Zuhilfenahme der Chromosomenkarten kann dann die Gesamtsequenz zusammengesetzt werden.

Genomweite Schrottschussmethode von Craig Venter:

Die gesamte menschliche DNA wird sofort in kleine überlappende Stücke zerlegt und sequenziert. Das Zusammensetzen der Sequenzdaten in der richtigen Abfolge soll nur mit Hilfe von Hochleistungsrechnern und ausgefeilten Algorithmen erfolgen. Der nicht unerhebliche finanzielle und zeitliche Aufwand, Chromosomenkarten zu erstellen, entfällt. Die Aufgabe die Rohdaten wieder korrekt zusammensetzen wird um so schwieriger, je größer der Anteil von sich wiederholenden Sequenzabschnitten ist.

Bereits Mitte der neunziger Jahre wurde in akademischen Kreisen über den Einsatz der genomweiten Schrottschussmethode intensiv diskutiert. Sie hat bei einer Reihe von kleineren Organismen, wie Viren und Bakterien, bereits

sehr effizient gute Ergebnisse gebracht. Auch die Arbeitsversion der Taufliege (*Drosophila melanogaster*) wurde mit Hilfe der genomweiten Schrottschussmethode erstellt. Der Anteil von sich wiederholenden Sequenzabschnitten sogenannte ‚Repeats‘ beträgt bei der Taufliege aber nur 3%.

Das HGP hatte sich damals für die Methode der hierarchischen Schrottschussmethode entschieden, da die Unwägbarkeiten des korrekten Zusammensetzen der Rohdaten bei dem genomweiten Ansatz aufgrund des hohen Prozentsatzes von Repeats (~50%) im menschlichen Genom zu groß und das Einsparpotential zu gering erschienen.

In dem Artikel in der Zeitschrift PNAS zeigen die Autoren an Hand von simulierten Rechnungen mit der Sequenz des Chromosoms 22, das als erstes menschliches Chromosom vollständig vorlag, dass die Information die Craig Venter aus den HGP Daten (2-fache Abdeckung) zu seinen Rohdaten hinzufügte, alleine ausreicht, um eine Arbeitsversion sehr guter Qualität zu erhalten. Vergleichsrechnungen, in der alleine Rohdaten der Schrottschussmethode eingesetzt wurden, ergeben sowohl bei 2-facher Abdeckung als auch bei 5-facher Abdeckung keine auch nur annähernd zufriedenstellende Lösung.

Dennoch hoffen die Autoren, dass die genomweite Schrottschussmethode mit verbesserten Algorithmen zukünftig auch bei der Sequenzierung höherer Organismen sehr gute Ergebnisse erzielen wird. Erste Ansätze hierzu sind bereits bei der Sequenzierung der Maus zu erkennen, bei der ein Rohdatensatz mit 6-facher Abdeckung eine zufriedenstellende Arbeitsver-

sion ergaben.

Auf der Pressekonferenz anlässlich der Verleihung des Paul Ehrlich und Ludwig Darmstaedter-Preises erklärte Venter, er sehe den Artikel weniger wissenschaftlich als mehr politisch motiviert. Die Autoren zählten zu einer kleinen isolierten Gruppe von Wissenschaftlern, die seine Arbeit schon längere Zeit kritisierten. Einer der Autoren wäre bereits 1994 an der Ablehnung seines Forschungsantrages, mit dem er die genomweite Schrottschussmethode erstmals umsetzen wollte, beteiligt gewesen. Im übrigen hielt Craig Venter seine genomweite Schrottschussmethode in dem Artikel für missinterpretiert und kündigte an, dass in kurzer Zeit das vollständige Genom der Maus publiziert werden wird, das komplett mittels genomweiter Schrottschussmethode erzielt worden sei und den Erfolg seiner Methode belege.

Ob die Kritik an Venters Methode berechtigt ist und wie groß sein Anteil an der Sequenzierung des menschlichen Genoms wirklich einzuschätzen ist, wird sich sicherlich erst nach weiteren kontroversen wissenschaftlichen Diskussionen irgendwann in der Zukunft genauer beschreiben lassen.

Unbestritten ist allerdings, dass Craig Venter mit seinem methodischen Ansatz der Humangenomforschung zu einem weiteren technologischen Schub verholfen hat. Das öffentliche Humangenomprojekt wurde durch die entstandene Konkurrenzsituation zu einer Kräftebündelung angeregt, die dazu führte, dass die Arbeitsversion weit früher und in besserer Qualität fertiggestellt wurde, als dies zu Beginn des Humangenomprojekts zu erwarten war.

FORENSISCHE SPURENKUNDE

Anke Junge und Burkhard Madea

Mit der Entdeckung der Blutgruppen und des Eiweißdifferenzierungsverfahrens wurde der Rechtsmedizin und naturwissenschaftlichen Kriminalistik ein weiteres Arbeitsfeld eröffnet: die forensische Spurenkunde, in der es unter anderem um die Zuordnung einer biologischen Spur zu einem Tatverdächtigen geht. Mit der Entdeckung und Validierung der Short tandem repeat – kurz STR-Systeme in den neunziger Jahren hat sich die forensische Spurenkunde in einem rasanten Tempo weiterentwickelt und auch zur Aufklärung vieler bis dahin ungelöster Fälle beigetragen. Neben Blut sind forensisch relevante Spuren Gewebepartikel, Haare, Haarschäfte, Speichel (Zigarettenkippen), Spermien sowie insbesondere Mischspuren (Sperma und Vaginalsekret) bei Sexualdelikten. Im folgenden sollen kurz heutige Untersuchungsmöglichkeiten dargestellt werden:

STR-Systeme

STR-Systeme gehören zu den 98,5% der nicht-kodierenden humangenomischen DNA und sind dadurch charakterisiert, dass tandemartig wiederholte Sequenzmotive vielfach hintereinander geschaltet sind. STR-Systeme weisen eine hohe Variabilität (Polymorphismus) innerhalb der Bevölkerung auf und sind deshalb besonders wertvoll, um zwischen Individuen zu unterscheiden bzw. eine Spur einem Tatverdächtigen zu zuordnen. Die hier vorgestellte Systemgeneration der STR-Systeme gehört zu der Kategorie der DNA-Fragmentlängenpolymorphismen. STR-Systeme, die in der forensischen Spurenkunde eingesetzt werden, zeichnen sich durch Sequenzwiederholungen mit einer Länge von 4 bp – sog. Tetrarepeats – aus. Die Entdeckung und Etablierung der Polymerase-Ketten-Reaktion (PCR) Mitte der achtziger Jahre hat auch die forensische Spurenkunde revolutioniert. Mit dieser hochsensitiven Methode war es nunmehr möglich die STR-Systeme mit Fragmentlängen zwischen 130 – 330 bp einfach und reproduzierbar darzustellen. Ihr hochpolymorpher Charakter, verbunden mit kurzen Fragmentlängen und daraus resultierend ihre hohe Sensitivität und Degradationsunempfindlichkeit (Minimalspuren und gealtertes Spurenmaterial), haben die STR-Systeme zu den momentan wichtigsten und am besten validierten Markern für die Individualisierung in der Forensik gemacht. Zu den

«Core»-Systemen, die auch Eingang in der seit einigen Jahren etablierten DNA-Analyse-Datei (DAD) des Bundeskriminalamtes in Wiesbaden finden, gehören HumTH01, HumVWA, ACTBP2, HumFIBRA (FGA), D21S11, D3S1358, D8S1179 und D18S51.

Validierung und Qualitätssicherung

Einen maßgeblichen Anteil zur Validierung und Etablierung der hochinformativen STR-Systeme haben dabei sicherlich die jährlich durchgeführten Ringversuche (GEDNAP, German DNA Profiling Group) der Deutschen Gesellschaft für Rechtsmedizin, die der internen und externen Qualitätssicherung, Standardisierung, Vergleichbarkeit und der Etablierung neuer Methodiken dienen und deren Ergebnisse auf dem jährlich stattfindenden Spurencolloquium diskutiert werden. Auch international finden regelmäßig Ringversuche (EDNAP, European DNA Profiling Group) statt, deren Ergebnisse und Erfahrungen sich in den DNA Richtlinien der International Society for Forensic Genetics (ISFG) widerspiegeln. Im Zuge der weiteren Ausweitung der Standardisierung der Methodiken und Organisation in spurenkundlichen Laboratorien wurden in der Vergangenheit erste Anstrengungen unternommen, Leitfäden zum Qualitätsmanagement zu erstellen. Zielsetzung dieser Überlegungen ist eine Zertifizierung und Akkreditierung möglichst vieler Labore, um damit eine möglichst umfassende Vereinheitlichung der Labororganisation und des Methodenspektrums zu erreichen.

Forensische Fragestellungen Spurenmaterialien

Zu den am häufigsten untersuchten Spurenmaterialien gehören sicherlich Mikroblutspuren, die auf den unterschiedlichsten Trägermaterialien aufgebracht sein können, und Speicherspuren von Briefmarken, in Verbindung z.B. mit Erpresserbriefen, von Zigarettenkippen, Trinkgefäßen und Kaugummiresten. Aufgrund der verfeinerten Methodik durch optimale Auswahl der Hybridisierungs sonden (Primer) für die PCR, effektiverer Taq-DNA-Polymerasen und hochtechnisierter Geräte ist es möglich Hautabriebspuren, z.B. von einer Tatwaffe, ebenso wie Haarwurzeln erfolgreich zu untersuchen. Die DNA-Analytik hilft auch Sexualdelikte auf-

zuklären. Das zu untersuchende Spurenmaterial ist dabei in der Regel ein Vaginalabstrich der vergewaltigten Frau. Bei diesem Untersuchungsmaterial muss – nach Amplifikation der DNA-Bereiche – mit dem Auftreten eines sog. Mischbandenmusters gerechnet werden, d.h. dem Auftreten der weiblichen Merkmale (Vaginalzellen) und der männlichen Merkmale (Spermien). Mit Hilfe der STR-Systeme können jedoch nicht nur Spuren – an einem Tatort gefunden – einem Tatverdächtigen zugeordnet werden, sondern auch Leichenteile (z.Bsp. Muskelgewebe) untersucht und ggfs. über einer Vergleichsprobe oder über Verwandtschaftsbeziehungen identifiziert werden.

Sensitivität

Durch die Etablierung der Polymerase-Ketten-Reaktion in Verbindung mit der Entdeckung der STR-Systeme für forensische Fragestellungen ist es möglich geworden, minimale DNA-haltige Spuren erfolgreich zu untersuchen. Während bei der Anwendung der sog. RFLP-Systeme (Restriktions-FragmentLängen-Polymorphismus) mehrere µg-humangenomische DNA notwendig waren, reichen für die erfolgreiche Typisierung der STR-Systeme DNA-Mengen im ng bis pg-Bereich aus. Somit ist es möglich, winzige Mikrospuren erfolgreich zu untersuchen.

Mischungen

Nicht immer stammt eine Spur von einem einzigen Spurenleger, häufig ist es die Aufgabe der Untersucher, mit Hilfe der DNA-Analytik zu erkennen, ob es sich bei der Spur um eine Mischung von zwei oder mehr Personen handelt. Wenn zum Beispiel nach einer Vergewaltigung Abstrichmaterial des Opfers untersucht wird, können Mischmuster von Opfer und Täter auftreten. Die Merkmale der Spur werden dann mit denen der Blutprobe von Opfer und Tatverdächtigen verglichen.

Multiplex-Kits

Multiplex-Kits, bei denen simultan bis zu 15 autosomale STR-Systeme amplifiziert werden können, sind seit geraumer Zeit kommerziell erhältlich und ermöglichen eine erfolgreiche Typisierung geringster Spuren (Abb. 2). Multiplex-Kits zeichnen sich durch eine hohe Sensitivität und hohe Diskriminationskraft in Verbindung mit geringem Zeitaufwand und geringem Verbrauch an Spurenmaterial aus. Sie



Abb. 1:
 FGA-System: Elektropherogram von
 2 Vergleichsproben + einer Mischspur
 1: allelische Leiter (Referenz, Zuordnung der Proben)
 2: Vergleichsprobe Opfer
 3: Vergleichsprobe Tatverdächtiger
 4: Spur z.B.: Vaginalabstrich
 Das DNA-Muster des Opfers findet sich in der Mischspur wieder (4). Das DNA-Muster des Tatverdächtigen stimmt nicht mit dem der Spur überein. Somit ist er als Spurenleger der Spur auszuschließen.

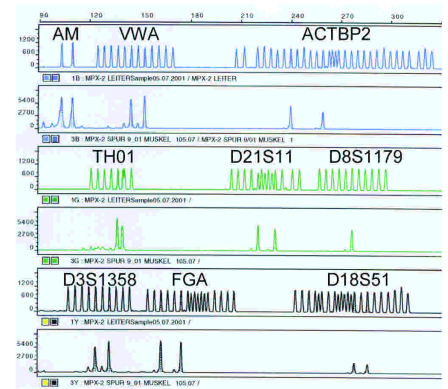


Abb. 2: (rechts) Multiplex-Anwendung (MPX2-Kit, SERAC GmbH): Simultane Amplifikation von 8 unterschiedlichen autosomalen STR-Regionen der humangenomischen DNA und dem geschlechtsspezifischen System Amelogenin. Untersucht wurden die autosomalen STR-Systeme, die der DNA-Analyse-Datei (DAD) des Bundeskriminalamtes in Wiesbaden angehören. Gelelektrophoretische Auftrennung der PCR-Fragmente auf dem ABI Prism Genetic Analyzer 310 und automatische Analyse über die Fluoreszenzdetektion. DNA-Untersuchungen wurden an einem Stück Muskel einer Wasserleiche durchgeführt. Die DNA-Daten wurden zusammengestellt, um eine spätere Identifizierung über eine Vergleichsprobe oder über Verwandtschaftsbeziehungen zu ermöglichen.

können allerdings den Nachteil zeigen, dass Schwankungen in der template-DNA-Menge und mögliche Inhibitoren die Effizienz der Amplifikation dramatisch beeinflussen. Dies äußert sich insbesondere durch den Ausfall von einzelnen STR-Systemen – dem sog. Locus drop out –, den Ausfall von einzelnen Allelen – dem sog. Allele drop out – oder der präferentiellen Amplifikation. Diese Phänomene treten um so stärker auf, je mehr STR-Systeme simultan amplifiziert werden.

Mitochondriale DNA

DNA-Analysen mittels konventioneller STR-Systeme können zu unzureichenden Ergebnissen führen, wenn die humangenomische DNA im Untersuchungsgut entweder stark degradiert oder in zu geringer Menge vorhanden ist. In derartigen Fällen kann die Analyse der mitochondrialen DNA weiterhelfen. Die Analyse der mitochondrialen DNA (mtDNA) ist z. B. das Mittel der Wahl bei der Individualisierung von Einzelhaaren ohne Wurzel und von Skeletten nach längerer Bodenliegezeit. Im Rahmen der Dopinganalytik stellt sich häufig die Frage der Manipulation und/oder Verwechslung von Urinproben und der Typisierbarkeit dieses Materials im Hinblick auf die Zuordnung zu einer Vergleichsprobe. Auch hier kann die Untersuchung der mitochondrialen DNA zur Klärung beitragen, insbesondere dann wenn die Urinprobe über mehrere Monate gelagert wurde und mit einem nicht unerheblichen Bakterienbefall zu rechnen ist.

Mitochondrien sind Energie umwandelnde Zell-

organellen, welche über eine von der Zellkern-DNA unabhängige, separate und autonom replizierende Organell-DNA, die mitochondriale DNA (mtDNA), verfügen. Die mtDNA des Menschen ist ein ringförmiges Doppelstrangmolekül, welches ca. 16 kb umfasst und in einigen hundert bis zu wenigen tausend Kopien in jeder Zelle aller menschlichen Gewebe vorkommt. Im Bereich einer nichtkodierenden ca. 1100 bp langen Region, des sog. D-Loops oder Kontrollregion, befinden sich zwei hypervariable Regionen (HV I und HV II) in denen sich unverwandte Individuen im Schnitt an ca. 8 Basenpositionen unterscheiden. Durch den maternalen Erbgang bleibt das Genom in der mütterlichen Linie konstant und kann somit sowohl für anthropologische Fragestellungen als auch für anwendungsbezogene Probleme bei der Stammbaumanalyse und der Identifizierung menschlicher Überreste untersucht werden. MtDNA zeigt eine höhere Mutationsrate im Vergleich zu Zellkern-DNA. Diese erreicht in einigen Abschnitten des mtDNA-Moleküls eine 5- bis 10fach höhere Rate als nukleäre DNA und führt zu einem hohen Grad an Variabilität. Mt-DNA-Polymorphismen können mittels verschiedener Methoden analysiert werden, wobei sich die PCR-Amplifikation mit nachfolgender direkter mtDNA-Sequenzierung als zuverlässigste und robuste Methode für forensische Zwecke bewährt hat.

Single Nucleotide Polymorphism

Trotz der hohen Aussagekraft und Sen-

sitivität von STR-Systemen und deren unbestrittener Bedeutung für forensische Fragestellungen, wird von mehreren Forschergruppen an der Etablierung einer neuen Systemgeneration – der sog. SNP Single Nucleotide Polymorphism) – gearbeitet. SNPs sind biallelische Marker, deren Allele sich nicht, wie bei den STR-Systemen in den Fragmentlängen, sondern in einer Basenposition unterscheiden. Da im Gegensatz zu den STR-Systemen somit nur zwei Allele auftreten, müssen für ein aussagekräftiges Untersuchungsergebnis mindestens 50 unterschiedliche biallelische Marker untersucht werden. Hierzu gibt es unterschiedliche Untersuchungsansätze. Einer von ihnen ist das sog. Minisequencing, bei dem SNPs durch Amplifikation, Aufreinigung, der single base extension Reaktion und abschließender Analyse auf Fluoreszenzdetektion basierten Geräten (z.B. Kapillarelektrophorese ABI Genetic Analyzer 310) darstellbar sind. Der Einsatz von automatisierten auf Fluoreszenzdetektion basierten Geräten ermöglicht neben der Quantifizierung von DNA in einer real-time PCR auch die Detektion und Analyse von Single Nucleotide Polymorphismen mit Hilfe des TaqMan Assays oder der Schmelzkurven-Analyse.

Dr. rer. nat. Anke Junge

Prof. Dr. med. Burkhard Madea

Institut für Rechtsmedizin der Universität Bonn

Stiftsplatz 12 · D-53111 Bonn

Telefax: (0228) 738368

B.Madea@uni-bonn.de

GEMEINSAM DIE CHANCEN NUTZEN

Aktuelle Entwicklungen im Nationalen Genomforschungsnetz · Uta Strasser



Nach der Versteigerung der UMTS-Lizenzen im Jahr 2000 hatte sich die Bundesregierung entschieden, mit den dadurch freiwerdenden Finanzmitteln im Rahmen des Zukunftsinvestitionsprogramms unter anderem das Nationale Genomforschungsnetz (NGFN) zu fördern.

Hierfür wurden von Juni bis November 2000 Bekanntmachungen für einen Kernbereich, für krankheitsorientierte Genomnetze sowie für die beiden Plattformtechnologien Bioinformatik und Proteomforschung veröffentlicht und in der Folge die jeweils vielversprechendsten Projekte anhand internationaler Begutachtungen ausgewählt. Im Rahmen des NGFN wurden dabei zunächst 5 Kernbereichsinstitute gefördert, die in 7 Technologieplattformen zusammenarbeiten. Um diesen Kernbereich gruppieren sich 5 krankheitsorientierte Genomnetze zu den Themenfeldern Krebs, Herz-Kreislauf-Erkrankungen, Infektionen und Entzündungen, Erkrankungen des Nervensystems und umweltbedingte Erkrankungen mit jeweils 3-5 bundesweit verteilten Standorten. Zusätzlich wurden jeweils 3 Verbünde zu den Themen Bioinformatik und Proteomforschung ins NGFN integriert. Mitte letzten Jahres haben diese verschiedenen Projekte innerhalb des NGFN ihre Arbeit aufgenommen (siehe GenomXpress 2/01). Detailliertere Informationen über die einzelnen Projekte im NGFN können inzwischen über die Webpage des NGFN (www.ngfn.de) abgerufen werden.

Um die Zielsetzung des NGFN «Krankheitsbe-

kämpfung durch Genomforschung» über eine Bündelung vorhandener Kompetenzen und Kapazitäten zu bewerkstelligen, werden weitere Schritte erforderlich, z.B. die Ergänzung des NGFN um notwendige zusätzliche Komponenten. Zum anderen wurden bereits Anstrengungen zur Vernetzung der im NGFN geförderten Projekte unternommen, um nutzbare Synergien zu identifizieren. Entsprechende Entscheidungen und Maßnahmen wurden vom Projektkomitee als internem Steuerungsgremium getroffen und ggf. vom externen Lenkungsgremium bestätigt.

Ergänzung des NGFN um zusätzliche Komponenten:

Genetisch Epidemiologische Methodenzentren (GEMs)

Zur Unterstützung der Genomforschung in Bezug auf klinische Krankheitsbilder und zur Weiterentwicklung von Methoden der genetischen Epidemiologie werden insgesamt 7 Genetische Epidemiologische Methodenzentren gefördert. Diese sind angesiedelt an den Standorten Berlin, Bonn, Göttingen, Kiel, Lübeck, Marburg und München und bieten vor allem klinischen Partnern entsprechende Kompetenz zur Analyse von Familien und/oder Patientenbasierten Studien. Auf Anregung des Projektkomitees erstellen die GEMs derzeit zusammen mit den krankheitsorientierten Genomnetzen eine Übersicht über die Quantität und Qualität der im NGFN vorhandenen Patientenkollektive.

Technologie Transferstelle

Eine zentrale Technologie-Transferstelle für das NGFN wurde bei der Fraunhofer Patentstelle in München angesiedelt. Ziel dieser Transferstelle ist, die im NGFN generierten Ergebnisse durch Lizenzierung an Industrieunternehmen oder durch Firmengründungen durch die Erfinder einer wirtschaftlichen Verwertung zuzuführen. Eine ausführlich Vorstellung der Technologie-Transferstelle des NGFN findet sich ebenfalls in dieser Ausgabe.

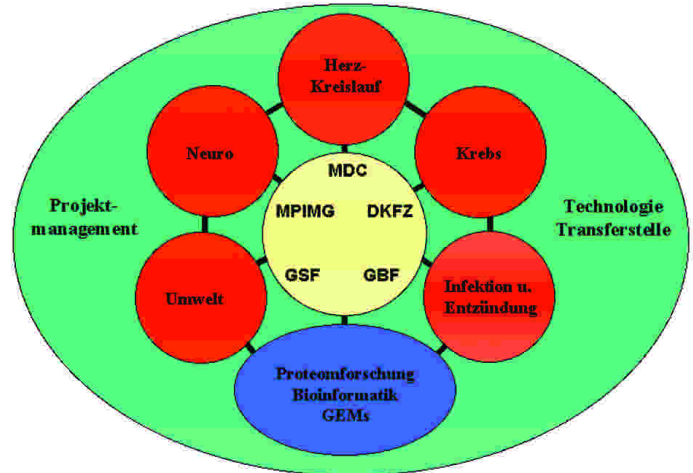
Zugang zu Celera Lizenzen

Aus Finanzmitteln des NGFN wurden Ende 2001 20 Lizenzen für den Zugang zu den Datenbanken der Firma Celera erworben und flächendeckend im NGFN verteilt, um den Partnern entsprechenden Sequenzinformationen zusätzlich zu den öffentlichen Datenbanken für ihre eigenen Forschungsprojekte zugänglich zu machen.

Projektmanagement

Im Oktober 2001 wurde der Projektträger DLR vom BMBF mit der Aufgabe betraut, ein Konzept zur Etablierung eines Projektmanagements für das NGFN zu erarbeiten, wobei die Notwendigkeit einer strikten Trennung von klassischen Projektträgeraufgaben und Projektmanagement-Aufgaben betont wurde. Das Projektmanagement unterstützt das Projektkomitee in allen organisatorischen Fragen der Projektsteuerung. Indem es Zustandspara-

Organisationsstruktur des Nationalen
Genomforschungsnetztes



meter der verschiedenen Projekte im NGFN zusammenträgt und aggregiert, instrumentalisiert das Projektmanagement die Gremien im NGFN, damit diese ihre Steuerungsfunktion wahrnehmen können. Darüber hinaus sorgt es für die Etablierung von Kommunikationsstrukturen und einheitlichen Verfahren im NGFN und nimmt Aufgaben der Öffentlichkeitsarbeit wahr. Anfang dieses Jahres haben Vertreter des Projektmanagements zusammen mit Vertretern der Technologie Transferstelle alle Standorte des NGFN besucht, um sich mit ihren jeweiligen Aufgaben vorzustellen. Unter Einbeziehung eines im Intranet erstellten Meinungsbildes im NGFN hat das Projektmanagement inzwischen das oben abgebildete Logo für das NGFN ausgewählt und den Partnern im NGFN zur Verfügung gestellt. Ende dieses Jahres (17.-19. November 2002) wird zusammen mit dem DHGP ein Symposium in Berlin Mitte durchgeführt (erste Ankündigung siehe ebenfalls diese Ausgabe des GenomXpress). Die Planungen für dieses Symposiums werden federführend vom Projektmanagement des NGFN, in Kooperation mit der Geschäftsstelle des SCC aus dem DHGP, organisiert. Die inhaltliche Gestaltung des Symposiums wird in Zusammenarbeit mit einem wissenschaftlichen Programmkomitee festgelegt.

Ausschreibung von weiteren Themen innerhalb des NGFN

Dem NGFN steht ein interner «Optimierungsfonds» zur Verfügung, der notwendige weitere Anpassungen des NGFNs erlaubt. Das Projektkomitee hat unter anderem über einen Themenwettbewerb innerhalb des NGFN hierfür übergreifende Themen identifiziert, die einer

Verstärkung im NGFN bedürfen und/oder um die das NGFN ergänzt werden sollte, um einen Mehrwert für das gesamte Netz zu erreichen. Die hierdurch identifizierten Themen lauteten:

- Krankheitsbezogene genetische Variabilität in krankheitsrelevanten Regionen des menschlichen Genoms, inklusive genetisch epidemiologischer Methodenentwicklung (z.B. experimentelle Haplotypen, vergleichende Sequenzierung, Splice-Varianten etc.).
- Datensammlung, -integration und -analyse. Ziel der Ausschreibung zu diesem Thema war es sicherzustellen, dass weder klinische noch molekulare Daten für die Partner im NGFN verloren gehen und über Kooperationen notwendige Standards zur Qualitätssicherung etabliert werden. Es konnten Projekte beantragt werden, die zur Sammlung, Integration und Analyse von lokal vorhandenen klinischen und molekularen Daten (Expressionsdaten durch Affymetrix, cDNA Chips und anderen, Phänotypdaten etc.) beitragen. Hierfür war eine hierarchische Zusammenfassung der Daten auf verschiedenen Ebenen des NGFN zu bevorzugen, die dafür ggf. notwendige Fortbildung zu berücksichtigen und auf eventuelle Datenschutzprobleme einzugehen.
- Genfunktion. Durch die Integration von Projekten in die Kernbereichsplattform 3 sollte ein Verbund aufgebaut werden, der dem NGFN funktionelle Assays zur Verfügung stellt (z.B. RNAi, chemical genetics, peptid aptamere, zellspezifische Genexpression etc.). Die beantragten Projekte mussten entsprechende funktionelle Assays anbieten können, Aussagen zum möglichen Durchsatz machen und einen Krankheitsbezug darstellen können.

Dieser Verbund musste für den Zugriff von Partnern aus dem NGFN offen sein und die Verfügbarkeit/den Zugriff auf der/die entsprechenden Technologie/n gewährleisten.

- Konkrete Projekte zur Nutzung oder zum Ausbau vorhandener Servicekapazitäten. Hiefür mussten die vorhandenen Partner, die Servicekapazitäten zur Verfügung stellen können (z.B. Proteomics, Zellsortierung/Microdissection, Genotypisierung, Phänotypisierung), eingebunden und konkrete krankheitsbezogene Projekte formuliert werden. Die Zugänglichkeit zur benötigten Technologie musste aufgezeigt werden.

Die genannten Themen wurden Mitte Februar über eine Ausschreibung im NGFN bekannt gemacht, eine Antragstellung war bis Anfang März möglich. Auf der Grundlage der Förderempfehlungen des Projektkomitees wird das Lenkungs-gremium des NGFN kurzfristig Entscheidungen treffen.

Aktivitäten zur Vernetzung der Projekte im NGFN: NGFN-Treffen in Darmstadt

Ende September 2001 fand in Darmstadt das erste Treffen der NGFN-Partner statt, auf dem sich die einzelnen Projekte vorstellten, um die Grundlagen für mögliche Kooperationen zu schaffen. Neben Präsentationen von NGFN-Projekten in Vorträgen wurden für die sieben Plattformen des Kernbereichs ebenfalls workshops durchgeführt, in denen einerseits die Inhalte der Plattformen, andererseits aber auch die Bedürfnisse der Partner in den krankheitsorientierten Netzen dargestellt werden konnten. Für jede Plattform wurden entsprechende Ansprechpartner benannt, für einige auch sog. Plattformgremien, die Verfahren für die Bear-

beitung von eingehenden Anträgen aus dem Netz etablieren und über eine entsprechende Prioritätensetzung zur Verwendung begrenzter Ressourcen entscheiden sollen. Mit ca. 200 Teilnehmern war dieses erste Treffen sehr gut besucht, die Resonanz war durchaus positiv und der Wunsch nach Folgetreffen wurde mehrfach geäußert. Die in den workshops erarbeiteten Ergebnisse wurden in Protokollen zusammengefasst, die inzwischen allen NGFN-Mitgliedern im Intranet zur Verfügung stehen.

Weitere Treffen

Neben dem umfassenden NGFN-Treffen in Darmstadt haben im letzten halben Jahr bereits eine Reihe von weiteren Treffen stattgefunden, welche die Vernetzung von kleineren Einheiten im NGFN unterstützen. Einzelne krankheitsorientierte Netze haben ihre jeweiligen Standorte zu Treffen versammelt, um Synergien zu identifizieren; grössere Standorte, an denen mehrere Komponenten des NGFN vertreten sind (z.B. München und Berlin), haben Themen übergreifende Treffen organisiert, um fruchtbare Kooperationen vor Ort zu initiieren. Die Bioinformatik-Partner im NGFN haben Anfang Februar einen ersten workshop veranstaltet, um mögliche

Standardisierungen und die Integration verschiedener Datenbanken zu diskutieren. Diese Initiative soll im März fortgesetzt werden. Ebenfalls im Februar 2002 hat ein Proteomics workshop für Teilnehmer des NGFN stattgefunden, um den Bedarf verschiedener Projekte an Methoden der Proteomforschung im NGFN zu identifizieren und entsprechende Lösungsansätze zu entwickeln.

Aber auch nach außen zeigt das NGFN zunehmend Präsenz. Neben dem bereits zuvor erwähnten gemeinsamen Symposium von NGFN und DHGP wird u.a. ein internationales Symposium zum Thema «Genomics of Chronic Inflammatory Disorders» von den Vertretern des Umweltnetzes durchgeführt. Dieses Symposium wird vom 5.-7. Juli 2002 in Kiel stattfinden (für weitere Informationen: www.muco-sa.de/ngfn/meeting).

Internet und Intranet

In Zusammenarbeit mit dem Projektmanagement und dem RZPD in Berlin konnte eine erste Version einer NGFN-Webseite Mitte Februar öffentlich zugänglich gemacht werden: www.ngfn.de. Hierin enthalten sind Informa-

tionen über alle Teilprojekte im NGFN sowie Adressinformationen über die jeweiligen Teilprojektleiter. Neben einer Information der allgemeinen Öffentlichkeit können diese Seiten auch Partnern innerhalb des NGFN als erste Informationsgrundlage dienen. Im Rahmen der öffentlich zugänglichen Webseiten wurde ebenfalls als Intranet des NGFN ein geschützter Bereich «NGFN intern» etabliert, der als zentrale Kommunikationsplattform im NGFN dient. Zugriff hierauf können alle im NGFN Beteiligten erhalten, um dort selbstständig Informationen abzulegen, Diskussionsforen zu etablieren und sich über Entwicklungen im NGFN zu informieren.

Im Hinblick auf die kürzlich geäußerte politische Willensbekundung der Bundesregierung, das Zukunftsinvestitionsprogramm, und damit auch das NGFN, über 2004 hinaus bis ins Jahr 2007 fördern zu wollen, erhalten die verschiedenen Bestrebungen im NGFN auch eine längerfristige Perspektive. Die vorhandenen Chancen gemeinsam zu nutzen wird Ziel des NGFN sein, um sich optimal für eine mögliche Weiterförderung zu platzieren und einen Mehrwert für alle Beteiligten zu generieren.



geografische Schwerpunkte im NGFN

PSYCHIATRISCHE GENETIK AUS DER PERSPEKTIVE VON PATIENTEN, PSYCHIATERN UND DER ALLGEMEINBEVÖLKERUNG

Illes F, Rietz C, Matschinger H, Angermeyer M, Rudinger G, Maier W, Rietschel M

Die Fortschritte in der molekularen Medizin versprechen eine Identifizierung prädisponierender Gene für psychiatrische Erkrankungen in naher Zukunft. Das hierdurch bedingte bessere Verständnis der Erkrankungen würde kausale Therapieansätze und die Entwicklung neuer Medikamente ermöglichen. Die Kenntnis von Vulnerabilitätsgenen könnte allerdings auch direkt zur Prädiktion von Erkrankungen genutzt werden. Da psychiatrische Erkrankungen jedoch komplexe genetische Erkrankungen sind, werden die einzelnen Vulnerabilitätsgene nur einen begrenzten Anteil zur Varianz der Erkrankung beitragen. In Folge dessen sind prädiktive Aussagen bezüglich des Eintritts und Verlaufs einer Erkrankung auf Wahrscheinlichkeitsvorhersagen begrenzt.

Welche Hoffnungen und Erwartungen einerseits und welche Befürchtungen andererseits gegenüber der psychiatrisch-genetischen Forschung und prädiktiven Untersuchung bestehen, wurde in einem im Rahmen des Humangenomprojektes (Ethical Legal and Social Implications) vom Bundesministerium für Bildung und Forschung geförderten Projekt an der Rheinischen-Friedrich-Wilhelms Universität Bonn untersucht. Es wurden insgesamt über 4000 Personen bezüglich ihrer Einstellung befragt. Neben einer repräsentativen Erhebung bei 3077 Personen aus der Allgemeinbevölkerung, wurden zusätzlich ca. 1300 Personen aus verschiedenen Zielgruppen wie beispielsweise psychiatrische Patienten, deren Angehörige, Ärzte, Pflegepersonal und Meinungsträger interviewt.

Ziel der Untersuchung ist es einerseits, erstmals explorativ die Einstellungen gegenüber psychiatrisch-genetischer Forschung und Untersuchung in der deutschen Allgemeinbevölkerung zu erfassen und andererseits, Faktoren, die diese Einstellung möglicherweise beeinflussen, zu identifizieren. Hierzu wurden zusätzlich einzelne Zielgruppen (z.B. Betroffene, Psychiater, Schwange-

re etc.) befragt, in denen bestimmte Faktoren, die gemäß unserer Hypothesen einen wesentlichen Einfluß haben könnten, untersucht werden. Mögliche Faktoren sind beispielsweise die eigene Betroffenheit, das Wissen über psychische Erkrankungen, der bisherige Kontakt zu psychisch Kranken, die religiöse Grundeinstellung, allgemeine Wertorientierungen, Alter, Geschlecht etc. Zur Identifizierung und Analyse der komplexen Zusammenhänge einflussnehmender Faktoren sollen diese in den einzelnen Zielgruppen untersucht und miteinander verglichen werden.

Als Untersuchungsinstrument diente der hierfür entwickelte «GenEthik-Fragebogen». Dieser beinhaltet neben Fragen zu demographischen Daten und zum bisherigen Kontakt zu psychisch Kranken einige orientierende Fragen bezüglich des Wissens über Ätiologie und Verlauf psychischer Erkrankungen und deren genetische Grundlagen. Die Einstellung zu Freiwilligkeit und Zeitpunkt der genetischen Untersuchungen, der Wunsch, sich bzw. die eigenen Kinder prädiktiv genetisch untersuchen zu lassen, sowie die Einstellung zur genetischen Forschung werden erfragt. Darüber hinaus sollen die Befragten mögliche persönliche Konsequenzen des Wissens um ein eigenes genetisches Risiko für eine psychische Störung einschätzen, sowie ihre Meinung äußern, wer Zugang zu den genetischen Informationen erhalten sollte. Die Akzeptanz von psychisch Erkrankten, die Einstellung zu Schwangerschaftsabbrüchen und allgemeine Wertvorstellungen sollen in dem Fragebogen angegeben werden.

Im Folgenden werden die Einstellungen der 3077 Personen aus der Allgemeinbevölkerung, 183 Patienten und 119 Psychiater dargestellt. Es handelt sich bei der Allgemeinbevölkerung um eine repräsentative, bei den anderen Gruppen um eine explorative Erhebung.

Die Ergebnisse der Studie zeigen, daß trotz einer insgesamt positiven Einstellung gegenüber psy-

chiatrisch-genetischer Forschung gleichzeitig weitverbreitete Befürchtungen bezüglich ihrer Konsequenzen bestehen: Insgesamt äußerten 80% der Allgemeinbevölkerung, 90% der Patienten und 82% der Psychiater eine positive Einstellung gegenüber genetischer Forschung bei psychischen Erkrankungen (s. Abb.1). Ethische Bedenken formulierten 50% der Allgemeinbevölkerung, 43% der Patienten und 60% der Psychiater (s. Abb.2).

Die positive Einstellung gegenüber der Forschung mag wohl aus den Hoffnungen, mit ihrer Hilfe neue Behandlungsmöglichkeiten für psychische Krankheiten, wie z.B. neue Medikamente, finden zu können (Allgemeinbevölkerung 88%, Patienten 96%, Psychiater 95%) bzw. das eigene Erkrankungsrisiko besser einschätzen zu können, (Allgemeinbevölkerung 49%, Patienten 61%, Psychiater 25%) resultieren.

Trotz des Wunsches nach neuen Medikamenten wird jedoch die Vergabe von Patenten auf die Ergebnisse der psychiatrisch-genetischen Forschung an Pharmafirmen, die genbasierte Medikamente entwickeln, von 51% der Allgemeinbevölkerung, 40% der Patienten und 77% der Psychiater abgelehnt.

Als persönliche Konsequenz des eigenen Wissens, ein genetisches Risiko für eine Schizophrenie (Depressionen) zu haben, würden 30% (21%) der Allgemeinbevölkerung, 24% (15%) der Patienten und 3% (2%) der Psychiater nicht heiraten. Eine weitere Folge dieses Wissens würde für 52% (33%) der Allgemeinbevölkerung, 56% (34%) der Patienten und 21% (9%) der Psychiater ein Verzicht auf eigene Kinder darstellen. Hierbei ist zweierlei zu beachten: Erstens wurde bei dieser Frage das erhöhte Risiko nicht näher spezifiziert [Das a-priori-Lebenszeitrisko für Schizophrenie (Depressionen) liegt bei 0,5-1% (7-20%)], zweitens muß bei allen theoretischen Handlungsvorhersagen berücksichtigt werden, daß sich Menschen in der realen Situa-

Abb. 1: «Ich habe eine positive Einstellung gegenüber genetischer Forschung bei psychischen Erkrankungen.»

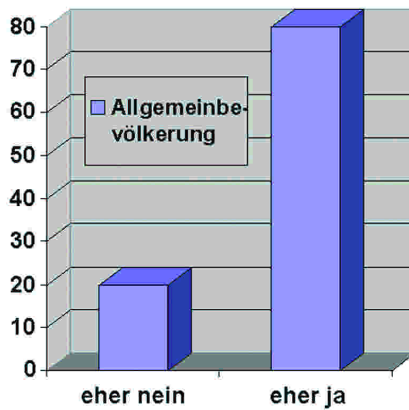
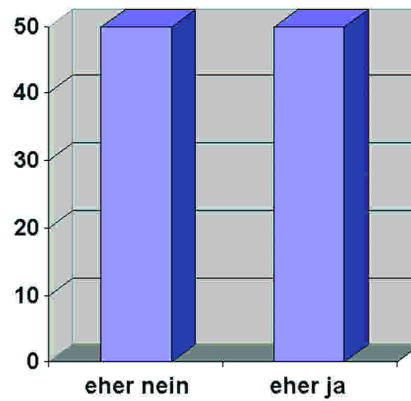


Abb. 2: «Ich habe ethische Bedenken gegenüber genetischer Forschung bei psychischen Erkrankungen.»



tion und nach ausführlicher Information oftmals anders entscheiden, als sie in einer Umfragesituation äußern.

Für die Mehrheit der Befragten ist der vertrauliche Umgang mit den Ergebnissen psychiatrisch genetischer Untersuchungen zentral (89% Allgemeinbevölkerung, 89% Patienten, 100% Psychiater). Einigkeit besteht zwischen den Gruppen bezüglich der Ablehnung des Zugangs für Arbeitgeber zu psychiatrisch-genetischen Gesundheitszeugnissen. (89% Allgemeinbevölkerung, 95% Patienten, 100% Psychiater). Auch Krankenversicherungen sollten den Wünschen der Mehrzahl der Befragten zur Folge (75% Allgemeinbevölkerung, 75% Patienten, 97% Psychiater) keine psychiatrisch-genetischen Gesundheitszeugnisse anfordern dürfen. Große Unterschiede zwischen den befragten Gruppen zeichnen sich jedoch hinsichtlich der Weitergabe von Informationen an Blutsverwandte und Hausärzte ab: Während Psychiater zu 97% gegen eine Weitergabe der Untersuchungsergebnisse an Blutsverwandte ohne die Zustimmung der Patienten sind, würden dies 23% der Allgemeinbevölkerung und 23% der Patienten begrüßen. Einer automatischen Information des Hausarztes stehen 97% der Psychiater kritisch gegenüber, während ca. die Hälfte der Allgemeinbevölkerung (52%) und der Patienten (51%) dies befürworten würde.

Die eher kritische Einstellung der befragten Psychiater spiegelt sich auch in der Bereitschaft zu prädiktiven psychiatrisch-genetischen Untersuchungen wieder: Bei einem entsprechenden Angebot ihres Arztes würden sich 45% der Allgemeinbevölkerung, 61% der Patienten und 22% der Psychiater psychiatrisch-genetisch untersuchen lassen. Einer präsymptomatischen genetischen Diagnostik für ihr Kind auf Schizophrenie (Depressionen) würden 43% (43%) der Allgemeinbevölkerung, 59% (68%) der Patienten und 16% (20%) der Psychiater zu-

stimmen. Falls möglich, würden 47% (35%) der Allgemeinbevölkerung, 40% (32%) der Patienten und 11% (6%) der Psychiater eine pränatale Testung auf Schizophrenie (Depressionen) durchführen lassen.

Freiwilligkeit der Inanspruchnahme psychiatrisch-genetischer Diagnostik ist für die Mehrheit der Befragten von großer Bedeutung und verpflichtende Untersuchungen werden eher abgelehnt. Gegen eine verpflichtende Untersuchung für Personen mit einer familiären Belastung für Schizophrenie (Depressionen) äußern sich 81% (87%) der Allgemeinbevölkerung, 89% (90%) der Patienten und 100% (100%) der Psychiater. Auch ein routinemäßiges Screening auf psychiatrische Erkrankungen aller Personen in der Allgemeinbevölkerung wurde abgelehnt (Allgemeinbevölkerung 88%, Patienten 88%, Psychiater 100%). Die Möglichkeit, daß sich jeder, der dies möchte, auf Kosten der Krankenkassen psychiatrisch-genetisch untersuchen lassen kann, wurde hingegen von 85% der Allgemeinbevölkerung, 88% der Patienten und 41% der Psychiater begrüßt.

Insgesamt zeigt die Studie, daß derzeit gleichzeitig Hoffnungen und Befürchtungen gegenüber psychiatrisch-genetischer Forschung bestehen. Während sich die Hoffnungen auf eine bessere Therapie von psychischen Erkrankungen beziehen, resultieren die Befürchtungen größtenteils aus einer Angst vor Mißbrauch der Untersuchungsergebnisse. Es besteht der Wunsch nach autonomer Entscheidung über die individuelle Inanspruchnahme von Untersuchungen bei gleichzeitiger Ablehnung des Zugangs zu Informationen für Dritte. Allerdings unterscheiden sich die Meinungen der beschriebenen Gruppen in einigen Bereichen signifikant voneinander, wobei Psychiater eine insgesamt kritischere Einstellung gegenüber psychiatrisch-genetischer Forschung haben, als Patienten oder die Allgemeinbevölkerung. Inwieweit diese Dif-

ferenzen durch Unterschiede in Wissen oder persönlicher Erfahrung mit der Erkrankung bedingt sind, ist Gegenstand unserer weiterführenden Untersuchungen. Aufgrund der hier beschriebenen Meinungsdifferenzen von zukünftigen Beratern und Ratsuchenden ist bei der Vermittlung und späteren Anwendung der Ergebnisse aus psychiatrisch genetischer Forschung große Vorsicht geboten, um Mißverständnisse und daraus resultierende Schäden zu vermeiden. Ärzte müssen bei zukünftigen Beratungen somit einerseits auf die großen – eventuell unrealistischen – Hoffnungen von Ratsuchenden Rücksicht nehmen, aber andererseits auch mögliche Bedenken und Ängste in Betracht ziehen. Auch für die derzeitige Forschung und die daran beteiligten Wissenschaftler stellen diese Ergebnisse einen Hinweis dar, sich mit den Erwartungen und Befürchtungen der Bevölkerung auseinanderzusetzen. Eine umfassende sachliche Information über die Möglichkeiten und Grenzen der Forschung bzw. die zukünftige Anwendung ihrer Ergebnisse scheint dringend notwendig, um jedem eine fundierte Meinungsbildung zu ermöglichen.

F. Illes, W. Maier, M. Rietschel
Klinik und Poliklinik für Psychiatrie
und Psychotherapie, Universität Bonn
Sigmund-Freud-Str. 25 · 53105 Bonn

C. Rietz, G. Rudinger
Psychologisches Institut
Universität Bonn · Römerstr. 164, 53117 Bonn

H. Matschinger, M. Angermeyer
Klinik und Poliklinik für Psychiatrie
Universität Leipzig
Liebigstr. 22 · 04103 Leipzig

«METANOMICS» – DIE SPUR DER GENE

Ein Firmenportrait



Es waren einmal die ruhigen Zeiten der Genforschung. Ein Postdoc ein Gen, war der gebräuchliche Schlüssel zum Verständnis einer Genfunktion. Es waren auch die Zeiten, in denen ein junges Max Planck Institut im Osten seine Mission zu definieren suchte. Pflanzen waren und sind das Objekt der Forschung am Max Planck Institut für Molekulare Pflanzenphysiologie in Golm bei Potsdam. Das molekulare Verständnis der Lebensprozesse in diesen ist das Forschungsziel. In dieser Zeit des intensiven Nachdenkens und Diskutierens lud man sich Gäste ein, u.a. auch aus der Industrie. Bei einem dieser Treffen kam es zur zündenden Idee. Wird ein Pflanzenschutzmittel auf eine Pflanze appliziert, kommt es in dieser zu komplexen Veränderungen der Lebensprozesse. Methoden, diese Veränderungen analytisch zu erfassen, gab es bereits seit Jahren. Was aber, wenn man diese Methoden der Erfassung des Gesamtprofils von Stoffwechselprodukten mit den Ergebnissen der Genomforschung kombiniert? Es waren eben auch die Zeiten, in denen erste große Pflanzengenomprojekte und die vollständige Sequenzierung der ersten Pflanze greifbar erschienen.

Neue Modeworte kamen auf.

Das Gen wurde zum Genom, das Protein zum Proteom und das Bausteinchen im Stoffwechsel sollte zum Metabolom werden. Die Wissenschaftler hofften, dass es in dieser Kombination von genetischem Ansatz und der Erfassung des Stoffwechsels möglich werden sollte, die berühmte Nadel im Heuhaufen zu finden. Vielleicht sogar den Umfang eines verstreuten Nadelkissens aufzuspüren, um da-

durch genetische Netzwerke besser verstehen zu lernen. Am Max Planck Institut war das Interesse geweckt, für diese Kombination aus Gesamtstoffwechselanalyse und Genomforschung den «Proof of Concept» zu wagen. Das erste Gaschromatographie Massenspektrometrie (GC/MS) Analysegerät wurde gekauft und Analyseprotokolle und die Technologieplattform den Pflanzen angepasst. Aber es dauerte noch einige Monate, bevor die ersten Stoffwechselprofile reproduzierbar das Licht der wissenschaftlichen Öffentlichkeit erblickten. Das Interesse zahlreicher Forschungsgruppen im Institut und darüber hinaus entwickelte sich schnell. Es wurde bald deutlich, dass dieser Bedarf an Stoffwechselprofilen durch das Max Planck Institut allein nicht gedeckt werden konnte.

Richard Trethewey, damals Arbeitsgruppenleiter für die Metabolomanalyse am Max Planck Institut, begab sich auf das unbekannte Terrain. Er formulierte diese Ideen 1997 in einem Business Plan und landete damit einen Volltreffer bei der BASF AG.

Eins plus Eins wird Eins

Aus dem Geschäftsplan entstand die perfekte Synthese aus molekularbiologischer Kompetenz auf der einen und analytischer Kompetenz auf der anderen Seite. Beides zusammen kann als Geburtsstunde der funktionellen Genomforschung bezeichnet werden. Dieser Ansatz war bis dahin weltweit einmalig. Ein Joint Venture wurde für die Realisierung gegründet. Der Name «metanomics» steht für die Mission des Start-up Unternehmens. Nun überschlugen sich die Ereignisse. Bereits Mitte

1998 stand das Joint Venture «metanomics» durch einen fünfjährigen Finanzierungsplan von insgesamt 50 Mio. DM auf eigenen Beinen. Zusätzlich konnten die Entwicklungs- und Innovationsmöglichkeiten durch eine finanzielle Unterstützung des Bundesministeriums für Bildung und Forschung (BMBF) von 9,1 Mio. DM gesteigert werden.

Offen blieb noch die Frage des Standorts. Golm/Potsdam oder Ludwigshafen kamen als potentielle Standorte in Frage. Die Entscheidung fiel auf Berlin. Dort fand man im Schering Park in Berlin Charlottenburg geeignete Räumlichkeiten und eine Umwelt, die Gründergeist und Kreativität in sich vereinigte. Darüber hinaus war hier ein potentielles Wachstum möglich. Wichtig waren von Anbeginn neben Laborräumen auch Flächen für Gewächshäuser und Klimakammern. Standardisierte Anzuchtbedingungen für die zu untersuchenden Pflanzen waren eine Grundvoraussetzung für die geplante Kombination von Genom- und Proteomanalyse im «grünen» Bereich der Forschung. Alle Unternehmen auf dem Gelände in Charlottenburg sind so wie «metanomics» technologieorientierte Unternehmen, was dem Denken in Hochdurchsatzstrukturen entgegen kam.

Berlin ist einer der kompetentesten und vielfältigsten Biotechnologie Standorte

in Deutschland und garantiert durch seine hochkonzentrierte Forschungslandschaft im «roten» (Medizinische Forschung) wie im «grünen» (Pflanzenbiotechnologie) Bereich die notwendige kritische Masse für innovatives



Neues Leben im ehemaligen Schering Klinkerbau.
Das Firmengebäude von Metanomics.



Eine Idylle mitten in Berlin. Die Gewächshäuser von Metanomics
auf dem Gelände des Scherring Parks in Berlin Charlottenburg.

Denken und dessen Umsetzung. Im Gründungsjahr von «metanomics» 1998 war Berlin bereits weltweit führend auf dem Gebiet der Genomforschung. Berlin als pulsierende Metropole und ein Magnet für viele Menschen erleichterte den Start. Aus über 2.500 Bewerbern konnte das Unternehmen bisher sein kompetentes Personal rekrutieren. Der Geschäftsführer von «metanomics», Arno Krotzky sagt zum Standort Berlin, dass «dieser die schnelle Umsetzung der Geschäftsidee garantierte und man sich bis heute in dieser Stadt extrem wohl fühlt». Der Zeitfaktor war für die Gründung von «metanomics» wichtig, denn die funktionelle Genomforschung entwickelte sich in dieser Zeit von einer bloßen Idee zum Machbaren. Heute ist die funktionelle Genomforschung ein hochkompetitiver Bereich mit unbeschränktem Wachstumspotential. Die geflügelte Redensweise vom «Bestrafen, der zu spät kommt», war seit dem Beginn der 90er in allen Köpfen eingetrichtert und hat auch hier seine Gültigkeit behalten. «metanomics» entstand zur richtigen Zeit am richtigen Ort mit dem richtigen Team. Die Zusammenarbeit mit dem Max Planck Institut hat sich bis heute bewährt. Lothar Willmitzer, einer der beiden Direktoren am MPI für Molekulare Pflanzenphysiologie in Golm, ist als ehemaliger Gründungsvater bis heute als Mitglied des Beirates im Unternehmen tätig.

Der Start des hochautomatisierten Unternehmens

war der für Start-ups übliche. Eine Kerngruppe von sechs ehemaligen Institutsmitarbeitern mit Richard Trethewey als Wissenschaftlichem Direktor plus Arno Krotzky von der BASF als Geschäftsführer starteten am 1. November 1998. Es folgte eine Phase des Aufbaus und Wachstums. Heute erreicht der Personalstamm fast 90 Mitarbeiter. Der Maschinenpark wuchs auf 50 Massenspektrometer - der Ausbau geht kontinuierlich weiter.

Die Struktur bei «metanomics» gliedert sich in fünf technische Zentren mit eigenen Leitungsstrukturen. Im einzelnen sind dies das technische Zentrum Genomics, die Pflanzenproduktion, die Bioanalytik, das Zentrum für Screening und das Bioinformatikzentrum. Diese Zentren bilden eine interne Prozesskette und sind über ein LIM-System (Labor-, Informations- und Management System) miteinander verzahnt. Zu erwähnen ist natürlich noch die Patentcrew, die am Ende der internen Prozesskette abwägen muss, welche Ergebnisse zum Patent angemeldet werden sollten. Immerhin sind die Patente die Zukunftsoption von «metanomics».

Das Start-up «metanomics» sieht sich am Beginn einer Wertschöpfungskette, deren Ziel es ist, dem Verbraucher bessere und gesündere

Produkte zu liefern. Die einleuchtende Philosophie dahinter ist, dass der Verbraucher Produkte akzeptieren wird, die ihm nützlich und wertvoll sind. Die Modephrase von «Farm to Fork» wird im Unternehmen umgekehrt. Rückfragen beim Verbraucher und dessen Erwartungen an ein Produkt geben die potentiellen Zielrichtungen, wie z.B. gesündere Fettsäuren in unseren Lebensmitteln, vor. Um die Gene zu finden, die diese Eigenschaften im Organismus Pflanze verschlüsseln, verfolgt man bei «metanomics» in einem ersten Schritt einen «unbiased» Screening Ansatz. Diese unabhängige Analyse garantiert hohe Messgenauigkeit und eine gute Reproduzierbarkeit der Daten. So geschaffene Grundlagen können an Nutzpflanzen wie Reis, Mais, Weizen, Kartoffeln und anderen verifiziert werden.

Zunächst sah es «metanomics» als seine Aufgabe an, von allen 25.000 *Arabidopsis thaliana* Genen die Funktion zu messen. Die Ackerschmalwand (*A. thaliana*), das internationale «Haustier» der Pflanzengenomforschung, ist einer der am besten verstandenen Organismen überhaupt. Die erfolgreich abgeschlossene Sequenzierung und Annotation der Gene dieser Modellpflanze im Jahr 2000 war für die Wissenschaftler bei «metanomics» extrem wichtig.

Die Projekte

In den zurückliegenden Jahren hat



Hochdurchsatz Anzucht von Arabidopsis thaliana unter genau definierten Bedingungen sind eine Grundvoraussetzung exakter und gleichbleibender Analyseergebnisse.



Der rund um die Uhr arbeitende Analysemaschinenpark bei Metanomics umfasst mehr als 50 modernste Massenspektrometer.

«metanomics» zwei große Projekte mit diesem pflanzlichen Modellsystem verfolgt. Hierbei galt es zum einen, jedes Gen im Modellorganismus Arabidopsis auszuschalten (Knock-out Ansatz), zum anderen in seiner Expression zu steigern (Überexpressionsansatz). Die sich daraus ergebenden Veränderungen im Metabolismus der Pflanze werden analytisch durch die Erstellung des Stoffwechselprofils erfasst und geben Rückschlüsse auf die Funktion der jeweils veränderten Gene im Gesamtsystem Pflanze.

Im Gen Knock-out Projekt wurden insgesamt 120.000 unterschiedliche Arabidopsis Linien erzeugt. Die einzigartige Qualität dieser Linien besteht darin, dass in jeder Linie nur ein einziges Gen verändert ist. Klar wird bei diesen Zahlen, dass bei «metanomics» mit hoher Effektivität und Zuverlässigkeit die Pflanzenanzucht erfolgen musste. Die Expertise hierzu lieferten zahlreiche Besuche bei einem schwedischen Züchter und die Mitarbeiter aus dem Gründungsteam von «metanomics». Die biologische Variabilität bei der Anzucht der Pflanzen liegt zwischen 5 und 25% und rechtfertigt die Investitionen von insgesamt 3,5 Mio. DM in Anzucht-kammern.

In Superlativen geht es weiter in der Prozesskette bei «metanomics». So ist die Extraktion der Pflanzenproben vollständig robotisiert und

wird in die 24 Stunden am Tag arbeitenden Analytik eingespeist. Insgesamt werden 300 dank LIMS gut bekannte Proben am Tag mit vier analytischen Verfahren erforscht. Insgesamt können so mehrere hundert Metaboliten präzise quantifiziert werden, unabhängig ob die jeweilige Verbindung bereits bekannt ist oder nicht. Die Reproduzierbarkeit der Messergebnisse wird exakt erfasst und überwacht. Insgesamt können so 100.000 Analysen pro Jahr durchgeführt werden. Ziel ist es natürlich, die z.T. noch unbekannt Substanzen besser kennen zu lernen und in die automatische Auswertung einzubeziehen. Deutlich wird spätestens an dieser Stelle, dass die immense Datenflut, die bei «metanomics» erzeugt wird, ein durchdachtes Management voraussetzt und intelligenter Software Lösungen bedarf. Die vollautomatische Auswertungssoftware wurde intern für die spezifischen Bedingungen im Unternehmen entwickelt.

Als größte Bioanalytikfirma weltweit

generierte «metanomics» bisher mehrere Terrabytes an Daten. Sehr erfolgreich für «metanomics» war bisher der Geschäftsbereich der Auftragsforschung. Neben einer guten Außenwerbung für das junge Unternehmen ist dieser Geschäftsbereich Basis für eigene Forschungs- und Entwicklungsarbeiten. Ein wichtiges An-

wendungsgebiet sieht Arno Krotzky auch auf dem Gebiet der GMO-Sicherheitsforschung. Richtlinien hierzu sind in der politischen Diskussion und können durch die Expertise von «metanomics» mit Leben erfüllt werden.

Welche zukünftigen Herausforderungen und Weichenstellungen werden bei «metanomics» ins Auge gefasst? Zum einen soll natürlich die Position bei der Analyse pflanzlicher Metaboliten ausgebaut werden. Zum anderen sollten die an Pflanzen erworbenen Kompetenzen auch auf den Pharmabereich übertragen werden. Erste Tests hierzu laufen bereits und sehen vielversprechend aus.

Kontakte und weitere Informationen:

Metanomics GmbH & Co. KGaA

Tegeler Weg 33

10589 Berlin Charlottenburg

Tel.: +49 30 348070

Fax: +49 30 34807300

Company.info@metanomics.de

www.metanomics.de

ASCENION GMBH – EXKLUSIVES INTELLECTUAL PROPERTY (IP) ASSET MANAGEMENT

Ziel des Unternehmens

Ziel des Unternehmens ist der schnelle und effektive Transfer von schutzrechtlich abgesicherten akademischen Forschungsergebnissen aus dem Bereich „Life-Science“ in die Pharma- und Biotechindustrie. In einem stark konkurrierenden Markt ist für die Pharma- und Biotechunternehmen neben der eigenen Forschungs- und Entwicklungsarbeit die schnelle Überführung von akademischen Forschungsergebnissen in industriell hergestellte Produkte ein Baustein für den Erfolg. Um innerhalb dieses Prozesses die Ergebnisse von akademischen Forschungseinrichtungen für diese gewinnbringend verwerten zu können, muss die Überführung in die Industrie so einfach und effektiv wie möglich gestaltet werden. Eine Bündelung der Vermarktungs- und Verwertungsaktivitäten verschiedener wissenschaftlicher Einrichtungen ist daher die logische Konsequenz aus dieser Anforderung.

Das Stiftungsmodell

Das Schutzrechtsmanagement und die Verwertung der Forschungsergebnisse der Gesellschaft für Biotechnologische Forschung (GBF) in Braunschweig, der GSF - Forschungszentrum für Umwelt und Gesundheit (GSF) in München, des Max Delbrück Centrums für Molekulare Medizin (MDC) in Berlin und - beschränkt auf das nationale Genomforschungsnetz - des Deutschen Krebsforschungszentrums (DKFZ) in Heidelberg wird in Zukunft über eine gemeinsame IP Asset Management-Gesellschaft, die Ascenion GmbH erfolgen.

Alle vier Forschungseinrichtungen gehören zur Hermann von Helmholtz-Gemeinschaft Deutscher Forschungszentren (HGF) und konzentrieren sich innerhalb des breiten Forschungsspektrums der HGF mit einem Gesamtjahresbudget von insgesamt circa DM 700 Mio. und etwa 4300 Mitarbeitern auf den Forschungsbereich ‚Life Science‘. Gemeinsam haben diese vier For-

schungszentren die Life Science-Stiftung zur Förderung von Wissenschaft und Forschung errichtet, die für weitere zustiftende Forschungseinrichtungen offen und alleinige Gesellschafterin der Ascenion ist. Die Erfindungen und Schutzrechte von GBF, GSF und MDC werden exklusiv und für das DKFZ – mit den oben erwähnten Beschränkungen - durch die Ascenion in den Markt vermittelt. Die Ascenion bildet somit den Schlüssel zur optimierten Verwertung der Erfindungen aus dem Bereich Life Science der Forschungseinrichtungen der HGF. Alle unten näher beschriebenen Leistungen der Ascenion stehen darüber hinaus anderen zustiftenden Organisationen wie z.B. Universitäten und auf Projektbasis auch Einrichtungen und Personen zur Verfügung, die nicht zu den vier oben aufgezählten HGF-Forschungseinrichtungen oder weiteren zustiftenden Organisation gehören.

Struktur

Geschäftsführer der Ascenion ist Dr. Christian A. Stein, bisher Leiter der Patent- und Lizenzagentur (PLA) im Deutschen Humangenomprojekt (DHGP) und der Abteilung Projektmanagement an der Fraunhofer-Patentstelle für die Deutsche Forschung. Neben der Zentrale in München werden in den nächsten Wochen und Monaten direkt vor Ort Außenstellen des Unternehmens in Braunschweig an der GBF, in München an der GSF und in Berlin am MDC eingerichtet, die den engen Kontakt zu den dort tätigen Wissenschaftlern aufbauen und Teilbereiche des Schutzrechtsmanagements vor Ort wahrnehmen werden. Auf Seiten des DKFZ strebt die Ascenion eine enge Zusammenarbeit mit dem dort bereits etablierten Technologietransfer unter der Leitung von Frau Dr. Ruth Herzog an.

Vorteile

Die Vorteile der gemeinsamen Verwertung der Technologien der in der Life Science-Stiftung vertretenen Forschungseinrichtungen sind vielfältig. Ascenion wird Brennpunkt für

eine kritische Masse attraktiver neuer Technologien und Verfahren aus den Lebenswissenschaften für deutsche, aber auch internationale Lizenznehmer der Pharma- und Biotechindustrie. Größe und Zusammensetzung des künftigen Patentportfolios werden Ascenion eine auch über Deutschland hinaus sichtbare Position im Markt verschaffen. Aufwendige Marketing-Instrumente, wie Markt- und Kundenanalysen, Klientenkontakte, PR, Netzwerkaufbau etc. müssen nicht für jede wissenschaftliche Einrichtung einzeln entwickelt, sondern können zentral koordiniert und durchgeführt werden. Eine intensive Betreuung ausgründungswilliger Wissenschaftler bzw. Spin-Off-Unternehmen soll Gründungen und Gründer unterstützen und den beteiligten Forschungseinrichtungen zusätzliche Einkunftsmöglichkeiten durch Beteiligungserlöse eröffnen.

Leistungsspektrum

Das Leistungsspektrum der Ascenion umfasst das komplette Spektrum des modernen Schutzrecht-Managements. Dabei arbeitet die Ascenion auf allen Gebieten eng mit den betreuten Forschungseinrichtungen zusammen:

Erfindungsakquisition/ Erfinderbetreuung

Um das Potential der Forschungszentren auszuschöpfen und die Anzahl von vermarktbaaren Technologien und Schutzrechten noch weiter zu erhöhen, muss ein regelmäßiger Austausch mit den Wissenschaftlern über die neuesten Entwicklungen auf ihrem Forschungsgebiet erfolgen. Durch aktive Abfrage ist es möglich, die in der Entstehung befindlichen Technologien zum frühest möglichen Zeitpunkt zu erfassen.

Begleitung des Patentierungsprozesses/ Patentierungsstrategie

Eine möglichst gute spätere Verwertung der in den Zentren gemachten Erfindungen setzt im Regelfall voraus, dass die Erfindungen durch Patente geschützt werden. Sollte nach einer

ersten Bewertung eine Patentierung sinnvoll erscheinen, ist die Wahl der richtigen Patentierungsstrategie genauso wichtig, wie die genaue Verfolgung des Patentierungsprozesses.

Technologie-Audits und Portfoliopflege

Sowohl das bereits vorhandene Patentportfolio der Forschungszentren als auch die laufend neu hinzukommenden Patente müssen in regelmäßigen Abständen einer gründlichen Überprüfung und Bewertung unterzogen werden. Durch die Abschätzung der möglichen Vermarktungschancen und –erlöse soll eine Neuordnung und Bereinigung des Altbestandes nach wirtschaftlichen und strategischen Gesichtspunkten ermöglicht werden. Negativ bewertete Patente sollten frei- oder aufgegeben werden und so die Kosten für die Haltung des Patentportfolios reduziert werden können.

Bewertung von IP

Um eine optimalen Verwertung der vorhandenen Schutzrechte zu erreichen, muss deren Marktpotential eingeschätzt werden. Die Bewertung der Schutzrechte legt damit die Grundlage für die Lizenzierungsverhandlungen mit etablierten Pharma- und Biotechfirmen bzw. Start-up Unternehmen und Spin Offs.

Analyse der Verwertungsstrategie

Die Bewertung der Patente bildet die Entscheidungsgrundlage für die Wahl zwischen den beiden Verwertungsstrategien:

- Vermarktung durch Lizenzvergabe
- Gründung rechtlich eigenständiger Unternehmen

Beide Kommerzialisierungsstrategien müssen hinsichtlich des möglichen Ertragspotentials, des Realisierungsrisikos und des Umsetzungsaufwandes beurteilt werden.

Verwertung durch Lizenzierung bzw. Spin Off

Soll die Verwertung ausschließlich in Form einer Lizenzierung vollzogen werden, wird auf Grundlage der oben angestellten Bewertung ein geeigneter Lizenznehmer gesucht. Nach Festlegung der entsprechenden wirtschaftlichen und rechtlichen Komponenten wird unter Berücksichtigung der Interessen des Patentinhabers ein Lizenzvertrag verhandelt und abgeschlossen.

Soll die Verwertung durch die Gründung eines Spin Offs erfolgen, das auf der zu verwertenden Technologie beruht, muss klar die Möglichkeit einer Gewinnerzielung aufgezeigt werden können, die die Renditeerwartungen potentieller Investoren erfüllt. Die erfolgreiche Platzierung der Ausgründung am VC-Markt ist wesentliche Aufgabe bei dieser Art der Technologieverwertung.

Spin Off-Coaching und -Unterstützung

Im Gegenzug für die Einbringung von Schutzrechten in eine Ausgründung wird die Ascension für den Schutzrechtsinhaber (das betreute Forschungszentrum) eine Beteiligung an dieser Ausgründung halten.

Die Aufgaben dieses Spin Off-Coaching umfassen u.a. die aktive Beteiligung bei der Erstellung von Businessplänen, bei der Vermittlung von VC-Kapital in weiteren Finanzierungsrunden, die Vermittlung von weiteren Schutzrechten sowie das IP-Management. Ziel muss dabei sein, einen möglichst großen Beitrag für ein gutes wirtschaftliches Umfeld für die Ausgründung zu leisten.

Beteiligungsmanagement

Die Höhe der Beteiligung an der Ausgründung muss im Verhältnis zu den in die Ausgründung eingebrachten Schutzrechten angemessen hoch ausfallen und sollte bei notwendi-

gen Finanzierungsrunden oder Kapitalerhöhungen nicht zu stark verdünnt werden. Dies sichert eine adäquate Teilhabe an der Steigerung des Firmenwerts der Ausgründung. Das Beteiligungsmanagement wird von der Ascension bis zu einem mit dem Schutzrechtsinhaber abgestimmten Exit geleistet.

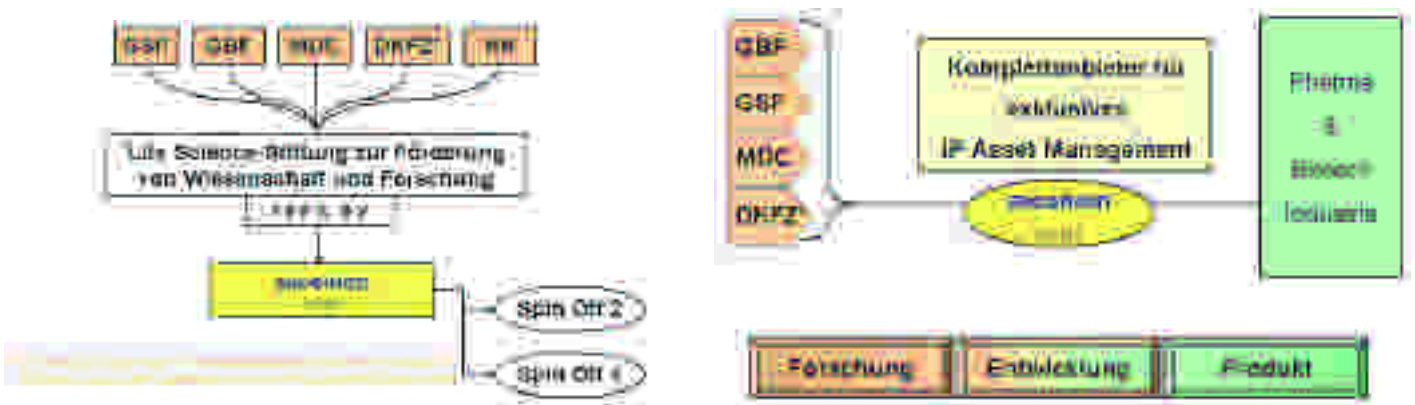
Nachverfolgung von Verträgen/Verletzungen (einschließlich Litigation)

Die sich für beide Vertragsparteien aus den abgeschlossenen Lizenz- und Beteiligungsverträgen ergebenden Verpflichtungen müssen einem regelmäßigen Controlling unterzogen werden.

Ein zweites Aufgabengebiet umfasst die aktive Suche nach Verletzungen bestehender Patente. Dies erfordert die ständige und intensive Marktbeobachtung und die dauerhafte Zusammenarbeit mit den am Patent beteiligten Erfindern. Bei der Verfolgung dieser Verletzungen von bestehenden Patenten wird die Planung, Organisation und Durchführung von außergerichtlichen und gerichtlichen Verfahren in enger Abstimmung mit den Schutzrechtsinhabern erfolgen.

Seminare/Vorlesungen/ Weiterbildung zum Thema IP Management

Um die systematische und professionelle Vermarktung von Forschungsergebnissen und Schutzrechten durch die Ascension zu institutionalisieren, müssen die Wissenschaftler in den betreuten Helmholtz-Zentren von den Vorteilen dieser neuen Form des IP Asset Managements überzeugt sein. Dies erfordert sowohl eine kontinuierliche und vertrauensvolle Kommunikation in die betreuten Zentren hinein als auch die Durchführung von Seminaren, Workshops und Kursen zum Thema IP Management in den betreuten Einrichtungen.



Erste Erfolge

Neben dem Aufbau der erforderlichen Infrastruktur konnte die Ascenion seit ihrer Gründung im August 2001 bereits erste Projekte erfolgreich abschließen. Hierzu gehören u.a. ein Lizenz- und Beteiligungsvertrag mit der SIREN AG (einem Spin-Off Unternehmen aus der GSF), ein Lizenzvertrag mit der Firma BioZone über ein Käfighaltungssystem, 2 Optionsverträge über die exklusiven Rechte an einem monoklonalen Antikörper zur Krebstherapie sowie ein Servicevertrag für die Haltung mehrerer tausend Mäuse als Modellorganismen für menschliche Erkrankungen.



Weitere Informationen erhalten Sie über:

Ascenion GmbH

Ingolstädter Landstr. 1

D-85764 Neuherberg

Phone: +49-(0)89-3188140

Fax: +49-(0)89-31881420

info@ascenion.de

www.ascenion.de

TECHNOLOGIETRANSFER IM NATIONALEN GENOMFORSCHUNGSNETZ (NGFN)

«Die Forscher müssen sich im Klaren sein, dass die Beziehung Technologie und Markt ein Seil ist. Da kann der Markt dran ziehen, dann bewegt sich was. Aber es lässt sich nicht dran stoßen, dann bewegt sich nichts.»

Knut Heitman

Managing Partner der Venture-Capital-Gruppe Polytechnos

«Neuerungen gelangen heute über Netzwerke aus Forschern und Unternehmen in den Markt und nicht mehr so sehr über die großen zentralen Forschungs- und Entwicklungsabteilungen.»

Michael Braun

Vice-Präsident Arthur D. Little

Ein wichtiges Ziel des NGFN ist es, die Ergebnisse in der medizinisch-pharmazeutischen Forschung und Entwicklung zu verwerten und damit zur Entwicklung marktfähiger Produkte und Dienstleistungen beizutragen.

Da Wissenschaft und Wirtschaft nur gemeinsam zum Erfolg gelangen können, ist eine intensive Kommunikation und enge Zusammenarbeit notwendig. Dies ist durch die zentrale Technologietransferstelle im NGFN – die TT-NGFN – gewährleistet.

Die TT-NGFN ist an der Fraunhofer Patenstelle beheimatet, an der seit Jahren erfolgreich Tech-

nologien aus dem Bereich Life-Science verwertet werden. Rückgreifend auf dieses Know-how fungiert die TT-NGFN im Rahmen des NGFN als Bindeglied zwischen den Bereichen Forschung/Erfindungen und Patent/wirtschaftliche Verwertung.

Innerhalb des Kernbereiches sind im NGFN noch zwei weitere Transferstellen, Garching Innovation GmbH (für die Max-Planck-Institute) und Ascenion GmbH (für die Helmholtz-Institute), tätig. Die TT-NGFN übernimmt jedoch auch hierbei eine zentrale Rolle als Anlauf- und Koordinationsstelle.

Innerhalb des NGFN hat die TT-NGFN folgende Aufgaben:

Bewertung der Erfindungen:

Als zentrale Technologietransferstelle überprüft die TT-NGFN alle anfallenden Forschungsergebnisse auf ihre Patentfähigkeit und ihre wirtschaftliche Verwertbarkeit.

Hierzu führt sie einen Publication Screen durch, der sämtliche Forschungsergebnisse – vor ihrer Veröffentlichung – nach den oben genannten Gesichtspunkten innerhalb kürzester Zeit überprüft.

Die TT-NGFN erbringt folgende Leistungen für den Kernbereich und die medizinischen Netze:

Dienstleistungen	Kernbereich	Medizinische Netze
Besuch der Projektgruppen	auf Anfrage	x
IP-Akquisition und Planung		x
Sammlung und Auswertung von Daten zu Forschungsprojekten	x	x
Publikationsüberwachung	auf Anfrage	x
Kooperationsverträge	x	x
Informelle Kontaktpflege mit den am Genomforschungsnetz Beteiligten	x	x
Patentkoordinierungsteam (PKT)	x	x
Organisation und Durchführung von Seminaren und Informationsveranstaltungen, extern und intern	auf Anfrage	x
Organisation und Durchführung von 1 bis 2 Treffen des Gesamtnetzes p.A.	x	x
Betreuung und Koordination von Patentierungsprozessen		x
Partnering Veranstaltungen	x	x
Anbieten von angemeldeten und erteilten Schutzrechten an Unternehmen		x
Verwertungskoordination im Rahmen des Genomforschungsnetzes	x	x
Lizenzverhandlungen	auf Anfrage	x
Ausgründungsaktivitäten	auf Anfrage	x
Berichte	x	x
Patentdatenbank	x	x

Im Bereich Hochschulen / Kliniken betreut die TT-NGFN bei positiver Bewertung auch danach alle weiteren Schritte. Für die Helmholtz- und Max-Planck-Institute koordiniert sie diese Aktivitäten mit den beiden anderen Technologietransferstellen – Ascenion GmbH und Garching Innovation GmbH.

Für den Bereich Hochschulen und Kliniken gilt: Die TT-NGFN empfiehlt der Hochschule bzw. Klinik, als Dienstherr, die Erfindung in Anspruch zu nehmen. Anschließend betreut die TT-NGFN den Patentierungsprozess und die Verwertung des Schutzrechtes.

Durch die Zusammenarbeit mit einem hochqualifizierten Patentkoordinierungsteam, dem Patentanwälte, Vertreter der Industrie, Ascenion GmbH, Garching Innovation GmbH und der TT-NGFN angehören, wird die TT-NGFN die optima-

le Patentstrategie für die einzelnen Erfindungen entwickeln.

Für den Bereich Helmholtz-Institute bzw. Max-Planck-Institute gilt: Die TT-NGFN empfiehlt bei positiver Bewertung den entsprechenden Agenturen die Inanspruchnahme. Diese begleiten dann den Patentierungs- und Verwertungsprozess.

Bei Gemeinschaftserfindungen zwischen Hochschulen / Kliniken und den Helmholtz-Instituten gilt: Die drei Technologietransferstellen agieren gemeinsam in enger Absprache bei der Patentierung und Verwertung.

Verwertung der Erfindungen:

Die TT-NGFN verwertet schutzrechtlich gesicherte Erfindungen und/oder Know-how im Auftrag der wissenschaftlichen Institute und Kli-

niken. Durch die zentrale Stellung der TT-NGFN innerhalb des Netzes und die guten Kontakte zur Industrie, sind die besten Voraussetzungen gegeben, die Schutzrechte erfolgreich zu verwerten. Dazu wird durch die TT-NGFN ein Informations-Portal etabliert, um die Industrie rasch und gezielt über die aus dem NGFN entwickelten Innovationen zu informieren und somit eine erfolgreiche Verwertung der Schutzrechte zu ermöglichen.

Durch die Größe des NGFN und die zentrale Stellung der TT-NGFN innerhalb des NGFN können Erfindungen gebündelt werden und in sogenannten Patentportfolios angeboten werden, was eine erfolgreichere Vermarktung verspricht. Eine weitere Möglichkeit, Innovationen aus dem NGFN wirtschaftlich zu verwerten, ist die der Firmenausgründung, basierend auf den schutz-

Abb. 2: Die Technologietransferstelle TT-NGFN filtert die wissenschaftlichen Ergebnisse aus dem NGFN nach patentrechtlichen und wirtschaftlichen Gesichtspunkten, bündelt die erworbenen Schutzrechte und führt sie der Verwertung zu.



One face to the customer

Die TT-NGFN koordiniert die Verwertung der Ergebnisse der über 200 Arbeitsgruppen des NGFN. Mit dem durch das bmbf vorgegebenen und von der Industrie begrüßten Prinzip: «One face to the customer» tritt das Netz durch die TT-NGFN einheitlich gegenüber der Industrie auf.

- Um der Industrie den Zugang zu den Innovationen zu erleichtern, ist es sinnvoll, eine zentrale Anlaufstelle zu schaffen, die die Ergebnisse bündelt.
- Um eine Bündelung von Erfindungen erreichen zu können, ist der

Zugang zu einer möglichst großen Anzahl (kritische Masse) an Ergebnissen erforderlich.

- Durch die Bündelung von Schutzrechten in sogenannten Patentportfolios lassen sich Synergieeffekte bei der wirtschaftlichen Verwertung erzielen.
- Die TT-NGFN etabliert in Zusammenarbeit mit der Ascenion GmbH und der Garching Innovation GmbH ein Portal, in dem die erworbenen Schutzrechte aus dem NGFN der Industrie angeboten werden.

rechtlich gesicherten Erfindungen. Auch hierbei unterstützt die TT-NGFN die Wissenschaftler beratend.

Netzwerkbildung:

Die TT-NGFN unterstützt die einzelnen Partner des NGFN bei Kooperationen sowohl innerhalb des NGFN als auch bei Kooperationen mit Unternehmen und Arbeitsgruppen außerhalb des NGFN. Dadurch wird die Bildung von Netzwerken und Technologieallianzen erleichtert. Diese Unterstützung erfolgt vor allem durch Beratung in den Bereichen Kooperationsverträge, Geheimhaltungsvereinbarungen (CDAs) und Material Transfer Agreements (MTAs).

Weiterbildung:

Die TT-NGFN bietet den beteiligten Wissenschaftlern im Genomforschungsnetz mit Se-

minaren und Round-Table-Veranstaltungen sowie regelmäßigen Newslettern die Möglichkeit sich über die neuesten wissenschaftlichen und patentrechtlichen Entwicklungen zu informieren.

Kontakt

Sollten Sie Fragen zu den Bereichen Patente, Bewertung, Verwertung und Kooperationen haben, können Sie sich jeder Zeit an uns wenden. Bitte besuchen Sie auch unsere Homepage: www.pst.fraunhofer.de/ngfn

Fraunhofer Patentstelle für die Deutsche Forschung
TT-NGFN

Leonrod Straße 68 · D-80636 München

Dr. Florian Becke

Tel +49 (0)89/ 1205-358

Fax +49 (0)89/ 1205-888

florian.becke@pst.fraunhofer.de

Dr. Andrea Hermann

Tel +49 (0)89/ 1205-744

Fax +49 (0)89/ 1205-888

andrea.hermann@pst.fraunhofer.de

Dr. Antje Stanjek

Tel +49 (0)89/ 1205-141

Fax +49 (0)89/ 1205-888

antje.stanjek@pst.fraunhofer.de

Dienstleistungen der TT-NGFN:

Allgemein:

1. Schneller aber umfassender Publication Screening von geplanten schriftlichen, mündlichen oder elektronischen Veröffentlichungen auf patentrechtlich relevante Daten.
2. Bewertung der Erfindungen nach wirtschaftlichen Gesichtspunkten.

Für Hochschulen /Kliniken:

3. Bei positiver Beurteilung Empfehlung der Inanspruchnahme seitens der Hochschule und Betreuung des Patentierungsprozesses.
4. Einleitung des Verwertungsprozesses.

Für Helmholtz-Institute und Max-Planck-Institute:

3. Kontaktaufnahme mit den Technologietrans-

feragenturen Ascenion GmbH (zuständig für die Helmholtz-Institute) und Garching Innovation GmbH (zuständig für Max-Planck-Institute) und bei positiver Bewertung die Empfehlung der Inanspruchnahme.

Bei Gemeinschaftserfindungen wird der Verwertungsprozess mit der jeweiligen Agentur abgesprochen.



Abb. 3: Dargestellt ist der Ablauf eines Bewertungs- und Verwertungsprozesses für verschiedene Teilnehmer im NGFN vom Forschungsergebnis bis zur wirtschaftlichen Verwertung. Die TT-NGFN übernimmt in allen Fällen die zentrale Koordinationsfunktion und etabliert nach dem Prinzip „One face to the customer“ ein attraktives Portal für die Industriepartner.

Seit 7. Februar 2002: Reform des Hochschullehrerprivilegs in Kraft

Durch das Gesetz zur Änderung des Arbeitnehmererfindungsgesetzes änderten sich zum 7. Februar 2002 die rechtlichen Rahmenbedingungen für Erfindungen an Hochschulen (§ 42 des Arbeitnehmererfindungsgesetzes) in grundlegender Weise.

· Das alte «Hochschullehrerprivileg» gibt es in Zukunft nicht mehr. Neu gilt: Alle Erfindungen von Hochschulangehörigen (aus dienstlicher Tätigkeit, aus Nebentätigkeit und aus Drittmitteleinrichtungen) sind dem Dienstherrn zu melden. Die Hochschule kann sie binnen einer Frist von 4 Monaten in Anspruch nehmen mit der Folge,

dass dann alle kommerziellen Verwertungsrechte an dem Forschungsergebnis auf sie übergehen. Jede Publikation, die eine patentfähige Erfindung enthalten kann, ist dem Dienstherrn rechtzeitig, in der Regel 2 Monate vorher, anzuzeigen. Nach Ablauf dieser Informationsfrist kann die geplante Publikation erscheinen.

· Bei der Erfindungsvergütung stellt das neue Recht Hochschulangehörige deutlich günstiger als andere Erfinder. Verwertet der Dienstherr die Erfindung, so erhält der Erfinder 30% der durch die Verwertung erzielten Einnahmen. Das neue Recht nach § 42 Arbeitnehmererfindungsgesetz gilt für alle Hochschulangehörigen.

· Was wird aus bestehenden Drittmittelverträgen? Sie treten nicht automatisch außer Kraft, aber mit dem Ende des Hochschullehrerprivilegs ändert sich eine Randbedingung für solche Vereinbarungen. Eine Übergangsvorschrift im Gesetz trägt dem Rechnung: 1 Jahr lang gilt für solche Verträge (Forschungsaufträge, Kooperationen, "Lehrstuhlverträge" u.ä.) noch altes Arbeitnehmererfinderrecht. Das gibt den Vertragsparteien ausreichend Zeit, ihre Vereinbarungen entweder dem neuen Recht (unter Beteiligung der Hochschule) anzupassen oder abzuwickeln.

GENOMICS OF CHRONIC INFLAMMATORY DISORDERS

The Symposium will be hosted by the Inflammation and Environment Network within the framework of the German National Genome Research Network (NGFN)

July 5th – 7th 2002 · University Hospital Kiel, Germany

Lecture Hall of the Surgical Department · Andreas-Heller-Straße 7, D 24105 Kiel

Friday, July 5th

Opening		Edelgard Bulmahn, Federal Minister of Education and Research (t.b.c.)
Genetic Epidemiology	Organizer	Michel Krawczack (Kiel), Max Baur (Bonn)
Sarcoidosis	Organizer	Peter Zabel (Borstel), Manfred Schürmann (Lübeck), Joachim Müller-Quernheim (Borstel)
Diabetes	Organizer	Peter Zabel (Borstel), Manfred Schürmann (Lübeck), Joachim Müller-Quernheim (Borstel)
Genetic Therapy	Organizer	Anette Ziegler (München), Burkhard Göke (München), Tom Lindner (Würzburg)

Saturday, July 6th

Atopic Disease	Organizer	Ulrich Wahn (Berlin), André Reis (Erlangen)
Periodontitis	Organizer	Hans-Karl Albers (Kiel), Sören Jepsen (Kiel), Birte Größner (Kiel)
Intestinal Inflammation	Organizer	Ulrich R. Fölsch (Kiel), A. Salvador Pena (Amsterdam)
Asthma/COPD	Organizer	Erich Wichmann (München), Helgo Magnussen (Großhansdorf)

Sunday, July 7th

Technologies	Organizer	Hans Lehrach (Berlin), Jochen Hampe (Kiel)
Psoriasis	Organizer	Enno Christophers (Kiel), Dietrich Kabelitz (Kiel), Stefan Jenisch (Kiel)
Animal Models	Organizer	Norbert Lügering (Münster), Martin Hrabé de Angelis (München), Monika Stoll (Kiel)

Registration Deadline: June 1st, 2002 · Poster Deadline: May 1st, 2002

More Information, Registration and Poster Application: www.mucosa.de/ngfn/meeting Travel grants for selected poster applicants are available.

Frau Claudia Schubert 1. Medizinische Klinik der CAU · Schittenhelmstr.12 · D-24105 Kiel
Tel.: + 49 (0)431 5973726 · Fax: + 49 (0)431 5971842 · symposium-2002@mucosa.de



**Bundesministerium
für Bildung
und Forschung**

- Supported by
- Merckle GmbH
- Schering Plough
- Pharmaceuticals Inc.
- Falk Foundation
- Applied Biosystems
- Lufthansa-AG
- Pfizer GmbH

FORUM DE LA COOPÉRATION FRANCO – ALLEMANDE EN RECHERCHE

Ein Beitrag zum europäischen Forschungsraum



**Bundesministerium
für Bildung
und Forschung**

Die Vision des gemeinsamen europäischen Forschungsraums ist die treibende Kraft. Ein Motor, um diese Vision zu verwirklichen, kann und soll die deutsch – französische Partnerschaft sein. Am 11. und 12. Februar 02 trafen sich Wissenschaftler und Politiker aus beiden Ländern, um über den Ausbau der bilateralen Forschungszusammenarbeit zu diskutieren. Der Gedankenaustausch erfolgte in sieben thematischen Arbeitsgruppen. Neben der Arbeitsgruppe für Pflanzengenomforschung waren dies Luft- und Raumfahrt, Nanotechnologie, Materialforschung, Klima- und Umweltforschung, Verkehrsforschung und die Gesundheitsforschung.

Am ersten Tag erfolgte die Diskussion in fachspezifischen Workshops im «Ministère de la Recherche», dem französischen Forschungsministerium. Ziel dieses Gedankenaustauschs im kleinen Kreis war es, über den Stand der Kooperation und über Perspektiven konstruktiv, offen und visionär zu diskutieren. Die Ergebnisse dieser Rundtischgespräche wurden kondensiert in der sich anschließenden Plenarsitzung vorgetragen. Klares Signal in dieser Sitzung war der Wunsch, die bestehende Kooperation sichtbar zu machen und diese hin zum europäischen Forschungsraum auszubauen. Gefordert sind dabei der Abbau von strukturellen und institutionellen Hindernissen und die Erhöhung der innereuropäischen Mobilität. Pragmatismus ist bei der Lösung dieser Probleme ein Gebot der Stunde, betonten Gilles le Chattelier, Direktor im Kabinett des «Ministre de la Recherche» und Uwe Thomas, Staatssekretär im BMBF. Hervorgehoben wurde des Weiteren die Notwendigkeit eines Gleichgewichts zwischen nationalen und europäischen Forschungsinitiativen. Die beginnen-

de Kooperation zwischen GABI und Génoplante kann hier als Modell verstanden werden. Die Schaffung des europäischen Forschungsraumes ist dabei die Herausforderung der kommenden Jahre und kann durch derartige Kooperationen stimuliert werden. Uwe Thomas versteht diese Entwicklungen als Herausforderung, um im härter werdenden internationalen Wettbewerb bestehen zu können. Eine europäische Kooperation sieht er als einzige Chance, die technologische Lücke zwischen Amerika und Europa zu schließen. Ein Mittel dabei ist der Einsatz institutioneller Forschungsmittel, um strukturelle Grenzen und damit gemeint sind auch Ländergrenzen, überwinden zu können. Die Synchronisation bzw. die gemeinsamen Ausschreibungen von Forschungsvorhaben können Beispiele für pragmatische Lösungen sein. Aber auch gemeinsame Graduiertenkollegs und eine «europäische Doktorarbeit» als Fernziel können helfen, institutionelle Hürden abzubauen und die Mobilität der Wissenschaftler weiter zu erhöhen. Beide Ministerien wollen für gemeinsame Forschungsvorhaben Gelder im jeweiligen Etat reservieren, betonte Gilles le Chattelier vom «Ministère de la Recherche».

Am folgenden Tag wurde im französischen Senat im Palais du Luxembourg dieser Gedankenaustausch im Beisein der deutschen Ministerin Frau Edelgard Bulmahn und des französischen Ministers Roger-Gérard Schwartzberg fortgesetzt. Vertreter der sieben Forschungsfelder stellten thesenartig die Ergebnisse der vortägigen Workshops zusammen, die anschließend unter Leitung von Senator Pierre Laffitte diskutiert wurden. Der Präsident der Deutschen Forschungsgemeinschaft (DFG) Ernst Ludwig Winnacker,

bezeichnete die deutsch – französische Zusammenarbeit als Motor des europäischen Forschungsraums. Die wissenschaftliche Zusammenarbeit ist ein entscheidendes Modul für die europäische Zusammenarbeit. Er entwickelte das Bild eines griechischen Tempels, dessen Säulen nationale und europäische Forschungsprogramme sind. Das diese Säulen verbindende Dach ist eine Forschungscoordination auf europäischer Ebene. Gérard Megie, Präsident des «Centre National de la Recherche Scientifique (CNRS)», betonte, dass es gelingen muss, die nationalen Aktivitäten in einen europäischen Rahmen zu stellen, wozu CNRS bereit ist. Frau Marion Guillou («Directrice Générale, INRA») skizzierte den Weg der als allgemeines Beispiel geltenden Kooperation von GABI und Génoplante. In Deutschland und Frankreich wurden zeitgleich die beiden nationalen Forschungsprogramme Génoplante und GABI ins Leben gerufen. Beide Programme besitzen bezüglich der zu untersuchenden Pflanzen, der wissenschaftlichen Fragestellungen und der notwendigen Ressourcen zahlreiche Berührungspunkte. Um Synergien zwischen beiden Programmen zu entwickeln und unnötige Doppelungen zu vermeiden, waren Wissenschaftler und Politiker beider Seiten bestrebt, die Zusammenarbeit zwischen beiden Genominitiativen zu fördern. Durch einen «Bottom up» Ansatz konnten zunächst vier gemeinsame Projekte zwischen GABI und Génoplante am Modellorganismus Arabidopsis gestartet werden. Die bisher gemachten Erfahrungen sollen jetzt genutzt werden, um diese Kooperation weiter auszubauen. Ziel ist es auch, anwendungsorientierte gemeinsame Projekte zu definieren um die Kooperation zu vertiefen.



Impressionen von deutsch-französischen Forschungsgipfel in Paris.

GABI und Génoplante wurden durch beide Forschungsministerien aufgefordert, ihre Erfahrungen beim Aufbau dieser Zusammenarbeit den anderen hier anwesenden Forschungsfeldern näher zu bringen, um auch in diesen Kooperationen zu entwickeln.

Darüber hinaus arbeiten heute schon deutsche und französische Wissenschaftler in dem EUREKA-Projekt «CEREQUAL» zusammen und entwickeln gemeinsam molekulare Methoden zur Qualitätsverbesserung von Getreide zur Unterstützung einer nachhaltigen Landwirtschaft und

gesünderen Ernährung.

Einen globaleren Ansatz brachte Hans-Olaf Henkel, Präsident der Wissenschaftsgemeinschaft Gottfried Wilhelm Leibniz, in der Diskussion zum Ausdruck. Die Bündelung von Ressourcen erfolgt in wirtschaftlichen Unternehmen im globalen Maßstab. Er ist davon überzeugt, dass dies auch in der Wissenschaft so funktioniert und die Effektivität der Forschung steigern wird. Die bilaterale Zusammenarbeit zwischen Deutschland und Frankreich muss der Motor einer globalen Zusammenarbeit werden. Hinzuzufügen bleibt

dem nur noch, dass die Schaffung eines europäischen Forschungsraums ein Schritt in diese Richtung ist.

Während dieser zwei Tage in Paris wurde deutlich, dass das deutsch – französische Symposium genau zur richtigen Zeit stattgefunden hat und einen essentiellen Beitrag zur Kooperation zwischen Frankreich und Deutschland leisten wird. Treffen dieser Art werden folgen müssen, um den Rahmen der Zusammenarbeit weiter gestalten zu können.

2. PRESSESEMINAR HUMANGENOMFORSCHUNG

am 24. - 26. Juni 2002 in Oberwinter bei Bonn

Fast 50 Teilnehmer und eine «gute Presse» hatte das 1. Presseseminar Humangenomforschung im vergangenen Jahr (GenomXpress 3/01, S. 29). Daran knüpfen die Geschäftsstellen von DHGP und Förderverein jetzt an und organisieren wiederum gemeinsam das 2. Presseseminar Humangenomforschung zum Thema: «Warum dauert das so lange mit den neuen Therapien? – Der langsame Siegeszug der Molekularen Medizin».

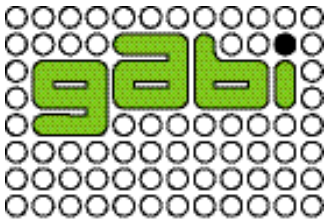
In die Themenwahl sind u.a. die Erfahrungen

eingeflossen, die DHGP und Förderverein bei ihrer Hotline-Aktion «Genom-Telefon» im Rahmen des DHGP-Projektleitertreffens 2001 in Braunschweig gemacht hatten: So vielfältig die Perspektiven medizinischen Fortschritts sind, die sich durch die Genomforschung auftun, so wenig ist die Öffentlichkeit über Dauer und Aufwand der Therapieentwicklung informiert. Erwartungen, die in neue medizinische Forschungsrichtungen gesetzt werden, werden daher allzu leicht enttäuscht. Deshalb werden

im 2. Presseseminar nicht nur Grundlagenforscher, sondern z.B. auch Wissenschaftler aus den klinischen Netzwerken des NGFN und aus dem Bereich Arzneimittelentwicklung zu Wort kommen. Da vielfach der Wunsch nach wechselnden Veranstaltungsorten geäußert wurde, findet das Seminar nicht wieder in Berlin, sondern diesmal in Oberwinter am Rhein im Großraum Köln-Bonn statt. Ein abschließender Experimentierkurs soll wiederum eingeplant werden.

EIN MÄDCHEN AUF ERFOLGSKURS

Das 2. GABI Statusseminar in Bonn



Alle an GABI beteiligten Forschergruppen sowie die Partner aus Industrie, Pflanzenzüchtung und Vertreter aus der Politik trafen sich am 18. und 19. Februar 02 in Bonn zum 2. Statusseminar der deutschen Pflanzengenominitiative GABI. Neben der Darstellung des Standes der Projekte schafft das Statusseminar die Möglichkeit, einen Gesamtüberblick über den Fortschritt der Initiative zu erhalten. Mehr als 150 Teilnehmer fanden in diesem Jahr den Weg ins Gustav Stresemann Institut.

Die Eröffnungsrede hielt der Referatsleiter für Gesundheit und Biowissenschaften im Bundesministerium für Bildung und Forschung «GABI ist eine Erfolgsstory und GABI 2 wird kommen» war sein Signal. Die Bereitschaft zur Weiterführung von GABI in einer zweiten Phase zeigt, dass die bisher geleistete Arbeit honoriert wird und dass das Potential und die Bedeutung der Pflanzengenomforschung auch in Zukunft politisch untermauert werden sollen. Ziel zukünftiger Bemühungen wird eine intensivere Verschmelzung von Grundlagenforschung und deren Anwendung sein. Des weiteren soll es durch konstatierte Aktionen von Wissenschaftlern, Politikern, Vertretern der Wirtschaft und Multiplikatoren wie Lehrern und Journalisten gelingen, den Verbraucher sowohl für die Genomforschung als auch für die grüne Biotechnologie zu gewinnen. Möglich ist dies durch Produkte, die eine nachhaltige landwirtschaftliche Produktion und gesündere Nahrungsmittel garantieren. Als weiteres Ziel benannte Herr Döllinger die Schaffung einheitlicher Rahmenbedingungen in Europa. Dies

beinhaltet Laborrichtlinien genauso wie die Kennzeichnung von Futter- und Nahrungsmitteln, und es bedarf praktikabler Schwellenwerte bei genetisch modifiziertem Saatgut. Das Bundesministerium für Bildung und Forschung unterstützt die Sicherheitsforschung und Forschung zur Technikfolgeabschätzung mit mehr als 8 Mio. Euro im Jahr. Die Ergebnisse dieser Forschung müssen nach Döllinger in Zukunft besser verbreitet werden, um Eingang in die öffentliche Diskussion und das öffentliche Denken zu finden. Auf diese Weise wird die Grundlage zur Gestaltung einer sachlichen Diskussion über die grünen Biotechnologie geschaffen. Momentan wird diese Diskussion von Seiten der Gentechnik Gegner eher ideologisch geführt.

Klarzustellen, dass Gentechnik nicht per se gut oder schlecht ist, wird auch ein Ziel dieser Versachlichung sein. Die Klärung, dass Gentechnik und Genomforschung zwei unterschiedliche Forschungsfelder sind, ist eine weitere Aufgabe. Die Ausschreibungen zur zweiten Phase der Deutschen Pflanzengenominitiative GABI soll bis spätestens September 2002 erfolgen.

Im Anschluss ergriff Herr Büchting, der Vorsitzende des Wirtschaftsverbundes für GABI, das Wort und fasste die Bedeutung von GABI in einem Satz zusammen. Er sagte: «... wenn es GABI nicht gäbe, müsste es entwickelt werden.» Nach seiner Meinung gelang es unter anderem durch die intensive Arbeit GABIs, die spät startende Pflanzengenomforschung in Deutschland zu einem internationalen Schwergewicht zu entwickeln. Die Partnerschaft

öffentlicher und privat geförderter Forschung an acht Pflanzengenomen hat es nicht nur vollbracht, nationale Netzwerke entstehen zu lassen, sondern auch internationale Kooperationen anzuregen. Bilaterale Kooperationen wie zum Beispiel GABI – Génoplante beginnen, auf die Entwicklung der nationalen und europäischen Forschungslandschaft auszustrahlen. Herr Büchting betonte die Notwendigkeit einer paneuropäischen Zusammenarbeit. Wenn es gelänge, diese auch auf Übersee auszudehnen, könnte die bisherige «Win-Win» Situation gestärkt werden.

Herr Altmann als gewählter Vertreter aller GABI Projekte (Vorsitzender des SCC) ging auf die Struktur des diesjährigen Statusseminars ein. Das 2. GABI Statusseminar wurde als Arbeitstreffen aller in GABI involvierten Gruppen gestaltet. Neu war die Postersession. Fast alle GABI Gruppen nutzten die Gelegenheit, ihre Forschungsergebnisse in Plakatform zur Diskussion zu stellen. Bei «Poster & Beer» kam die entspannte Atmosphäre auf, der es für einen intensiven aber auch informellen Informationsaustausch bedarf. Bei dieser Gelegenheit wurde nochmals zum internationalen Gedankenaustausch im September in Berlin geladen. GABI organisiert zusammen mit GARNet (U.K.) und Génoplante (Frankreich) in der Zeit vom 29. September bis 2. Oktober 02 das erste «Plant Genomics European Meeting» in Berlin. Am Rande des 2. Statusseminars fand eine Evaluierung der drei Arabidopsis Verbände und des Zuckerrübenverbundes GABI-Beet statt. Um dem Gutachtergremium einen besseren Ein-



Impressionen vom 2. GABI Statusseminar im GSI in Bonn. Über 150 Teilnehmer nahmen mit Interesse an der Veranstaltung teil.

blick in die Forschung zu ermöglichen, wurde diesen Forschungsvorhaben die längste Berichtszeit eingeräumt. Die Arabidopsis Verbände wie auch GABI-Beet konnten mit sehr guten Forschungsergebnissen aufwarten und schufen damit zum einen die Grundlage für eine Weiterförderung des eigenen Projekts. Zum anderen sind Forschungsergebnisse aus diesen Projekten eine Grundlage für Arbeiten anderer Forschergruppen, so dass die Projektberichte auf allgemeines Interesse stießen. Neben der hervorragenden Forschungsarbeit ist diesen Gruppen eine sehr gute Organisation und Koordination der Zusammenarbeit gemeinsam. Regelmäßig stattfindende Verbundtreffen sind eine wichtige Basis dieser Zusammenarbeit. Der aus drei Verbänden bestehende Superverbund GABI- Arabidopsis ging bei seinem letzten Treffen noch einen Schritt weiter. Man lud sich Kollegen aus dem Rapsverbund ein. Eine naheliegende Verbindung, denn zum einen sind Raps und Arabidopsis eng verwandte Arten, zum anderen ist der direkte Transfer des Modells Arabidopsis auf Raps ein gemeinsames Projektziel. Was liegt also näher, als mit den Kollegen aus dem Rapsnetzwerk das weitere Vorgehen und neue Ziele zu beraten.

Am zweiten Tag des Statusseminars kamen alle verbleibenden GABI Forschungsgruppen zu Wort und brillierten mit ebenso guten Forschungsergebnissen wie die Redner am Vortag. Deutlich wurde bei dem Statustreffen, dass die Genominitiative GABI nicht nur mit Leben erfüllt wurde, sondern in ihr Grundlagen geschaffen wurden, welche die Forschungs-

landschaft in Deutschland verändert haben. Ziel für die laufende Projektphase von GABI und GABI 2 muss es sein, die gut funktionierende Zusammenarbeit innerhalb der jeweiligen Verbände zu unterstützen und zwischen diesen zu entwickeln. Der Transfer der Forschungsergebnisse in assoziierte Unternehmen ist eine weitere Herausforderung in der laufenden GABI Phase und muss ein Fokus in GABI 2 sein. Dass Anwendungen der Grundlage bedürfen, ist dabei allen klar. Denn heute die Grundlagenforschung zu vernachlässigen würde heißen, morgen die Anwendungen teuer einzukaufen.

Die Erfolgsstory GABI soll darüber hinaus in der laufenden Phase noch etwas runder werden. Eine Ausschreibung GABI 1b im letzten Jahr setzte den Fokus auf die Erforschung der natürlich vorkommenden genetischen Diversität bei Pflanzen. Insgesamt sieben Forschungsprojekte und ein Ressourcenzentrum werden demnächst ihre Arbeit innerhalb von GABI 1b aufnehmen können. Durch jeweils 10-minütige Kurzpräsentationen stellten die neuen GABI Projektkoordinatoren ihr jeweiliges Forschungsvorhaben dar. Neben der internen Transparenz wurde durch diese Präsentationen auch die Möglichkeit geschaffen, Interaktionen aufzubauen und Synergien mit bereits laufenden Projekten zu entwickeln.

Die abschließende Diskussion gab allen Anwesenden die Gelegenheit, über die Weiterentwicklung zu diskutieren. Besonders hervorzuheben ist der Wunsch der GABI Projekte, aktiv auf die Gestaltung der zweiten Phase Einfluss

zu nehmen. Dieser dem «Bottom up» Prinzip folgende Vorstoß wurde von Vertretern der mit der GABI Steuerung beauftragten Gremien und dem BMBF begrüßt. Ein Thesenpapier über die Ausgestaltung von GABI 2 von Teilen der GABI Gemeinschaft verfasst, wurde zur Diskussion gestellt und soll auf der breiten Basis aller GABI Projekte weiterentwickelt werden.

Ebenfalls intensiv diskutiert wurde der Ausbau der Kooperation mit der französischen Pflanzengenominitiative Génoplante. Vier Projekte werden in den kommenden Monaten beginnen, ihre gemeinsame Arbeit aufzunehmen. Ziel ist es, diese am Modellorganismus Arabidopsis beginnende Kooperation auf gemeinsame Projekte an Nutzpflanzen auszudehnen. Rechtliche Rahmenbedingungen hierfür werden momentan durch Génoplante Valor SAS und der PLA für GABI erarbeitet und sollen bis Ende des Jahres vorliegen. Ebenfalls intensiv unterstützt wird dieser Prozess der internationalen Zusammenarbeit durch den Projektträger in Jülich. Projektideen für eine Kooperation können der GABI Geschäftsstelle mitgeteilt werden, so dass eine zentrale Koordination erfolgen kann. Was bleibt zum Abschluss? Natürlich ein Dankeschön an die Organisatoren der Veranstaltung, im speziellen an Frau Harms, die gute Seele vor Ort. Das 3. GABI Statusseminar wird vom 11. bis 12. Februar 2003 in Bonn zum Erfahrungsaustausch laden.

WIE BRINGT MAN SINN IN DEN WACHSENDEN DATENSALAT DER GENOMFORSCHUNG?

Workshop on Data Bases and Data Integration in Genome Research · Patricia Béziat

Am 7. und 8. Februar 2002 fand im Harnack-Haus in Berlin-Dahlem ein internationaler Workshop "Data Bases and Data Integration in Genome Research" statt. Ziel der Veranstaltung war es, Entwickler und Anwender aus den Bereichen Datenbanken, Bioinformatik und Genomforschung zusammen zu bringen, um sowohl aktuelle Arbeiten in Forschung und Entwicklung vorzustellen, als auch neue Aspekte und Alternativen beim Einsatz von Datenbanktechnologie für die Genomforschung zu diskutieren. Daneben sollte der Workshop über die Möglichkeiten informieren, die sich innerhalb des Nationalen Genomforschungsnetzes (NGFN) zur Vernetzung der anfallenden Daten bieten.

Organisiert wurde die Tagung vom Berliner Centrum für Genombasierte Bioinformatik (BCB) und dem Institut für Informatik, Bereich Datenbanken und Informationssysteme, der Humboldt-Universität Berlin. Weitere Unterstützung erhielt die Veranstaltung von der Firma IBM und dem Berlin-Brandenburger Graduiertenkolleg "Verteilte Informationssysteme".

Entsprechend dem Anspruch, moderne Techniken der Informatik in der biomedizinischen Anwendung zum Einsatz zu bringen, umspannten die Vorträge ein weites Spektrum von der Datenbanktheorie über Prototypen verschiedener Datenbanken und Datenintegrationssysteme bis hin zu Beispielen für den konkreten Datenbankeinsatz, etwa in der Verbindung von Genexpressions- und Patientendaten. Während sich der erste Tag, organisiert von Professor Johann-Christoph Freytag, Humboldt-Universität Berlin, überwiegend mit den Grundlagen und großen, verteilten Datenbankprojekten befasste, rückte der zweite Tag, organisiert von Professor Martin Vingron, Max-Planck-Institut für molekulare Genetik, die Anwendung und die drängenden Probleme des NGFN in den Mittelpunkt.

Die Darstellung umfassender Konzepte und Produkte zur Datenintegration in der Genomforschung bildeten den Inhalt sowohl des ersten, als auch des letzten Vortrages. Peter

Schwarz, IBM Almaden Research Center, USA, sprach gleich zu Beginn eines der Hauptprobleme in der Bioinformatik an: Ein Großteil biologischer Daten befindet sich nicht innerhalb traditioneller Datenbanksysteme, sondern verteilt sich auf die verschiedensten Datenquellen. Mit DiscoveryLink stellte Schwarz ein Datenbank-Management-System vor, welches auf eine Vielzahl unterschiedlicher Datenquellen zugreifen und sie so für die Wissenschaft verfügbar machen kann. Den Abschluss des Workshops bildete Thure Etzold, LION Bioscience, Cambridge. Der Vater des Sequence Retrieval Systems (SRS) fasste nochmals die vielfältigen Probleme zusammen, die sich bei der Zusammenführung von Daten aus verschiedenen Quellen ergeben. Er betonte, dass nur eine genaue Kenntnis der verwendeten Datenquellen es überhaupt ermöglicht, diese auf sinnvolle Weise miteinander zu integrieren. Dabei müssen Überlappungen und Interaktionen zwischen den einzelnen Domänen erkannt werden.

Mit der Integration von Daten beschäftigte sich auch Klaus Heumann, Biomax Informatics AG, Martinsried. Für erfolgreiche Wissenschaft ist heutzutage ein globaler Zugriff auf verschiedenste, lokal generierte Daten erforderlich. Allein der Versuch, in flat-files organisierte Daten mit denen in relationalen Datenbanken zu integrieren, bringt jedoch bereits häufig Schwierigkeiten mit sich. Mit ähnlichen Problemen setzte sich Barbara Eckman, IBM Life Science Solutions, USA, auseinander. Sie stellte mit TINet (Target Informatics Net) ein von GlaxoSmithKline entwickeltes Datenintegrations-System vor, welches die Daten einer Vielzahl verschiedener Datenbanken (u.a. Mouse Genome Database (MGD), Gene Expression Databanks (GXD), SwissProt, PubMed, Gene Cards etc.) verfügbar macht. Sämtliche Datenquellen und Methoden sind dabei über eine SQL-like query language verfügbar.

Peter Bunemann, Edinburgh University & University of Pennsylvania, stellte ein weiteres Problem zur Diskussion, welches in der Bioinformatik zunehmende Bedeutung bekommt: Die

Herkunft vieler Daten in den frei verfügbaren Datenbanken ist für viele Wissenschaftler nicht mehr ersichtlich. Ein Großteil der bioinformatischen Datenbanken enthält keine Primärdaten mehr, sondern stellt Extrakte anderer Datenbanken dar. Einzelne Datensätze durchlaufen zum Teil umfangreiche Filter-, Transformations- und Annotationsprozesse sowie manuelle Korrekturen. Das Nachzeichnen der Entwicklung einzelner Datensätze kann dadurch extrem komplex werden. Ein Verzicht auf diese Beschreibung kann jedoch den enormen Mehrwert, den von Hand gepflegte (curated) Datenbanken haben, teilweise in Frage stellen.

Eine Einstimmung auf die anwendungsorientierten Themen des nächsten Tages bot der Beitrag von Stefan Haas, Max-Planck-Institut für Molekulare Genetik, Berlin. Haas stellte verschiedene Werkzeuge zur Untersuchung von EST Clustern (GeneNest) und Splice-Varianten (SpliceNest) von Genen vor. Basierend auf gepflegten Datenbank erlauben es diese Programme dem im Labor tätigen Wissenschaftler, ESTs zu verschiedenen Splice-Varianten eines Gens zu assemblieren und diese anschließend mit genomischer DNA zu vergleichen. Die konkreten Probleme des Datenhaushaltes im Alltag der Genomforschung wurden auch von Roland Eils (Heidelberg), Martin Dugas (München) und Tim Lu (Kiel) thematisiert, die sich mit microarray-Daten und genetischer Information beschäftigten.

Steffen Schulze-Kremer, Ressourcenzentrum des Deutschen Humangenomprojekts, Berlin, stellte die Rolle der Primärdatenbank im Rahmen des Nationalen Genomforschungsnetzes (NGFN) vor. Ihr Ziel ist es, alle anfallenden Daten der verschiedenen Partner innerhalb des NGFN zu beherbergen und mit anderen großen, internationalen Datenbanken zu verbinden. Besonderes Augenmerk wird dabei auf die entsprechende Standardisierung der verschiedenen Daten gelegt, welche durch Ontologien realisiert wird.

Eine Datenbank zur Unterstützung der eigenen Mitarbeiter eines multinationalen Unternehmens stellte Georg Beckmann, Schering AG,

Berlin, vor. Die "Corporate Gene Database" (CGDB) verbindet genbezogene Daten aus externen und firmeninternen Quellen, um Wissenschaftlern einen möglichst komfortablen Zugang und umfassenden Überblick über die zu einem bestimmten Gen verfügbaren Daten zu ermöglichen. Beckmann betonte, dass die Qualität oder vielmehr der Erfolg einer Datenbank ausschließlich durch die Akzeptanz und Zufriedenheit ihrer Nutzer bestimmt wird. Bereits bei der Planung muss daher darauf geachtet werden, dass eine Datenbank nicht nur den augenblicklichen, sondern auch den zukünftigen Ansprüchen der mit ihr arbeitenden Wissenschaftler gerecht wird.

Wolfgang Glitscher, Fraunhofer-Institut für Software und Systementwicklung, Berlin, prä-

sentierte eine BMBF-geförderte Telematikplattform für medizinische Forschungsnetze (TMF) in Deutschland. Ihr Ziel ist die Entwicklung und Implementierung einer effizienten IT-Infrastruktur zur Verknüpfung der verschiedenen Informations- und Kommunikationssysteme, die im Bereich der medizinischen Forschung verwendet werden. So sollen im Rahmen dieses Projekts beispielsweise eine Pseudonymisierungs-Software entwickelt, sogenannten public key infrastructures etabliert und verschiedene Systeme zur Unterstützung der klinischen Forschung implementiert und evaluiert werden. Die gute Neuigkeit dieses Workshops war zweifelsohne, daß die notwendigen Werkzeuge zur Sammlung und Integration der heterogenen Datensätze des NGFN im Prinzip existieren. Es

ist jedoch noch ein weiter und mühsamer Weg bis hin zu einer Integration. Limitierungen werden letztendlich weniger durch die technischen Möglichkeiten, als vielmehr durch mangelhafte Kommunikations- und Organisationsstrukturen gesetzt.

Die Abstracts und Unterlagen zu vielen, auch der nicht hier erwähnten Vorträge können unter <http://bcb.molgen.mpg.de> eingesehen werden.

Dr. Patricia Béziat

Berliner Centrum für Genombasierte Bioinformatik (BCB)
Max-Planck-Institut für molekulare Genetik
Inhnestr. 63-73 · 14195 Berlin
Tel.: 030-8413 1716 · Fax: 030-8413 1671
beziat@molgen.mpg.de



Peter Schwarz, IMB Almaden Research Center, USA, bei seinem Vortrag «Don't Scrap it, Wrap it: A Federated Database Approach to Integrating Life Science Data»



Teilnehmer des Workshops über Datenbanken und Datenintegration in der Genomforschung bei der Diskussion über ihre Arbeit

WISSENSCHAFTLICHER AUSTAUSCH MIT ASIEN

Angela Haese

Stipendien für China und Indonesien

Das Interesse an einer Kooperation von und mit Forschungsinstitutionen in Asien nimmt stetig zu. Um die steigende Nachfrage nach wissenschaftlicher Zusammenarbeit zu unterstützen, bietet das Sonderprogramm Biowissenschaften 2002/2003 des DAAD besonders qualifizierten Doktoranden und Postdocs Stipendien für weiterqualifizierende Forschungsaufenthalte in der VR China einschließlich Hongkong, Indonesien und auch Brasilien.

Der Deutschen Akademischen Ausstauschdienstes (DAAD) e.V. ist eine Mittlerorganisation der Auswärtigen Kulturpolitik sowie der Hochschul- und Wissenschaftspolitik. Die Mittel für dieses Programm werden vom Bundesministerium für Bildung und Forschung (BMBF) zur Verfügung gestellt. Dieses Förderprogramm soll vor allem der Vorbereitung von künftigen größeren Projekten und Kooperationen in den Biowissenschaften im Rahmen der wissenschaftlich-Technologischen Zusammenarbeit (WTZ) mit den genannten Ländern dienen. Ent-

sprechend dieser Zielsetzung sollen insbesondere Vorhaben gefördert werden, deren Ergebnisse eine spätere industrielle Verwertbarkeit erwarten lassen. Vorrangig gefördert werden Anträge aus folgenden Forschungsfeldern: Bioinformatik, Proteomics, nachhaltige Bioproduktion, Nanobiotechnologie, Tissue Engineering.

Die Stipendien werden für Vorhaben mit einer Laufzeit zwischen 3 und 12 Monaten vergeben. Dieses Programm ist bis Ende 2003 befristet. Die nächsten Bewerbungstermine für Aufent-

halte, die länger als 6 Monate dauern sollen, sind am 1. April 2002, 15. Juli 2002 und 1. Dezember 2002. Anträge für Aufenthalte bis zu 6 Monate können jederzeit beim DAAD gestellt werden.

Weitere Informationen bei:

DAAD

Referat 421 · z.Hd. Frau S. Scherzer
Postfach 20 04 04 · D-53134 Bonn
Tel.: (0228) 882-560 · Fax: (0228) 882-662
scherzer@daad.de

ASIA-Link – EU Kooperation im Hochschulbereich

Die Europäische Kommission richtete kürzlich das Asia - Link Programm ein, um die Zusammenarbeit im Bereich der Hochschulbildung zwischen der Europäischen Union und Süd- und Südostasien sowie China zu fördern. Das Programm unterstützt beispielsweise die Verbesserung und Förderung der Qualifikation und Mobilität der postgraduierten Studenten und des Lehr- und Verwaltungspersonals in Hochschuleinrichtungen durch Fortbildungsmaßnahmen vor Ort und im Ausland. Es fördert den Erfahrungsaustausch und die gegenseitige Kenntnis und

Anerkennung von Studiengängen sowie Zulassung zu Hochschulen der anderen Region. Außerdem sollen die Grundlagen für die weitere Zusammenarbeit geschaffen werden, unter anderem beispielsweise durch Vereinbarungen über die Übertragbarkeit von Studienleistungen und gegenseitige Anerkennung der akademischen Abschlüsse und Zulassung zu Hochschulen der jeweils anderen Region. Um die Attraktivität der europäischen Hochschulbildung zu steigern, sollen in den teilnehmenden Ländern Asiens Informationen über das Hochschulsystem in der EU besser verfügbar gemacht werden. Das Angebot an Auslandsstudien für asiatische Studenten soll erweitert werden. Die Antragsfristen sind 24.05.2002 und 24.10.2002. Weitere Informationen im Internet:

http://europa.eu.int/comm/europeaid/projects/asia-link/index_en.htm

Infos zu Forschungs- aufenthalten von Wissenschaftlern aus Asien

Das Interesse von Studierenden und Wissenschaftlern aus China und Indien an einem Forschungs- oder Studienaufenthalt in Deutschland wächst. Bei einer Einzelanfrage nach einem Forschungsaufenthalt in einer Arbeitsgruppe tauchen manchmal eine Reihe von Fragen auf. Was sagen die eingereichten Unterlagen aus, wer kann den Bewerbern und den gastgebenden Labors Hilfestellung geben? Wer kennt sich in der sich zur Zeit stark wandelnden Hochschul- und Forschungslandschaft Chinas aus?

Hilfestellungen bei derartigen Fragen bieten die Außenstellen des DAAD. Der DAAD unterhält unter anderem ein weltweites Netzwerk von Büros, die Kontakt, Beratung und Information vor Ort bieten und über detaillierte Kenntnisse der Hochschulen und Forschungseinrichtungen des Landes verfügen. Zur Beurteilung von Unterlagen kann auch von deutscher Seite aus Kontakt zu diesen Außenstellen, deren Adressen im Internet unter www.daad.de und für China und Indien unten aufgeführt sind, aufgenommen werden. Neben der Beratung bietet der DAAD auch Stipendien an.

Außenstelle New Delhi

German Academic Exchange Service
Regional Office
Bangladesh, India, Nepal, Sri Lanka
176, Golf Links · New Delhi 110003 · Indien
Tel.: (0091/11) 46 15-148, 46 15-009
Fax: (0091/11) 46 90-919
daadnd@bol.net.in

Außenstelle Peking

Deutscher Akademischer Austauschdienst
Xisanhuan Beilu 2 · P. O. Box 8936-46
100089 Beijing · VR China
Tel.: (0086/10) 684 56 7-02 und 03
Fax: (0086/10) 684 56 7-04
postmaster@daad.org.cn

Geschäftsstelle Bonn-Bad Godesberg DAAD

Postfach 20 04 04, 53134 Bonn
Tel.: (0228) 882-0
Fax: (0228) 882-444
postmaster@daad.de

Besondere Probleme wirft die Umstrukturierung der chinesischen Universitäts- und Forschungslandschaft auf. Noch immer gibt es in China weniger Studienplätze als Bewerber. Da es in letzter Zeit zu einem Andrang chinesischer Studienbewerber auf deutsche Universitäten gekommen ist und dabei manchmal gefälschte Dokumente eingesetzt wurden, richtete der DAAD im letzten Jahr mit Unterstützung des Auswärtigen Amtes in der Deutschen Botschaft in Peking eine neuartige «Akademische Prüfstelle» ein. Dort werden chinesische Studienbewerber auf freiwilliger Basis auf fachliche Eignung und Sprachkenntnisse geprüft. Eingereichte Dokumente werden auf Echtheit beurteilt. Die Akademische Prüfstelle dient zwar vorrangig chinesischen Studierenden, kann aber auch gegebenenfalls von deutscher Seite zu Rate gezogen werden. Eine vergleichbare Einrichtung existiert in Indien nicht.

Akademische Prüfstelle Peking (APS)

Frau Susanne Otte
kuaps@163bj.com
Fax : 0086 10 65 90 71 40
Tel : 0086 10 65 90 71 38

Auch die Wissenschaftsreferenten an den deutschen Botschaften können Informationen zu Forschungsinstituten und Hochschulen geben. Ansprechpartner und Adressen:

China

Herr Dr. Abel · Embassy of the
Federal Republic of Germany
17, Dongzhimenwai Dajie
Chaoyang District · Beijing, 100 600 · China
Tel: 00 86 10 65 32 21 61 (Zentrale)
Fax: 00 86 10 65 32 53 36

Indien

Herr Lüders · Embassy of the
Federal Republic of Germany
PO Box 613 · New Delhi 110 001 · India
Tel: 00 91 11 687 18 31 37 (Zentrale)
Fax: 00 91 11 687 31 17

«DIE ENTSCHLÜSSELUNG DES MENSCHLICHEN GENOMS»

Münzwettbewerb für Nachwuchskünstler 2001 · Jörg Wadzack

Das Bundesamt für Bauwesen und Raumordnung (BBR) ist zuständig für die Durchführung von Münzwettbewerben im Auftrag der Bundesrepublik Deutschland und führt im Auftrag des Bundesministeriums der Finanzen auch die künstlerischen Wettbewerbe zur Gestaltung der Gedenkmünzen durch.

Jährlich lobt das BBR fünf Wettbewerbe aus, zu denen bis zu 30 Künstler eingeladen werden. Um diese Wettbewerbe auf hohem gestalterischem Niveau durchführen zu können, muss die Künstlerkartei stetig erweitert werden; vor allem aber gilt es, jüngere Künstler an die Problematik einer Münzgestaltung heranzuführen. In den deutschen Kunsthochschulen wird die künstlerische Auseinandersetzung mit dieser Sparte der Kleinplastik kaum oder gar nicht mehr gelehrt.

Vor diesem Hintergrund veranstaltet das BBR gemeinsam mit dem Bundesministerium der Finanzen und dem Vertreter des Beauftragten der Bundesregierung für Angelegenheiten der Kultur und der Medien einen Wettbewerb zur Nachwuchsförderung junger Künstler, die an diese spezielle künstlerische Aufgabe herangeführt werden sollen.

Vor dem Hintergrund der Ereignisse um die Veröffentlichung der Sequenz des menschlichen Genoms und dem damit verbundenen Interesse der Öffentlichkeit, wurde als Thema des Nachwuchswettbewerbes 2001 «Die Entschlüsselung des menschlichen Genoms» gewählt.

Der Wettbewerb zur Gestaltung einer 5-Euro-Münze wurde im Mai 2001 ausgelobt. Die Künstler hatten bis zum 20.11.2001 Zeit, ihre Entwürfe einzureichen. Einzureichen waren zeichnerische Darstellungen einer Bildseite, auf

der das Thema umzusetzen war, und einer Wertseite einer kreisrunden Münze, die als wesentliches Element den Bundesadler als Staatswappen zeigen muss. Außerdem mussten die Künstler eine Gipsplastik von der Bild- wie der Wertseite erstellen, die den technischen Anforderungen einer direkten Münzherstellung genügte. Gipsmodelle sind traditionell Vorlagen zur Herstellung der Prägestempel.

Insgesamt wurden 20 Arbeiten eingereicht. Eine unabhängige Jury, die sich aus Vertretern der Staatlichen Münze Berlin, Vertretern der beteiligten Ministerien (Finanzen, Wirtschaft, Kultur) und einem Vertreter des DHGP zusammengesetzt, hat in 4 Wertungsdurchgängen die besten Entwürfe ausgewählt:

Bewertungskriterien waren im wesentlichen die handwerkliche Ausführung der Arbeit sowie die künstlerische Auseinandersetzung mit dem Thema. Wichtiges Kriterium für die Wertseite war darüber hinaus die gestalterische Umsetzung des Staatswappens. Da es für die Gestaltung des Adlers keine konkreten Vorgaben gegeben hatte, fielen die Ausführungen sehr vielfältig aus. Strahle der Adler nicht genügend «staatliche Würde» aus, so fiel dieser Entwurf selbst bei sehr guter künstlerischer Umsetzung des Themas spätestens im 3. Wertungsdurchgang heraus.

Die Jury vergab Preise für die ersten vier Plätze. In der Jurywertung für den 1. Platz (Abb. 1a und 1b), Preisträgerin Viktoria Frühauf, heißt es: «Der Entwurf vermittelt in einer klaren Symbolsprache drei wesentliche Elemente des Entschlüsselungsprozesses des menschlichen Genoms. Das zentral angeordnete Chromosomenpaar verdeutlicht als kleinstes Bauteil die orga-

nische Ebene. Die Doppelhelix stellt dagegen die Anordnung der DNA dar. Somit wird auch auf das Ausbuchstabieren des Genoms als computergesteuerter technischer Prozess assoziiert, aus dem sich schließlich eine gewaltige Datenbank entwickelt hat.

Die Konturen eines im Profil gesehene menschlichen Gesichts umschließen das Chromosomenpaar, um den Bezug des Menschen zu signalisieren. Die künstlerische Verbindung dieser Elemente ist hervorragend gelungen. Es besteht ein kompositorischer Einklang von Bild- und Wertseite – einzelne Elemente wiederholen sich. Sichtbar wird dies in der Form der Doppelhelix, deren Elemente in den Flügeln des Adlers auf der Wertseite wieder aufgenommen werden. Die nicht ganz zentrale Position entspricht der Anordnung der Bildseite. Die handwerklich saubere Ausführung und die klare Gliederung überzeugt.

Insgesamt überzeugte das Preisgericht die anschauliche und reliefplastisch gekonnte Umsetzung des Themas.»

Die Preisträger in der Übersicht:

1. Preis: Viktoria Frühauf aus Hanau, Zeichenakademie Hanau, betreut durch Herrn Otto, Preisgeld 750,- Euro
2. Preis: Carsten Mahn aus Berlin, Kunsthochschule Weißensee, betreut durch Herrn Heinz Hoyer, Preisgeld 550,- Euro (Abb. 2a und 2b)
3. Preis: Barbara Geiler aus Fürth, Akademie der Bildenden Künste Nürnberg, betreut durch Herrn Reinhard Eiber, Preisgeld 400,- Euro (Abb. 3a und 3b)
4. Preis: Irene Pätzig aus Berlin, Kunsthochschule Weißensee, betreut durch Herrn Heinz Hoyer, Preisgeld 250,- Euro



Abb. 1a



Abb. 1b



Abb. 2a



Abb. 2b



Abb. 3a



Abb. 3b



German Society of Human Genetics



13th Annual Meeting

Sept 29th 2002 - Oct 2nd 2002
in Leipzig/Germany

together with the

Austrian Society of Human Genetics

and the

Swiss Society of Medical Genetics

and the

German Human Genome Project



More information and online-registration at:

www.SFK-Hamburg.de
www.dhgp.de/genome02.html

Dead line for abstracts: May 15th 2002 · Abstracts should be submitted through the congress homepage (see above). Abstract submission will be confirmed. Deadline for early registration: June 15 2002

Location

Universität Leipzig und Gewandhaus
Universitätsstraße 5
D-04109 Leipzig

Organiser

German Society of Human Genetics
Austrian Society of Human Genetics
Swiss Society of Medical Genetics
German Human Genome Project
Association for the Promotion of
Human Genome Research

For further information please contact:
German Human Genome Project
Managing Office of the Scientific
Coordinating Committee (SCC)
Heubnerweg 6 · 14059 Berlin
Phone: x49-30-326 39-171
Fax: x49-30-326 39-262
dhgp-info@dhgp.de

SFK GmbH
Sander Fachkongress Organisation
Blumenau 18 · D-22089 Hamburg
Phone x49-40-250 19 59
Fax: x49-40-250 39 28
info@SFK-Hamburg.de

Preliminary Programm

The conference language is English

Sunday, September 29th 2002

- 13.00-17.00 Registration
- 13.00-14.30 Quality Control Workshops, Technical Workshops
- 15.00-16.45 Membership Assembly of the Berufsverband Medizinische Genetik e.V.
- 17.00-18.00 Opening Ceremony
- 18.15-19.15 Public Lecture, Gewandhaus
- 19.30 Welcome Reception

Monday, September 30th 2002

- 08.00-18.00 Registration
- 08.30-10.15 Plenary Session (Gewandhaus)
Human Genetics and the Human Genome Project
- 11.00-12.30 Parallel Symposia
S1: Genetic Epidemiology
S2: Cancer Genetics
S3: Preimplantation and Prenatal Diagnosis
S4: Genomics I-Sequencing and cDNAs
- 13.00-15.00 Poster Session I
Quality Control and Technical Workshops
- 15.00-16.30 Parallel Workshops
W1: Clinical Genetics
W2: Cytogenetics I
W3: Molecular Genetics I
W4: Genomics II – Functional Genomics/
Expression Analysis/Proteomics
- 17.00-18.30 Parallel Workshops
W5: Neurogenetics
W6: Cancer Genetics
W7: Molecular Genetics II
W8: Genomics III – Bioinformatics
- 20.00 Social Evening at the Moritz Bastei

Tuesday, October 1st 2002

- 08.30-10.00 Parallel Symposia
S5: Dysmorphology / Syndromology
S6: Predictive Testing
S7: Complex Diseases
S8: Genomics IV – Model Organisms
- 11.00-12.30 Parallel Symposia
S9: Therapy of Genetic Diseases
S10: Developmental Genetics
S11: Genetic Discrimination
S12: Genomics V – Molecular Medicine
- 13.00-15.00 Poster Session II
- 15.00-16.30 Parallel Workshops
W9: Prenatal Diagnosis
W10: Pharmacogenetics
W11: Cytogenetics II
W12: Imprinting
W13: Genomics VI – Chemical Genomics
- 17.00-18.30 Parallel Workshops
W14: Complex Diseases
W15: Genetics in Assisted Reproduction
W16: Genomics VII - Problems of Informed Consent
in Pharmacogenomic Studies
W17: Bioethics / ELSI
W18: Genomics VIII - Patenting
- 19.00 Membership Assembly of the GFH

Wednesday, October 2nd 2002

- 08.30-09.30 Keynote Lecture
- 09.30-12.00 Selected Presentations
Awards Closing Ceremony

FACSIMILE REGISTRATION

13th Annual Meeting of the German Society of Human Genetics · German Human Genome Meeting 2002
September 29th 2002 - October 2nd 2002

SFK GmbH · Sander Fachkongress Organisation · Blumenau 18 · D-22089 Hamburg · Congress Registration

FAX NO X49-40-250 39 28

or register online: www.dhgp.de/genome02.html · www.SFK-Hamburg.de

First Name	Last Name	Title
Institution/Company		Division/Department
Address		ZIP/Postal Code/City
Phone/Fax	e-mail	

Registration Fee

- | | | |
|---|-----------------------------|-----------------------------|
| <input type="checkbox"/> member of GfH, ÖGH, SGMG, DHGP
please quote »Förderkennzeichen« _____ | before June 15
Euro 92,- | after June 15
Euro 130,- |
| <input type="checkbox"/> non-member | Euro 195,- | Euro 230,- |
| <input type="checkbox"/> Students (ID required) | Euro 77,- | Euro 77,- |

Method of Payment

- Payment per unique debit (only german participants)
- Account by Bank _____
- Bank no (BLZ) _____ Account no _____
- credit-card VISA mastercard
- valid ____ / ____ No _____ (16 sign)
- Bank Transfer: COMMERZBANK Hamburg · Swift Code: DECOBAHHXXX · BLZ: 20040000 · Acc. no. 340035502

Social events

- get together Sept. 29th 2002 _____ person(s) free
- congress party Sept. 30th 2002 _____ person (s) á 30,- Euro

Date

Signature

**Please copy
and use for registration
by fax!**

THE GENETIC AND MOLECULAR BASIS OF HUMAN DISEASE

«A Symposium of the German National Genome Research Network (NGFN) and the German Human Genom Project (DHGP)»



DAS 1. GEMEINSAME SYMPOSIUM DES NATIONALEN GENOMFORSCHUNGSNETZES (NGFN) MIT DEM DEUTSCHEN HUMAN GENOM PROJEKT (DHGP) FINDET STATT VOM **17. BIS 19. NOVEMBER 2002** IM HOTEL GRAND HYATT, MARLENE-DIETRICH-PLATZ 2 IN BERLIN

Geplante Inhalte:

Vortragsblöcke mit jeweils einem externen Key-Note Speaker und bis zu 7 Kurzvorträgen von Teilnehmern des NGFN/DHGP zu den Themen:

- Functional Genomics
- Proteomics/Bioinformatics
- Model Organisms
- Genetic Medicine

parallele Workshops zu den Themen:

- Expression Profiling
- SNP-Genotypisierung/Genetische Epidemiologie
- Datenintegration
- Was erwartet die Industrie von der Genomforschung?

Abstracts/Präsentation

Das Programmkomitee wählt aus allen eingereichten Abstracts 28 Kurzvorträge und eine begrenzte Anzahl an Postern aus. Damit wird nicht jeder eingereichte Abstract die Möglichkeit zur Präsentation (mündlich oder als Poster) erhalten.

Das Symposium

ist für externe Interessenten offen, Präsentationsmöglichkeiten bleiben NGFN und DHGP Partnern vorbehalten (ausgenommen eingeladene internationale Key-Note Speaker).

Die Teilnehmerzahl

ist auf max. 550 Personen begrenzt. Die offizielle Sprache wird Englisch sein.

Einreichen der Abstracts bis zum 30. August beim Projektmanagement.

KEINE Kongressgebühren für Mitglieder des NGFN und DHGP.

Anreise- u. Hotelkosten können aus Reisemitteln der Projekte finanziert werden.

Das vorläufige Programm mit weiteren Informationen und Anmeldeformular erscheint im Mai/Juni.

Kontaktadresse

Projektmanagement des NGFN

Koblenzer Straße 112 · D-53177 Bonn

Tel.: + 49 (0)228 3821 331/336

anja.huegel@dlr.de

www.ngfn.de

AUSGABEN FÜR BILDUNG, FORSCHUNG, WISSENSCHAFT IN 2000

Angela Haese

Destatis, das Statistische Bundesamt, veröffentlichte im Februar diesen Jahres die Aufwendungen für Bildung, Forschung und Wissenschaft. Danach wurden im Jahr 2000 in Deutschland 180,5 Mrd. Euro für Bildung, Forschung und Wissenschaft ausgegeben. Dies waren – wie im Vorjahr – 8,9% des Bruttoinlandsprodukts. Gegenüber 1999 stiegen die Ausgaben um 2,0%.

Der größte Teil des Budgets entfiel mit 114,3 Mrd. Euro (1999: 113,3 Mrd. Euro) auf die Ausgaben für Schulen, Hochschulen und andere Bildungseinrichtungen. Schüler, Studenten und Auszubildende wurden mit 11,6 Mrd. Euro (1999: 11,3 Mrd. Euro) gefördert. 50,3 Mrd. Euro (1999: 48,2 Mrd. Euro) wurden für For-

schung und Entwicklung aufgewendet.

Für eine detaillierte Betrachtung der Finanzierung dieser Ausgaben stellt das Statistische Bundesamt derzeit nur die Angaben für das Jahr 1999 zur Verfügung. 1999 finanzierten die Länder 40,0% des Budgets für Bildung, Forschung und Wissenschaft, der Bund 12,8% und die Gemeinden 10,7%. Private Haushalte, Unternehmen und Organisationen ohne Erwerbszweck sowie das Ausland brachten 36,5% der Mittel auf.

Während die Bildungsausgaben 1999 zu 74,4% (92,7 Mrd. Euro) aus den öffentlichen Haushalten finanziert wurden, wurden die Ausgaben für Forschung und Entwicklung zu 65,6 % (31,6 Mrd. Euro) von den Privaten getragen.

Über die aufgewendeten Mittel für Forschung und Entwicklung in den Jahren 1995 – 1999 geben die Tabellen 1 und 2 genauere Informationen. Die Verteilung der Mittel auf die verschiedenen Hochschularten und die Fächergruppen in den Hochschulen ist in Tabelle 4 und 5 für die Jahre 1997-1999 dargestellt. Tabelle 3 zeigt die Ausgaben der öffentlichen und öffentlich geförderten Einrichtungen für Wissenschaft, Forschung und Entwicklung.

Zusätzliche Infos und detaillierte Daten können im Internet unter www.destatis.de/basis/d/biwiku/ausgueb.htm abgerufen werden.

Quelle: Pressemitteilung 22. 2. 02 DESTATIS
Statistisches Bundesamt

Tabelle 1: Ausgaben für Forschung und Entwicklung nach Sektoren in Mill. EUR

Berichtsjahr	Staat u. private Institutionen ohne Erwerbszweck	Hochschulen	Wirtschaft	Insgesamt
1995	6.266	7.378	27.014	40.658
1996	6.305	7.653	27.405	41.363
1997	6.273	7.677	28.910	42.859
1998	6.547	7.768	30.334	44.650
1999	6.631	7.937	33.623	48.191

Quelle: Bundesministerium für Bildung und Forschung, SV-Wissenschaftsstatistik GmbH, Statistisches Bundesamt 2. 1. 02

Tabelle 2: Personal für Forschung und Entwicklung (Vollzeitäquivalent)¹

Berichtsjahr	Staat u. private Institutionen ohne Erwerbszweck	Hochschulen	Wirtschaft	Insgesamt
1995	75.148	100.674	283.316	459.138
1996	74.725	102.160	276.794	453.679
1997	73.495	100.646	290.235	460.411
1998	73.369	100.080	288.090	461.539
1999	72.251	101.471	306.693	480.415

¹ Ein Vollzeitäquivalent (VZÄ) ist eine Maßeinheit, die einem Vollzeitbeschäftigten entspricht, der seine gesamte Arbeitszeit auf Forschung und Entwicklung verwendet. Bei der Berechnung der VZÄ wird z.B. ein Vollzeitbeschäftigter, der die Hälfte seiner Arbeitszeit auf FuE verwendet, oder ein Halbtagsbeschäftigter, der die gesamte Arbeitszeit für FuE verwendet, als 0,5 VZÄ gewertet.

Quelle: Bundesministerium für Bildung und Forschung, SV-Wissenschaftsstatistik GmbH, Statistisches Bundesamt 10. 10. 2001

Tabelle 3: Ausgaben der öffentlich geförderten Einrichtungen für Wissenschaft, Forschung und Entwicklung in Mill. EUR

	1997	1998	1999
Bundesforschungsanstalten	1.534	1.586	1.560
Landes- und kommunale Forschungsanstalten (ohne Blaue Liste) ¹	509	513	526
Helmholtz-Zentren ²	2.097	2.207	2.241
Institute der Max-Planck-Gesellschaft	885	956	991
Institute der Fraunhofer-Gesellschaft	656	672	712
Einrichtungen der Leibniz-Gesellschaft (Blaue Liste)	854	876	919
Akademien (lt. Akademieprogramm)	75	74	76
Sonstige öffentlich geförderte Organisationen ohne Erwerbszweck	1.022	1.092	1.017
Öffentlich geförderte Bibliotheken, Archive, Fachinformationszentren (gesamt), Wissenschaftliche Museen (ohne blaue Liste) ¹	715	722	718
Einrichtungen insgesamt	8.348	8.698	8.759
darunter: Institute an Hochschulen ³	402	440	436

¹ Bei den Einrichtungen der Blauen Liste handelt es sich um selbständige Forschungseinrichtungen und Einrichtungen mit Servicefunktion für die Forschung, die von überregionaler Bedeutung und gesamtstaatlichem wissenschaftlichen Interesse sind, und deshalb neben den Helmholtz-Zentren, der Max-Planck-Gesellschaft und der Fraunhofer-Gesellschaft nach der Rahmenvereinbarung zwischen Bund und Ländern über die gemeinsame Förderung gefördert werden.

² Die 16 Großforschungseinrichtungen haben sich zur Hermann von Helmholtz-Gemeinschaft zusammengeschlossen.

³ Institute an Hochschulen sind rechtlich selbständige Einrichtungen, die mit Hochschulen verbunden sind und deren rechtliche Gestaltungsmöglichkeiten durch die jeweiligen Landesgesetze über die Hochschulen geregelt werden.

Quelle: Statistisches Bundesamt 21. 12. 01

Tabelle 4: Ausgaben der Hochschulen nach Hochschularten in Mill. EUR

	1997	1998	1999
Universitäten (ohne medizinische Einrichtungen)	10.310	10.501	10.683
Medizinische Einrichtungen der Universitäten	11.538	11.588	12.002
Gesamthochschulen (ohne medizinische Einrichtungen)	714	716	731
Medizinische Einrichtungen der Gesamthochschulen	316	332	343
Pädagogische Hochschulen	75	76	77
Theologische Hochschulen	27	27	27
Kunsthochschulen	402	416	429
Fachhochschulen	2.439	2.491	2.553
Verwaltungsfachhochschulen	215	217	238
Hochschulen insgesamt	26.035	26.364	27.083

Quelle: Statistisches Bundesamt 2. 01. 02

Tabelle 5: Ausgaben der Hochschulen nach Fächergruppen in Mill. EUR

	1997	1998	1999
Mathematik, Naturwissenschaften	2.959	3.142	3.188
Humanmedizin ¹	11.854	11.921	12.345
Veterinärmedizin	140	141	147
Agrar-, Forst- und Ernährungswissenschaften	418	431	431
Ingenieurwissenschaften	2.600	2.621	2.670
Sprach- und Kulturwissenschaften	1.293	1.321	1.362
Rechts-, Wirtschafts- und Sozialwissenschaften	1.357	1.410	1.497
Kunst, Kunstwissenschaften	448	461	471
Sport	123	120	124
Zentrale Einrichtungen ²	4.842	4.798	4.847
Insgesamt	26.035	26.364	27.083

¹ Einschl. zentrale Einrichtungen der Kliniken der Universitäten und Gesamthochschulen

² Ohne zentrale Einrichtungen der Kliniken der Universitäten und Gesamthochschulen

Quelle: Statistisches Bundesamt 21. 12. 01

WWW.DHGP.DE – RELAUNCH

Neue Struktur – Mehr Informationen – Mehr Service · Jörg Wadzack



Die Internetseite www.dhgp.de ist das wichtigste Informationsportal des Deutschen Humangenomprojektes. Die konsequent zweisprachigen Seiten (Deutsch/ Englisch) werden täglich von durchschnittlich 100 Nutzern besucht, die im Mittel jeweils zehn Seiten aufrufen (Statistik vom Februar 2002).

Erfreulich ist auch die breite (internationale) Streuung der Nutzer, die uns zeigt, dass das Deutsche Humangenomprojekt weltweit Beachtung findet. Unter den Hauptdomänen (z. B. .de) finden sich neben nahezu allen europäischen Ländern auch Japan, Singapur und Thailand. Unter den .de Adressen finden sich alle auf dem Gebiet der Lebenswissenschaften maßgeblich aktiven universitären und außeruniversitären Forschungseinrichtungen, was zeigt, dass auch deutsche Wissenschaftler und Studierende auf die Informationen des Deutschen Humangenomprojektes zugreifen.

Nicht zuletzt war die Intention zur Einrichtung einer eigener Internetpräsentation des Deutschen Humangenomprojektes 1997 die Idee Wissenschaftlern wichtige Informationen über das Projekt anzubieten.

Mit dem wachsenden öffentlichen Interesse des internationalen Humangenomprojektes wurden die Seiten auch zunehmend von interessierten Laien besucht. Die am häufigsten abgefragten Inhalte sind zum einen Informationen über die laufenden Forschungsprojekte, die Job-Angebote und den Newsletter GenomXPress und auf der anderen Seite die allgemeinen Informationen zum Deutschen Humangenomprojekt, die allgemeinverständliche Broschüre ‚Das Humangenomprojekt‘ sowie die Ethik-Seiten.

Durch ständige Aktualisierungen und Erweiterungen der Internetpräsentation war der Gesamtumfang im letzten Jahr auf über 1.200 Einzelseiten angewachsen. Vor allem der hohe

Aktualisierungsaufwand und die nicht optimale Navigation durch die große Zahl der Seiten zwang uns im letzten Jahr intensiv über eine Neustrukturierung nachzudenken.

Seit einigen Tagen nun sind die neuen Seiten des DHGP online. Mit der Umstrukturierung wurde auch das Layout komplett überarbeitet, dass das Ihnen seit Ende 1998 vertraute Outfit abgelöst hat. Wir hoffen aber, dass Sie das neue farborientierte Layout bei der Navigation unterstützt und Sie schnell mit der neuen Struktur vertraut werden.

Problematisch für die Programmierung und Gestaltung des neuen Internetauftritts war die Tatsache, dass viele unserer Nutzer vor allem aus der Forschung mit Unix-Plattformen, Macintosh-Systemen und nach wie vor mit Netscape als Hauptbrowser arbeiten. D.h., die Seiten konnten nicht auf Microsoft Explorer, der mittlerweile von etwa 80 % der Nutzer eingesetzt wird, optimiert werden. Das führt dazu, dass nicht alle darstellerischen Features auf jeder Plattform zu sehen sind. Für diesen Kompromiss, den wir eingehen mussten, bitten wir um Verständnis.

Wie ist die neue Seite www.dhgp.de nun strukturiert?

Die Inhalte der Webseiten sind in acht Rubriken mit folgenden Informationen unterteilt:

Die Rubrik Intro gibt einen allgemeinen Überblick über das Deutsche Humangenomprojekt sowie seine Technologien und Methoden. Hier gibt es einen direkten Zugriff auf den Newsletter GenomXPress und die Broschüre ‚Das Humangenomprojekt‘.

Research/Forschung bietet einen Einblick über die geförderten Projekte des DHGP und hält Informationen zu aktuellen Konferenzen des DHGP bereit.

In Media/ Medien finden Sie alle Publikationen des DHGP. Von Pressemeldungen seit 1996 über den wissenschaftlichen Progressreport bis hin zum Newsletter GenomXPress und unsere Informationsbroschüren. Im Laufe des Jahres solle hier auch ausgewählte Bilder des zum DHGP sowie eine Sammlung von Materialien für den Unterricht online abrufbar sein.

Die Rubrik Ethics/Ethik gibt einen Überblick zu ethischen und rechtlichen Fragen, die in engem Zusammenhang mit dem Humangenomprojekt stehen.

Die Contact/Kontakt-Seite zeigt alle wichtigen Funktionsträger im DHGP auf einen Blick.

Jobs zeigt aktuelle Stellenangebote in der akademischen und industriellen Genomforschung.

Info ist unser Kramladen. Hier finden Sie unser Archiv, eine Linkssammlung interessanter Internetseiten, FAQ, ein Lexikon der Genomforschung sowie ein Verzeichnis der genetischen Beratungsstelle in Deutschland.

Die Rubrik Calendar/ Termine wurde reaktiviert und gibt einen Überblick über die wichtigsten nationalen und internationalen Veranstaltungen.

Was ist nun neu auf dem Seiten www.dhgp.de?

Alle Informationsinhalte, die Sie auf den alten Seiten gefunden haben, blieben erhalten, wurden jedoch zum Teil überarbeitet, aktualisiert und umstrukturiert.

Stark ausgebaut wurde der Bereich der allgemeinen Informationen zum Humangenomprojekt. Als Reflexion auf die vielen Anfragen haben wir einen Methodenteil (Intro) eingefügt, der die wichtigsten Methoden und Technologien des Humangenomprojektes, wie z.B. das Sequenzieren und das Kartieren, leicht ver-

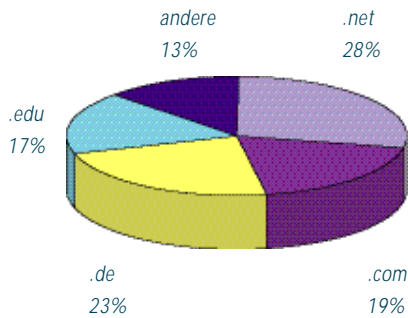


Abb. 1: Prozentuale Aufteilung der Nutzer nach Hauptdomänen

ständig beschreiben. Zusätzlich gibt es neu ein Lexikon der Genomforschung (Info) und eine Rubrik FAQ (Info).

Auf vielfachen Wunsch wurde der Meeting-Kalender, der auf den alten Seiten seit Ende 2000 nicht mehr gepflegt wurde, reaktiviert und neu gestaltet. Um den Pflegeaufwand für die Geschäftsstelle zu minimieren, gibt es ab sofort die Möglichkeit für jeden Nutzer selbstständig eine neue Veranstaltung/ einen neuen Termin einzutragen. Wir hoffen, dass dieses Angebot intensiv genutzt wird und möglichst viele attraktive Termine eingetragen werden.

Auch die Jobbörse bietet jetzt die Möglichkeit selbstständig ein neues Stellenangebot einzutragen. Damit erreichen wir, dass kontinuierlich neue Stellenangebote auf die DHGP-Homepage kommen und hoffen, dass wir mit diesem Service Ihren Wünschen entgegenkommen. Bisher waren die online Stellenanzeigen identisch mit den im GenomXPress abgedruckten, was dazu führte, dass nur alle 3 Monate neue Stellenangebote verfügbar waren.

Wichtiges nach außen nicht direkt sichtbares Feature der neuen Seiten ist die Intelligenz, die wir in die Struktur und den Aufbau der Seiten

gesteckt haben. Viele Seiten sind jetzt dynamisch. D.h. die Seiten werden über Abfrageroutinen immer aktuell aufgebaut. Dies betrifft die Informationen zu den Forschungsprojekten im DHGP, die Jobbörse und den Kalender. Diese Herangehensweise ermöglicht es schnell und unkompliziert neue Daten auf die Homepage zu stellen, ohne dafür jedes Mal die Struktur und das Layout von mindestens zwei Seiten (Zweisprachigkeit) ändern zu müssen.

Wir können unsere Seiten für Sie damit schneller als bisher mit neuen Informationen aktualisieren. Wir hoffen, dass Sie die neue Struktur und das neue Layout ansprechen und Sie auch zukünftig regelmäßig die Seiten des Deutschen Humangenomprojektes besuchen. Natürlich sind Internetseiten nie vollkommen fertig, d. h. wir werden auch weiterhin unser Informationsangebot kontinuierlich ausbauen. Hierzu benötigen wir von Ihnen Informationen, welche Inhalte Sie gerne noch auf unserer Seite finden würden.

Wir würden uns daher über Ihre Meinung und Ihre Anregungen sehr freuen.

dhgp-info@dhgp.de

Plant GEMs Berlin 2002 Plant Genomics European Meetings

29 September - 2 October 2002 in Berlin
www.plant-gems.org

The first Plant GEMs is being organised by the three national plant genomic programs GARNET (U.K.), Génoplante (France), and GABI (Germany), and is supported by the European Union and the German Federal Ministry for Education and Research (BMBF).

SCIENCE DIGEST

Wichtiges Brustkrebs-Gen entdeckt

Das Gen ATM spielt eine wichtige Rolle bei der Entstehung von Brustkrebs, bietet jedoch möglicherweise auch neue Therapieansätze. Bei bis zu 20 Prozent aller Patientinnen mit einer Häufung von Brustkrebs in der Familie ist das ATM-Gen verändert, und mehr als die Hälfte der Frauen, bei denen dieses Gen mutiert ist, entwickelt vor dem 70. Lebensjahr einen Brustkrebs. Dies fand eine internationale Arbeitsgruppe um Dr. Georgia Chenevix-Trench vom Royal Brisbane Hospital, Sydney, Australien, an der auch Forscher der Medizinischen Hochschule Hannover beteiligt sind, heraus. Die Forschungsergebnisse wurden im Februar im «Journal of the National Cancer Institute» veröffentlicht.

Brustkrebs tritt in manchen Familien häufiger auf als in anderen. Die Vermutung lag nahe, dass veränderte Gene die Ursache sind. Seit einigen Jahren kennen Wissenschaftler die Gene BRCA1 und BRCA2, die in mutierter Form Brustkrebs auslösen können. Allerdings ließen sich damit nicht alle familiären Häufungen des Tumors erklären.

Das nun als weitere Krebsursache identifizierte Gen ATM ist den Forschern nicht unbekannt: Wenn es intakt ist, repariert das ATM-Genprodukt Chromosomenbrüche, die auch durch Strahlung ausgelöst werden können. Liegen Mutationen auf beiden Kopien des ATM-Gens vor - eine Kopie stammt von der Mutter, eine Kopie vom Vater -, entsteht ein Strahlensensibilitäts-Syndrom, die so genannte Ataxia telangiectatica. Die Erkenntnis der internationalen Arbeitsgruppe: Ist nur eine Kopie des ATM-Gens betroffen, haben die Trägerinnen eine Veranlagung zu Brustkrebs; in den untersuchten Familien besteht im Vergleich zur Durchschnitts-Bevölkerung ein rund 15-fach höheres Risiko.

Ein möglicher Ansatz für künftige Therapien: Körperzellen mit einem mutierten ATM-Gen können - anders als bei der intakten Form - Strahlenschäden nicht reparieren, der Tumor lässt sich also durch Röntgenstrahlen besser

angreifen. Die Wissenschaftler erhoffen sich deshalb eine hohe Erfolgsrate durch eine Strahlentherapie. Die Ergebnisse haben hierzulande eine besondere Bedeutung, weil etwa jede 150. Frau in Deutschland Trägerin des veränderten ATM-Gens ist.

Quelle: idw 11.02.02

Forscher lokalisieren Gen für manische Depression

Etwa ein Prozent aller Menschen erkranken im Laufe ihres Lebens an dieser «bipolaren affektiven Störung» - und das in allen bislang untersuchten Kulturkreisen. Die Ursachen sind noch unbekannt; dementsprechend schwierig gestaltet sich die Behandlung. Viele Betroffene nehmen sich im Laufe der Erkrankung das Leben.

Inzwischen ist bekannt, dass genetische Faktoren zur Krankheit beitragen. Träger der entsprechenden Erbanlagen, haben Zwillingsstudien ergeben, erkranken mit einer Wahrscheinlichkeit von 70 bis 80 Prozent. «Wir haben daher vor zwölf Jahren damit begonnen, nach den beteiligten Genen zu suchen», erklärt der Bonner Humangenetiker Professor Dr. Peter Propping. Gemeinsam mit Wissenschaftlern aus der Klinik für Psychiatrie und dem Institut für Biometrie sowie anderen Nervenkliniken haben sie insgesamt 75 Familien mit 445 Personen untersucht - 275 von ihnen waren manisch-depressiv.

Propping und seine Mitarbeiter haben nun bei Geschwistern, die unter der manisch-depressiven Krankheit leiden, untersucht, an welchen Stellen sich auf ihren Chromosomen die Erbinformationen besonders stark ähneln. Dazu haben sie 400 kurze Genom-Abschnitte unter die Lupe genommen. Resultat: Einige dieser Abschnitte sind bei den kranken Geschwistern besonders häufig identisch - in ihrer Nähe könnte sich ein Gen befinden, das zum Ausbruch der Krankheit beiträgt.

Zwei Abschnitte - einer auf dem langen Arm von Chromosom 8, der zweite auf Chromosom 10 - scheinen dabei besonders heiße Anwärter zu sein. Beide bestehen aber noch aus vielen Millionen «Buchstaben» und sind daher viel zu

groß, als dass man sie direkt sequenzieren und die Sequenz von Kranken und Gesunden miteinander vergleichen könnte. «Als nächsten Schritt planen wir daher, uns mit anderen Methoden noch weiter an das mögliche Gen heranzutasten», erklärt Propping. Die Ergebnisse wurden kürzlich in der Zeitschrift «Human Molecular Genetics» veröffentlicht.

Quelle: idw 16.01.02

Genetiker teilen gewonnene Ergebnisse nur ungern

Mehr als die Hälfte US-amerikanischer Genetiker geben an, dass sie veröffentlichte Forschungsergebnisse nicht reproduzieren könnten, da Ihnen die dazu erforderlichen Daten oder Materialien vorenthalten würden. So ein Ergebnis der Umfrage des Massachusetts General Hospital in Boston, in der 1240 Genetiker der 100 Universitäten befragt wurden, die den größten Teil der Fördermittel des National Institute of Health erhielten.

Damit droht die ehrenvolle Tradition der Wissenschaft, Informationen untereinander auszutauschen, um Ergebnisse reproduzieren und überprüfen zu können, in Vergessenheit zu geraten. Die Ergebnisse der Umfrage, die in der Januar 23/30 Ausgabe des Journal of the American Medical Association erschien, zeigen, dass beinahe die Hälfte der Forscher (47%), die Kollegen nach Informationen oder Materialien bereits veröffentlichter Arbeiten fragten, mindestens eine Ablehnung erhalten hätten. Dies hatte beträchtliche Auswirkungen auf ihre Arbeit. 28% geben an, sie wären dadurch gezwungen gewesen, eine Zusammenarbeit zu beenden und 21% konnten ein Projekt nicht mehr weiter verfolgen. Die Anfragen, die gemäß der Studie die höchste Wahrscheinlichkeit hätten, zurückgewiesen zu werden, seien Bitten um biologisches Material, wie etwa genetisch veränderte Viren oder Mäuse (35%). In der Häufigkeit von Ablehnungen gefolgt werden solche Anfragen, von Bitten nach Sequenzinformationen (28%), Ergebnissen (25%), Phänotypen (22%) und zuletzt Labortechniken (16%).

Dabei wirkt sich das Zurückhalten von Informationen und Material aus veröffentlichten Arbeiten negativ auf das Fortschreiten der Forschung im allgemeinen aus. Dies gaben beinahe 3/4 der befragten Genetiker (73%) an. Und von diesen waren 58% ebenfalls in ihrer eigenen Arbeit betroffen.

Nur wenige Forscher gaben allerdings zu, einer derartigen Bitte von Kollegen nicht zu entsprechen (12%). Als Hauptgrund dafür gaben die Forscher an, dass der Arbeitsaufwand zu hoch sei, den Anfragen zu genügen (90%). Mehr als die Hälfte (64%) schätzen, dass ein freizügiger Informationsaustausch nachteilig für die eigenen Mitarbeiter, wie Doktoranden oder Postdocs sein könnte, und dass die eigenen Möglichkeiten, die Ergebnisse für weitere Veröffentlichungen zu nutzen, gefährdet sein könnte. Und für immer noch beinahe die Hälfte der Wissenschaftler (45%), sind die Transportkosten, z.B. für biologisches Material, zu hoch.

Doch ist die Praxis, selbst gewonnene Ergebnisse anderen nicht zur Verfügung stellen zu wollen, doch kein so neues Phänomen. Denn 51% der Befragten sind der Ansicht, diesbezüglich in den letzten 10 Jahren keine Veränderung bemerkt zu haben.

Science (Vol. 295 25. Januar 2002 S.599)

Grüne Biotechnologie in China

China entwickelt sich zum größten Agrar-Biotechnologie-Unternehmen außerhalb der USA. Dies geht aus einem Gutachten hervor, das in Zusammenarbeit mit der Chinese Academy of Sciences und der Chinese Academy of Agricultural Sciences erstellt und nun veröffentlicht wurde (auch: www.sciencemag.org/cgi/content/full/295/5555/674/DC1).

Während in den Industrienationen aufgrund von Widerständen gegen genetisch veränderte Produkte und steigender Kosten, neue Produkte bis zur Marktfähigkeit zu entwickeln, die Investitionen privater Firmen abnehmen, beschleunigt China die Steigerungen seiner Investitionen in die grüne Biotechnologie jährlich. 1999 betragen die staatlichen Fördermittel 112 Millionen Dollar. Damit fiel die Hälfte des Investitionsvolumens der grünen Biotechnologie innerhalb der industriellen Entwicklungsländer auf China. Im Vergleich liegen die beiden anderen großen Biotechnologie-Programme der sich industriell entwickelnden Welt, in Brasilien und Indien, weit zurück. So fördern die brasilianische und indische Regierung die Gentechnologie mit jährlich etwa 12% der in China erbrach-

ten Summen. Jedoch betragen die chinesischen Fördermittel nur ein 20tel des Volumens der industrialisierten Welt. Dem ungeachtet haben die chinesischen Forscher eine beeindruckende Anzahl transgener Linien entwickelt. So hatte die chinesische Behörde für gentechnische Sicherheit in den Jahren 1996 bis 2000 gentechnisch veränderte Organismen (GMO) in 251 von 353 Fällen für Freilandversuche oder zur Kommerzialisierung zugelassen. Und Bauern in China haben intensiv damit begonnen, GMOs auf ihren Ländern anzubauen.

Prominentestes Beispiel für kommerzielle Erfolge der chinesischen Förderprogramme ist Baumwolle, die mit einem Gen des Bakterium *Bacillus thuringiensis* (Bt) ausgestattet wurde. Dieses Gen verleiht den Baumwollpflanzen Resistenz gegen Insektenbefall, so daß 49,9 kg Pestizide pro Hektar/Jahr eingespart werden können. Diese Ersparnis reduziert die Produktionskosten von 1 kg Baumwolle um 28%, ein lohnendes Geschäft, so dass bereits auf 20% der chinesischen Baumwollfelder die transgene Bt-Baumwolle angebaut wird. Gemäß des Gutachtens beträgt die Ersparnis seit Zulassung der Bt-Linie im Jahre 1999, somit bereits 334 Millionen Dollar. Damit hätten sich die gesamten Ausgaben der staatlichen Förderungen der grünen Biotechnologie in China bereits amortisiert.

Science (Vol.295, 25 Januar 2002, S. 674-676)

Stabiles Silencing der Expression von Mäusegenen durch RNA-Interferenz

Das «Abschalten» von Genen durch doppelsträngige RNA ist ein natürlicher Mechanismus, der über weite evolutionäre Distanzen hinweg, bei Tieren, Pflanzen und Pilzen zu finden ist. Bei *Drosophila*, *Caenorhabditis* und *Arabidopsis* dient dieser Mechanismus dazu, gezielt die Translation spezifischer Gene zu unterdrücken und damit die Synthese der entsprechenden Genprodukte zu verhindern. Dabei sind an diesem Prozess neben doppelsträngiger RNA (dsRNA) auch eine Maschinerie verschiedenster Enzyme beteiligt, die die Spezifität der Reaktion garantieren.

Im vorherrschenden Modell beginnt diese Reaktion mit der Überführung von dsRNA in kurze RNA-Moleküle. Diese werden dann in einen mehrkomponentigen Enzymkomplex eingefügt. Dort dient ihre Sequenz dann als Erkennungssignal, mit dessen Hilfe die am Enzymkomplex beteiligten Nucleasen die homologen

Sequenzen der messenger-RNA der auszuschaltenden Gene bestimmen und zerstören können.

Dieser, auch für das experimentelle Ausschalten spezifischer Gene nützliche Mechanismus, wird insbesondere bei *Caenorhabditis* häufig eingesetzt, um die Funktionen bestimmter Gene zu erforschen. Doch leider scheint die Natur Grenzen für die Anwendung dieses Mechanismus bei Säugern gesetzt zu haben. Denn diese haben effiziente Systeme zur Abwehr dsRNA entwickelt, insbesondere zur Abwehr von Virus-Infektionen.

Im vergangenen Jahr gelang es jedoch unter Verwendung sehr kurzer dsRNA, dieses Abwehr-System zu umgehen, doch blieben die derart ausgeschalteten Gene nicht lange stumm. Nun gelang es Forschern des Cold Spring Harbor Laboratory jedoch erstmals, die Translation spezifischer Gene in Mäusezellen längerfristig zu blockieren. Nach einmaliger Injektion einer geringen Dosis relativ langer dsRNA (500nt) in Embryonalzellen, erfolgte das Silencing nach bereits neun Stunden und blieb für die folgenden drei Tage stabil.

Dieser Erfolg eröffnet grundsätzlich die Möglichkeit, zukünftig auf einfache Weise Säuger mit einzeln stabil ausgeschalteten Genen zu erzeugen und dadurch die Funktion spezifischer Gene auch im Säuger gezielt untersuchen zu können.

(PNAS, Vol 99, S. 1443, Januar 02)

Biologische Uhr der Säuger wird durch posttranslationale Mechanismen reguliert

Zirkadiane Rythmen werden bei allen Organismen durch eine genetisch determinierte biologische Uhr aufrecht erhalten. In Säugern wird diese Uhr durch ein zweigeteiltes System gebildet. Im Hypothalamus befindet sich die Hauptuhr, die mit dem 24 Stunden-Tag durch den vom Auge wahrgenommenen täglichen Licht-Dunkel-Rythmus synchronisiert wird. Hierarchisch übergeordnet gibt es eine zweite Einheit, die Veränderungen im 24-Stunden Rhythmus erkennt und die biologische Uhr auf diese einstellt. Bei Säugern sind die Schlüsselkomponenten dieses Uhrwerks die Transkriptionsfaktoren CLOCK und BMAL1, die die Gene, welche die biologische Uhr determinieren, rytmisch exprimieren. Auf molekularer Ebene wird dieser Rhythmus durch positive und negative Rückkopplungen der Genexpression erreicht. Die Produkte dieser Uhrwerk-Gene, PER und CRY, bilden einen Enzymkomplex der

in den Zellkern transportiert wird. Dort wechselwirken die CRY-Proteine mit den beiden Transkriptionsfaktoren und inhibieren als negative Regulatoren ihre eigene Expression. Zusätzlich wirken die PER-Proteine stimulierend auf die Expression des Transkriptionsfaktors BMAL1 als positive Regulatoren, so daß Transkriptionsfaktoren und Gene dieses Uhrwerks rhythmisch alternierend aktiviert werden. Bislang haben Studien an *Drosophila* annehmen lassen, daß die Inhibierung der Per- und Cry-Gene durch die Auflösung des CLOCK:BMAL1 Heterodimers erfolgt. Nun haben Biologen der Universität Manchester die zeitliche Dynamik der Uhrwerksgene an Mäusen untersucht. Dabei wurde deutlich, dass für das Funktionieren der biologischen Uhr die alternierenden Expressionsmuster der Gene nicht ausreichend sind, sondern eine posttranslationale Aktivierung der Uhrwerksenzyme erforderlich ist. Weiter zeigte sich, dass die Transkriptionsfaktoren während der Inhibition gebunden bleiben. Dieser Befund widerspricht der herkömmlichen Theorie, dass für die negative Regulation der Uhren-Gene eine Ablösung des Transkriptionsfaktors von der DNA notwendig sei. Eine neue Hypothese nimmt nun an, dass die Uhrwerk-Proteine phosphoryliert werden. Dadurch können sie mit den Transkriptionsfaktoren assoziieren und ihre Expression hemmen. Gleichzeitig wird so verhindert, dass neu synthetisierte Transkriptionsfaktoren an freien Promotoren binden können.

Neben dieser neuen Hypothese zeigt sich durch diese Studie deutlich, dass für eine präzise Steuerung biologischer Prozesse, wie beispielsweise die Synchronisation der biologischen Uhr auf den sich ändernden Tag-Nacht-Rhythmus, eine komplexe Choreographie von Expressionsmustern, Proteininteraktionen und posttranslationaler Regulation notwendig ist, die weit über die Dynamik verschiedener RNA-Level hinaus geht.

Cell, Vol. 107, 855-867, Dez. 2001

Mikrosatelliten bevorzugen nicht-repetitive DNA in Pflanzen

Mikrosatelliten sind Wiederholungen einfacher DNA-Sequenzen, die in den Genomen aller Eukaryoten weit verbreitet sind und in vielen Anwendungen als wertvolle molekulare Marker dienen. Durch die Sequenzierungsprojekte wurde es möglich, die Verbreitung und Verteilung dieser DNA-Elemente in den Genomen zu untersuchen. Diese Forschungen

beschränkten sich bislang jedoch überwiegend auf Mikroorganismen und Tiere, während Pflanzen weitgehend unberücksichtigt blieben. Ein gemeinsames Forschungsprojekt aus Großbritannien und den USA hat dies nun für Pflanzen nachgeholt. Mit, wie die Zeitschrift *nature genetics* in ihrer Februarausgabe (Vol. 30, S. 194-199) berichtete, unerwarteten Ergebnissen.

Die bisherigen Analysen ließen annehmen, daß Mikrosatelliten ihren Ursprung in repetitiven DNA-Sequenzen haben. Dabei stellt man sich vor, daß die DNA-Polymerase bei Folgen gleicher Nukleotide «verrutschen» kann und als Folge einzelne Nukleotide zuviel oder zuwenig einbaut. Insofern wäre zu erwarten, daß Mikrosatelliten in repetitiven Genomabschnitten häufiger vorkommen, als in sogenannten Einzelkopie-Abschnitten.

Um die Verteilung und Häufigkeit von Mikrosatelliten in Pflanzen zu analysieren, untersuchten die Forschungsgruppen verschiedene monokotyle und dikotyle Arten, die in ihrer Größe 50fach variierten. Da die Größe eines Genoms innerhalb einer taxonomischen Abteilung überwiegend vom Anteil repetitiver Sequenzen abhängt, läßt sich durch diesen Vergleich ermitteln, wie Mikrosatelliten in repetitiven und Einzelkopieabschnitten verteilt sind. Dabei stellten die Forscher fest, daß die Häufigkeit von Mikrosatelliten innerhalb der untersuchten Arten im umgekehrten Verhältnis zur Genomgröße steht. Somit wurde für die untersuchten Arten wiederlegt, daß eine Verbindung zwischen Mikrosatelliten und repetitiven Elementen besteht. Zusätzlich konnte gezeigt werden, daß Mikrosatelliten bevorzugt in Einzelkopiebereichen vorkommen.

Um einen detaillierteren Eindruck von der Verteilung dieser Elemente in den verschiedenen funktionalen Abschnitten des Genoms zu gewinnen, wurden translatierte und transkribierte Bereiche untersucht. Wie aufgrund des hohen Selektionsdruckes auch zu erwarten war, sind Mikrosatelliten in proteincodierenden Sequenzen im Vergleich zu anderen funktionalen Abschnitten signifikant unterrepräsentiert. Interessant ist ihre Verteilung jedoch in den untranslatierten Regionen (UTR) von Genen. In 3'-UTRs sind sie nämlich häufiger als im ganzen Genom zusammen und auch 5'-UTRs hatten noch eine beinahe dreifach größere Häufigkeit, als jeder andere Genombereich.

Zuletzt wurde die Häufigkeit von Mikrosatelliten in Pflanzen mit der in Tieren und Pilzen verglichen. Hier zeigte es sich, daß Mikrosatelliten

in Pflanzen durchaus häufiger sind, als bislang angenommen. So haben sie am menschlichen Chromosom 22 mit 1,07% zwar einen höheren Anteil als am Genom von *Arabidopsis* (0,85%) und dem sehr große Maisgenom (0,37%). Hier sind sie aber häufiger als beispielsweise in Pilzen (*S. cerevisiae* 0,3%) und Wirbellosen (*C.elegans* 0,21%).

Quelle: Nature Genetics Vol. 30, S. 194-199

DNA kann erstmals auf die Base genau erkannt werden

Der Aufbau eines DNA-Stranges kann über eine Strommessung an Mikroelektroden bestimmt werden. Neben den Mikroelektroden werden Goldnanopartikel und eine fotografische Entwicklerlösung benötigt, um Verbindungen zwischen den beiden Elektroden herzustellen. Das berichten Wissenschaftler der Northwestern University of Evanston und der University of Minnesota in der Fachzeitschrift *Science*.

Bislang muss ein DNA-Abschnitt zunächst millionenfach kopiert werden. Dies geschieht mit der Polymerasekettenreaktion. Erst danach können einzelne Abschnitte gelesen werden. 10 bis 100.000 Mal empfindlicher ist dagegen eine Methode, die So-Jung Park und seine Kollegen von der Northwestern University of Evanston entwickelt haben. Gleichzeitig steht das Ergebnis nach einigen Minuten fest und dauert nicht mehr Tage.

Grundlage der Methode ist ein DNA-„Köderstrang“ auf einer Glasplatte, der an ein Paar Elektroden angeschlossen wird. Taucht man diese Platte in eine Lösung, die das passende DNA-Gegenstück - das zu untersuchende Zielmolekül - enthält, so heftet sich dieses an den Köderstrang. Weil am Ende des DNA-Zielmoleküls zudem ein Goldnanopartikel verankert ist, kann über dieses Metallteilchen eine Brücke zwischen den beiden Elektroden gebildet werden. Dazu bedarf es allerdings zusätzlich einer Art Fotoentwicklerlösung, die dafür sorgt, dass sich Silber auf dem Goldteilchen abscheidet. Eine Silberbrücke, sprich eine Stromverbindung wächst heran.

Dieser Vorgang genügt im Prinzip, um die Basenabfolge einer DNA abzulesen: Der Aufbau der Köderstränge ist bekannt. Bindet einer von ihnen an unbekannte DNA, so muss dieser das exakte Gegenstück zum Köderstrang sein, um sich daran anzuhängen. Der Aufbau der DNA leitet sich folglich aus dem Köderstrang ab.

Doch oft funktioniert die Paarbildung zwischen

zwei Strängen nicht optimal: Auch ähnliche, aber nicht perfekt passende Gegenstücke binden. Daher konnte bisher die DNA nicht auf die Base genau abgelesen werden. Dieses Problem konnten die Wissenschaftler beheben, indem sie die nicht optimal passenden Bindungen in einer Salzlösung aufzubrechen vermochten. Daher ist es nun möglich jede einzelne Base der DNA zu erkennen. «Und weil das Messsystem auf gängigen Mikroelektroden beruht, belaufen sich die Kosten einer Messung auf einen Bruchteil der Ausgaben der konventionellen Methode», wirbt der Institutsdirektor Chad Mirkin.

Quelle: *BdW 22.02.2002 (Online)*

Kopplungsgruppen in Arabidopsis nicht größer als 1cM

Von einer anderen Art genomischer Marker berichtet nature genetics in der gleichen Ausgabe (Vol. 30, S. 190 – 193). In diesem Artikel wurden die Ergebnisse einer internationalen Kollaboration amerikanischer, schwedischer und deutscher Wissenschaftler vorgestellt, die den Umfang von Kopplungsgruppen in Arabidopsis analysiert hatte. Als Kopplungsgruppen werden eng benachbarte Gene bezeichnet, die aufgrund ihrer räumlichen Nähe nicht durch Rekombinationen getrennt und daher gemeinsam vererbt werden. Da solche Kopplungsgruppen auch als Werkzeuge für die Feinkartierung von Genen einsetzbar sind, ist das Interesse an ihnen, insbesondere in der Humangenetik, mit dem ständigen Anwachsen verfügbarer genomischer Polymorphismen gestiegen. Für die Kartierung von Genen ist das räumliche Ausmaß solcher Kopplungsgruppen von großer Bedeutung, da hier von die Auflösung der chromosomalen Karte abhängig ist. Und die Auflösung legt fest, wie fein ein Genort kartiert werden kann. Da Arabidopsis als Selbstbestäuber relativ umfangreiche Kopplungsgruppen besitzen sollte, könnte eine auf ihnen aufbauende genetische Karte auch für die Genomanalyse höherer Pflanzen interessant sein.

Um den Umfang der Kopplung auf genomischer Ebene zu analysieren, wurden in 20 verschiedenen Ökotypen 13 kurze Elemente eines 250 kb langen Bereichs (dies entspricht bei Arabidopsis etwa 1 cM) um den Genort FRI sequenziert. Dabei zeigte sich, daß die Kopplung zu diesem Genort bereits innerhalb der 250 kb stark abnimmt. Die Kopplung ist zwar deutlich umfangreicher als beispielweise in Drosophila,

wo sie typischerweise nur etwa 1 kb beträgt, aber nicht umfangreich genug, um bei den gängigen Ökotypen als ausschließlicher Kartierungsmarker zu dienen. Eine Lösung, Kopplungen dennoch als Kartierungsmarker zu nutzen, könnten isolierte Populationen bieten, die von nur wenigen Individuen gegründet wurden. Durch das homologe Genom würden sich die Kopplungen ausdehnen, ohne die Zahl von Polymorphismen zu reduzieren. Und tatsächlich erstreckten sich Kopplungen in untersuchten lokalen Populationen bereits auf 50 – 100 cM. So könnte es möglich sein, durch die Auswahl geeigneter lokaler Populationen, sozusagen in die jeweiligen Genorte „hinein zu zoomen“ und die, über Sequenzpolymorphismen hinausgehende genomische Strukturvielfalt der Ökotypen, als Hilfsmittel zur Genkartierung verwenden zu können.

Quelle: *Nature Genetics Vol. 30, S. 190 – 193*

Neue Funde stützen «introns-early» Theorie

Über den Ursprung von Introns wird seit Jahren kontrovers diskutiert. Noch immer ist es ungeklärt, warum Prokaryoten in ihrem Genom keine Introns besitzen, bis auf wenige Ausnahmen jedoch alle Eukaryoten. Nun haben Forscher der Universität von Salt Lake City neue Belege für die «introns-early» Theorie gefunden. Diese Theorie nimmt an, daß Introns in den Urgenomen bereits vorhanden waren, aufgrund eines Selektionsdruckes jedoch aus prokaryotischen Genen verschwanden. Eine alternative Theorie favorisiert jedoch ein spätes Erscheinen von Introns und vermutet, daß Introns erst nach der Trennung von Pro- und Eukaryoten durch Insertion erworben wurden. In der vorgestellten Arbeit untersuchten die Wissenschaftler die DNA-Sequenz des in Mollusken, Insekten und Chordaten vorkommenden g-Glutamyl-Carboxylase Genes an der Meeresschnecke Conus, Drosophila und dem Menschen. Obwohl es in diesen Organismen verschiedene Funktionen erfüllt, wird aufgrund der hohen Sequenzähnlichkeit angenommen, daß es für alle drei Stämme einen gemeinsamen Vorfahren gibt. Auf diesen über 540 Millionen Jahre alten Ahnen weist auch die bemerkenswert übereinstimmende Organisation des Gens in den drei Tierstämmen hin.

Obwohl die jeweiligen Gene in ihrer Länge variieren, sind die Exon/Intron-Grenzen außerordentlich präzise konserviert. Die Autoren nehmen sogar an, daß es sich hier um die vermut-

lich am besten erhaltenen Intronpositionen bekannter homologer Gene verschiedener Tierstämme handelt. Die Zahl und die Länge der Introns sind jedoch in den untersuchten Arten nicht konserviert. So enthält das menschliche Gen 14 Introns, im homologen Gen von Conus befinden sich zehn und bei Drosophila sind es nur zwei Introns. Die Forscher vermuten, daß die bei Drosophila fehlenden Introns im ursprünglichen Gen noch vorhanden waren, jedoch nach der Trennung von Mollusken und Arthropoden durch den ständigen Evolutionsdruck verloren gingen. Dieser Druck wirkte auf die Mitglieder der verschiedenen Stämme unterschiedlich. In Conus hat die Zahl der Introns zwar geringfügig abgenommen, sie sind aber verhältnismäßig lang geblieben. Im Gegensatz dazu sind im menschlichen Gen die meisten Introns konserviert, ihre Länge ist jedoch signifikant reduziert (im Gegensatz zu Conus 5-14 fach). Und in der g-Carboxylase von Drosophila sind schließlich nur noch zwei Introns übrig geblieben, die zudem am kürzesten sind.

Dies läßt vermuten, daß während der Evolution auf jedes g-Carboxylase-Gen ein ganz unterschiedlicher Reduktionsdruck gewirkt hat, der in Conus, dem Menschen und Drosophila zu den deutlichen Unterschieden in der Intronzahl und –größe führte. Vor diesem Hintergrund ist es weniger spekulativ, daß dieser Reduktionsdruck bei Eu- und Archaeobakterien, mit ihren kurzen Generationszeiten, zu einem vollständigen Verlust von Introns führen konnte.

PNAS (Feb. 5, Vol. 99, S. 1264-1269)

Genetische Marker für Herzinfarkt identifiziert

Ein internationales Team, angeführt von Wissenschaftlern am Universitätsklinikum Regensburg, hat eine Region im menschlichen Genom identifiziert, welche die Entstehung des Herzinfarktes begünstigt. Die bisher aufwendigste Studie dieser Art erschien im Februarheft der Zeitschrift «Nature Genetics».

Für die Entstehung des Herzinfarktes werden im Wesentlichen die kardiovaskulären Risikofaktoren Diabetes mellitus, Rauchen, hoher Blutdruck und hoher Cholesterinspiegel verantwortlich gemacht. Darüber hinaus ist die individuelle Bereitschaft eines Patienten dafür entscheidend, ob sich eine koronare Herzerkrankung oder ein Herzinfarkt entwickeln. Diese individuelle Bereitschaft wird durch erbliche Faktoren bestimmt. Die Wissenschaftler identifizierten nun in Familien mit gehäuften Herzin-

farkten genetische Marker auf Chromosom 14, die zur Entstehung des Herzinfarktes beitragen. Die vor 6 Jahren in Regensburg initiierte Studie stützt sich auf Informationen aus 513 Familien aus ganz Deutschland. Mindestens zwei Familienangehörige hatten einen Herzinfarkt oder schwere Komplikationen der koronaren Herzerkrankung vor dem 59. Lebensjahr. Insgesamt wurde bei 1.406 Personen das gesamte Genom mit einem feinen Raster von genetischen Markern analysiert.

Der Leiter der Arbeitsgruppe, Prof. Dr. Heribert Schunkert, an der Universität Regensburg berichtet, dass sich in der betroffenen Region ca. 150 Gene befinden. Aktuell streben Forschungsgruppen in Deutschland und den USA eine genaue Identifizierung desjenigen Gens an, welches für die Entstehung des Herzinfarktes mit verantwortlich ist. Die genaue Identifikation dieser Veränderung steht jedoch noch aus. Das Verständnis dieses Gens soll es zukünftig u. a. ermöglichen, eine individuelle Therapie zur Prävention der koronaren Herzerkrankung zu entwickeln.

Quelle: idw 31.01.02

Dritter menschlicher Erbgutträger entziffert: Chromosom 20

«Kapitel drei im Buch der Gene» – so überschreibt das britische Fachjournal «Nature» seinen Kommentar zur Entzifferung des Chromosoms 20. Der Erbgutträger enthält unter anderem Gene, die bei Altersdiabetes, Übergewicht und Grauem Star eine Rolle spielen. Craig Venter, Gründer der US-Firma Celera Genomics und das internationale Forscher-Konsortium des Human Genome Project hatten ihre jeweilige Arbeitsversion der Gen-Karte vom Menschen zwar bereits im Februar in Fachjournalen vorgestellt. Doch diese hatte noch Ungenauigkeiten und Lücken. Chromosom 20 ist der dritte Erbgutträger, der nun nahezu vollständig vorliegt. Das Chromosom 22 hatten Forscher 1999, Chromosom 21 im Mai 2000 präsentiert. «Damit sind die Forscher bei diesem Band des Erbguts von der Arbeitsversion zur Abschlussqualität gekommen», fasste Helmut Blöcker, einer der vier Koordinatoren des deutschen Human Genome Project, die Arbeit zusammen. Das gesamte menschliche Genom soll im Jahr 2003, zum 50. Jahrestag der Entdeckung der Doppelhelixstruktur des Erbmaterials DNA vorliegen, sagte Blöcker. Er leitet die Abteilung Genomanalyse bei der Gesellschaft für Biotechnologische Forschung in Braunschweig.

Der Mensch besitzt insgesamt 23 Chromosomenpaare.

Das relativ kleine Chromosom 20 enthält zwei Prozent des menschlichen Genoms. Schon vor Jahren hatten Forscher Gene darauf entdeckt, die bei der herkömmlichen Variante der Creutzfeldt-Jakob-Krankheit eine Rolle spielen. Die Forscher um Panos Deloukas vom Wellcome Trust Sanger Center im britischen Hinxton bei Cambridge haben nun 99,5 Prozent des genetisch aktivem Erbguts auf Chromosom 20 entziffert. Der Rest - vier größere Lücken - enthält eine lange Reihenfolge vor allem der DNA-Bausteine Cytosin und Guanin, die mit der derzeitigen Technik sehr schwierig zu entschlüsseln ist.

Quelle: dpa 20.12.2001

Kanada und Deutschland vereinbaren Zusammenarbeit bei Forschung und Ausbildung auf dem Gebiet der Humangenetik

Vertreter führender kanadischer und deutscher Forschungsinstitute unterzeichneten eine Vereinbarung zur Zusammenarbeit bei Forschung und Ausbildung auf allen Gebieten genetischer Erkrankungen des Menschen. Die Vereinbarung wurde in Berlin von Vertretern der Canadian Institutes of Health Research (CIHR), Institute of Genetics, des Canadian Genetic Diseases Network (CGDN) und des Max-Planck-Instituts für molekulare Genetik (MPIMG) unterzeichnet. Die Beteiligten hoffen, mit Hilfe dieser Vereinbarung zu einer schnelleren Entdeckung krankheitsauslösender Gene und damit zum Wohle der gesamten Menschheit beitragen zu können. Die Unterzeichnung dieser Vereinbarung bildete den Abschluss des Deutschlandbesuches des kanadischen Premierministers Jean Chrétien und seiner Delegation.

Das auf fünf Jahre angelegte Programm zur Zusammenarbeit zwischen kanadischen und deutschen Wissenschaftlern trägt den Titel «Aufklärung genetischer Erkrankungen des Menschen mittels gentechnischer Methoden». «In diesem einzigartigen Unternehmen werden Wissenschaftler zweier Nationen zusammengebracht, die weltweit führend beim Einsatz der Gentechnik zur Aufklärung der Komplexität genetischer Erkrankungen sind», sagte Dr. Steve Scherer, Vorsitzender des Priority and Planning Committee for International Collaborations in Human Genetics des CIHR Institute of Genetics. Zu den geplanten Aktivitäten zählen

gemeinsame Forschungsprojekte, wissenschaftliche Meetings, der Austausch von Wissenschaftlern zwischen Kanada und Deutschland sowie die Unterstützung angehender Wissenschaftler bei ihrer Ausbildung.

«Diese Vereinbarung wird uns bei der Erforschung monogener Erkrankungen sowie komplexer Erkrankungen, die bei nahezu 90% aller gesundheitlichen Probleme und Sterbefälle eine Rolle spielen, voranbringen», sagte Dr. Ron Woznow, CEO des Canadian Genetic Diseases Network. Dieses Ziel soll durch die gemeinsame Entwicklung und Anwendung neuer Technologien und gentechnischer Methoden, den Aufbau von Patientendatenbanken und die Erforschung von monogenen Erkrankungen sowie Mausmodellen menschlicher Erkrankungen erreicht werden.

Für das Verständnis komplexerer Strukturen genetischer Erkrankungen ist es zunächst erforderlich, sich schwerpunktmäßig mit monogenen Erkrankungen zu befassen. «Die umfassende Erforschung monogener Erkrankungen ist ein wichtiges Handwerkszeug für die Erforschung der Funktion des menschlichen Genoms», sagte Dr. Hans-Hilger Ropers, Direktor des Berliner Max-Planck-Instituts für molekulare Genetik. «Neben den zu erwartenden positiven Auswirkungen auf das Gesundheitswesen wird uns diese Kooperation neue Einblicke in die molekularen Lebensprozesse beschern.» Im Rahmen der Zusammenarbeit soll auch dem wachsenden internationalen Bedarf an Wissenschaftlern, die sich sowohl auf dem Gebiet der Genetik als auch der Genomik auskennen, Rechnung getragen werden. Einer der Schwerpunkte wird auf der Gewinnung und Ausbildung klinischer Wissenschaftler sowie von Wissenschaftlern, die an den Schnittstellen zu Informatik, Chemie, Mathematik, Physik, Bioinformatik und den Sozialwissenschaften arbeiten können, liegen.

Quelle: idw 19.02.02

Biotech-Start-ups gehen Entzündungen auf den Grund

Das Verbundprojekt entzündungsspezifischer DNA- und Protein-BioChips (Microarrays) der beiden Biotech-Start-ups SCIENION AG, Berlin, und Conaris Research Institute GmbH, Kiel, überzeugte die Juroren der fünften Auswahlrunde des vom BMBF geförderten BioChance-Programms und erhält rund 2,5 Mio Euro. Insgesamt waren in dieser Runde 49 Vorschläge eingereicht worden, aus denen ein hochkarätiges Gremium unabhängiger Fachgutach-

ter insgesamt acht Biotechnologie-Projekte auswählte und finanziell unterstützt.

Ziel des Verbundprojektes, bei dem hochleistungsfähige Plattformtechnologie und gut erfasste klinisch aussagefähige Patientendaten zusammengeführt werden, ist die Entwicklung von diagnostischen und therapeutischen Produkten im Entzündungsbereich. Im Ergebnis wird ein wichtiger Beitrag zur Entzündungsforschung, z.B. auch für Asthma, Allergien, Multiple Sklerose, rheumatoide Arthritis oder Immunerkrankungen, stehen. Mit dem anvisierten Forschungsprojekt bewegen sich die beiden Biotech-Start-ups an der vordersten Front der Medikamentenentwicklung für Entzündungserkrankungen.

Chronisch entzündliche Erkrankungen sind durch ihre Häufigkeit, die hohe Beeinträchtigung von Lebensqualität und Leistungsfähigkeit der Betroffenen sowie ihre Wechselwirkung mit anderen Erkrankungen ein therapeutisch hochrangiges Ziel. «In dem geförderten Verbundprojekt sollen», so Conaris-Geschäftsführer Prof. Stefan Schreiber, «bereits durch unser Institut bei Patienten mit entzündlichen Darmerkrankungen erzielte und validierte Untersuchungsergebnisse weiter in Richtung Proteomics, funktionaler Assays und Therapeutika Screening ausgebaut werden.» Dabei werden aus den Datensätzen identifizierter Gene entzündungsspezifische, diagnostische DNA-Chips hergestellt und im folgenden die relevanten Proteine analysiert. Diese bilden die Grundlage für das Herstellen entsprechender Antikörper sowie Protein-BioChips, mit denen Protein-Protein-Interaktionen und Protein-Wirkstoff-Wechselwirkungen erforscht werden können – wichtig letztlich für die pharmakologische Medikamentensuche und Behandlung von Entzündungen.

«Derzeit gibt es weltweit noch kein angewandtes Verfahren – nicht in der medizinischen Diagnostik, nicht in der Therapie von Erkrankungen –, mit welchem die komplexen Prozesse von chronisch entzündlichen Erkrankungen auf molekularer Ebene identifiziert, charakterisiert und überwacht werden können», betont Dr. Holger Eickhoff, CEO von SCIENION, die wissenschaftliche und auch wirtschaftliche Relevanz des Vorhabens. Der Einsatz von DNA- oder Protein-Microarrays stelle gegenwärtig die einzige Methode dar, mit der diese Anforderungen in generellem Ansatz zu erreichen seien.

Quelle: *Scienion*, 06.03.02

Top Ten der Zeitschrift «Science»

Die Zeitschrift «Science» hat die zehn wichtigsten Forschungsergebnisse des vergangenen Jahres gekürt. Als größten Durchbruch stuften die Herausgeber und Autoren der Zeitschrift die Fortschritte auf dem Weg zu Nano-Computern ein. Auf den weiteren Plätzen landeten neue Erkenntnisse über die RNA, Neutrinos, das menschliche Genom, Supraleiter, Nervensignale, Krebsmedikamente, das Bose-Einstein-Kondensat und die globale Klimaerwärmung. Als «Breakdown of the Year» sieht «Science» die Finanzierungsprobleme der Internationalen Raumstation und das «wissenschaftliche Vakuum» in der Regierung von US-Präsident George Bush.

Angeführt wird die Hitliste der wissenschaftlichen Spitzenleistungen von Computerschaltungen in Molekülgröße. Im Januar stellten US-Wissenschaftler Nano-Drähte für den Informationsaustausch vor, die millionenfach feiner sind als ein menschliches Haar. Elektronen wandern durch den Kontaktdraht fast ohne Widerstand. Im November gelang es drei Forschergruppen aus den USA und den Niederlanden, aus Milliardstel Meter kleinen Strukturen logische Schaltkreise herzustellen. Ihre Ergebnisse ebnen den Weg zu winzigen, aber äußerst schnellen und starken Nano-Computern, die Gespräche in Sekunden übersetzen oder im Körper von Menschen nach Erkrankungen fahnden. Einmal zusammengebaut, können die Nano-Elemente «Rechnerleistungen erreichen, die über Jahrzehnte hinweg weitere Durchbrüche in der Forschung garantieren», sagen die Herausgeber von «Science».

Als weitere Meilensteine in der Forschung führt das Magazin neun wissenschaftliche Hits ohne Rangfolge auf:

Das unbekannte Genom: Der Wettlauf um die Entschlüsselung des menschlichen Genoms endete Anfang des Jahres mit der gleichzeitigen Veröffentlichung zweier Arbeitsergebnisse in «Science» und «Nature». Die US-Firma Celera Genomics und das internationale Forscherkonsortium des Humangenomprojekts kamen unabhängig voneinander zu dem Schluss, dass die Erbinformation des Menschen aus rund 35.000 Genen besteht. Ein für viele überraschendes Ergebnis, da ursprünglich mit bis zu 100.000 Genen gerechnet wurde. Demnach hat der Mensch nur etwa doppelt so viele Gene wie die Fruchtfliege. Die Forscher konnten inzwischen das Erbgut von 60 weiteren Organismen entschlüsseln.

Gezielte Medikamente gegen Krebs: Biochemische Defekte im menschlichen Körper sind die Ursache für manche Krebsarten. 2001 wurden in Kliniken erstmals neue Medikamente eingesetzt, die auf solche Schäden zielen. Gleevec wurde in den USA als neues Medikament zur Therapie bisher unheilbarer Krebsarten zugelassen. Es schaltet ein Enzym aus, das Krebszellen ernährt. Wissenschaftler beschäftigten sich in diesem Jahr zunehmend mit Enzymen, die das Wachstum von Krebszellen beeinflussen. Weltweit laufen Dutzende von klinischen Tests.

Durchbruch bei der RNA: Wissenschaftler entdeckten im Jahr 2001, dass es möglich ist, über kleine RNA-Schnipsel Gene gezielt abzuschalten. Überraschend stellten sie fest, dass die Boten-RNA auch als Enzym wirksam sein kann. Vermisste Neutrinos: Wissenschaftler lösten dieses Jahr das Geheimnis der fehlenden Neutrinos. Die Zahl der von der Sonne auf die Erde treffenden Partikel erscheint nur deshalb so gering, weil sie sich auf dem Weg zu unserem Planeten in schwer nachweisbare Tau- und Myonen-Neutrinos umwandeln. Dies zeigten Forscher am kanadischen Sudbury Neutrino Observatory.

Überraschendes Kondensat: Für die Erzeugung eines neuen Aggregatzustandes der Materie, des so genannten Bose-Einstein-Kondensat (BEC), erhielten der deutsche Physiker Wolfgang Ketterle und die US-Forscher Eric A. Cornell und Carl E. Wieman den Nobelpreis 2001 in Physik. Die Forschungen konzentrierten sich dieses Jahr auf den Bau eines Atomlasers auf BEC-Basis und auf ultrapräzise Messungen. Problematisch bei der Erzeugung eines Bose-Einstein-Kondensats sind die sehr tiefen Temperaturen. Wissenschaftler konnten dieses Jahr nicht nur mit Rubidium, sondern erstmals auch mit Helium und Lithium ein BEC erfolgreich herstellen. Ein weiteres Forscherteam untersuchte Wirbelphänomene des Kondensats. Cornell und Wieman setzten ein BEC einem Magnetfeld aus, bis es in einer kleinen Supernova, einer so genannten Bose-Nova explodierte.

Supraleiter-Rekord: Japanische Forscher entdeckten einen neuen Supraleiter - Magnesium-Diborid. In der kostengünstigen Metallverbindung fließt elektrischer Strom bei minus 234 Grad ohne Widerstand. Kugelförmige Kohlenstoffgitter oder Fullerene, die so genannten Bucky Balls werden bereits bei minus 156 Grad Celsius supraleitend, statt bisher bei 221 Grad Celsius. Den neuen Rekordwert erzielten dieses Jahr Wissenschaftler aus Deutschland und den

USA.

Wichtige Nervensignale: Wissenschaftler erforschten in diesem Jahr, wie sich die Nerven im Embryo entwickeln. Die Forschungsergebnisse könnten bei der Reparatur von ausgewachsenen Nervenzellen helfen. Weitere Untersuchungen zeigten, wie Nervensignale miteinander interagieren und wie Axone mit sich widersprechenden Signalen umgehen.

Immer wärmer: An der globalen Erwärmung der letzten 50 Jahre ist die wachsende Konzentration an Treibhausgasen in der Atmosphäre schuld. Dies zeigten im Jahr 2001 immer bessere Daten und Modellrechnungen. Sie bestätigten den menschlichen Einfluss auf das unnatürlich warme 20. Jahrhundert. Wie viel Treibhausgase unser Planet verkraften kann, ist noch ungeklärt. US-Präsident George Bush nahm dies als Vorwand, das Kyoto-Protokoll abzulehnen.

Debatte um Kohlenstoffsinken: Die USA produzieren am meisten Treibhausgase. Über die Anrechnung von Wäldern und landwirtschaftlichen Nutzflächen in den USA als Kohlenstoffsinken haben sich Wissenschaftler nach erbitterten Diskussionen geeinigt. Das Resultat: Die Senken nehmen rund ein Drittel der derzeitigen Treibhausgas-Emissionen der USA auf, dieser Prozess wird sich in den nächsten Jahrzehnten aber verringern, glauben Wissenschaftler.

Nach dem 11. September hat sich für Wissenschaft und Forschung vieles geändert, warnen die «Science»-Herausgeber: Forscher und Ingenieure müssen mit schrumpfenden Budgets klarkommen. Einschränkungen beim Informationsaustausch und bei der internationalen Zusammenarbeit sowie Änderungen bei Forschungsschwerpunkten sind an der Tagesordnung.

Quelle: *BdW 22.12.2001 (Online)*

Deutsche Forscher in der Proteomik vorne mit dabei

Auch wenn in Deutschland die Entschlüsselung des menschlichen Genoms fast verschlafen wurde - bei der so genannten Post-Genomforschung sind deutsche Wissenschaftler vorn mit dabei. Ein deutsch-amerikanisches Forscherteam hat nun die erste Karte des Proteoms der Hefe vorgelegt. Darin zeigen die Forscher um Giulio Superti-Furga von der Universität Heidelberg und Mike Tyers von der University of Toronto, Kanada, die Wechselwirkungen der Proteine im Einzeller auf. Die Studie, die einen wesentlichen Schritt in der Erforschung von genetisch bedingten Krankheiten bedeu-

tet, erscheint in *Nature* (Vol.615, S.141).

Die Wissenschaftler arbeiteten für diese Proteomik-Karte mit dem Proteom der Bäckerhefe. Die Proteomik ist das Studium der Proteine und ihrer Funktionen und als Proteom bezeichnet man die Gesamtheit der exprimierten Proteine einer Zelle und ihre Wechselwirkungen.

Zur Überraschung der Molekularbiologen erwiesen sich die Proteine als sehr interaktiv. So zeigten sich viele Proteine erst in Verbindungen mit anderen als funktionstüchtig. Fast alle der beobachteten Proteinkomplexe waren von bisher unbekannter Funktion und auch viele der beobachteten Interaktionen zwischen den Proteinen waren bislang nicht bekannt. Zudem stellten die Wissenschaftler fest, dass die wirksamen Verbindungen der Proteine keinen statischen Zustand darstellen: Die Wechselwirkungen zwischen den Proteinen sind dynamisch und ändern sich ja nach Umgebung. Die Forscher glauben, dass diese Veränderungen in der Zusammensetzung und Bildung der Proteinkomplexe der Schlüssel sind, um den Ausbruch und Verlauf einer Krankheit zu verstehen.

Die Wissenschaftler vermuten, dass die in der Hefe identifizierten Proteinkomplexe auch im Menschen zu finden sind. Ist dem so, könnte das Wissen über die Wirksamkeit der Proteine zu medizinischen Zwecken eingesetzt werden. Die noch nicht vollständige Protein-Interaktions-Karte kann im Internet unter yeast.cellzome.com eingesehen werden.

Quelle: *BdW 10.01.2002 (Online)*

6000 Gene und Eiweißstoffe

Das Erbgut der Bäckerhefe (*Saccharomyces cerevisiae*) wurde 1996 entziffert. Es war die erste vollständige DNA-Sequenz eines Eukaryoten – ein Organismus, dessen Erbinformationen in einem Zellkern gebündelt vorliegen. Auf seinen 16 Chromosomen besitzt der Einzeller rund 6000 Gene – und mindestens so viele Proteine -, von denen ein Drittel in ähnlicher Form auch beim Menschen vorkommen. Daher gilt die Bäckerhefe als wichtiges Modellsystem für die Analyse von Vorgängen im menschlichen Organismus. Jetzt wurde erstmals eine Karte entwickelt, die Wechselwirkungen zwischen Hefeproteinen im Überblick darstellt. Die 38 beteiligten Forscher bestimmten 1440 verschiedene Eiweißmoleküle der Hefe und identifizierten 232 Multi-Protein-Komplexe mit jeweils unterschiedlichen Funktionen. «Die Studie belegt, dass es mit den vorhandenen Methoden möglich ist, biologische Aktivitäten

abzubilden», unterstreicht Professor Friedrich Lottspeich die Bedeutung für die industrielle Anwendung.

Quelle: *Die Welt 10.01.2002 (Wissenschaft)*

BMBF fördert Systembiologie mit 100 Millionen Mark

Im Rahmen des Programms «Biotechnologie – Chancen nutzen und gestalten», das die Bundesregierung im Jahr 2001 aufgelegt hat, ist ein neuer Förderschwerpunkt zur Systembiologie entwickelt worden. Das BMBF wird die Systembiologie in den nächsten fünf Jahren mit insgesamt 100 Millionen Mark fördern. «Wir wollen gezielt eine bestehende Lücke in der Biotechnologieforschung schließen und das relativ junge Gebiet der Systembiologie in Deutschland dauerhaft etablieren», erklärte Bundesforschungsministerin Edelgard Bulmahn. In dem neuen Förderschwerpunkt sollen durch interdisziplinäre Forschung aus Biologie, Chemie, Ingenieurwissenschaften, Informatik und Mathematik realitätsnahe Modelle von physiologischen Vorgängen in Zellen, Zellverbänden und ganzen Organismen entwickelt werden, um ein ganzheitliches Verständnis der Lebensprozesse zu erlangen. Forschungsanträge können ab März 2002 gestellt werden. Antragsberechtigt sind Hochschulen, außeruniversitäre Forschungseinrichtungen und Unternehmen der gewerblichen Wirtschaft mit Sitz in Deutschland.

Weitere Informationen zum Förderschwerpunkt «Systeme des Lebens – Systembiologie» erteilt:

Projekträger Jülich
des BMBF und BMWi (PTJ)
Geschäftsbereich Biologie
Forschungszentrum Jülich GmbH
D-52425 Jülich
Tel.: (0 24 61) 61 27 16
Fax: (0 24 61) 61 26 90
beo31.beo@fz-juelich.de
www.fz-juelich.de/ptj/beo_home.html

Richtlinien zum Förderschwerpunkt «Systeme des Lebens – Systembiologie» im Förderprogramm der Bundesregierung «Rahmenprogramm Biotechnologie - Chancen nutzen und gestalten»:

www.bmbf.de/677_3807.html

JOBBÖRSE



Das Max-Planck-Institut für Molekulare Genetik in Berlin sucht

1BTA / CTA (BAT VB)

in der Protein-Technologie Gruppe der Abteilung Lehrach. Die Gruppe arbeitet unter der Leitung von Dr. Dolores Cahill an Hochdurchsatz-Proteintechnologien, wie der Herstellung von Proteinarray's und Proteinchips, der Expression von c-DNA Banken und der Proteom-Analyse (www.mpimg-berlin-dahlem.mpg.de/~proteingroup/). Die ausgeschriebene Position wird durch das Projekt «Pflanzen-Proteomics – Herstellung von Protein-Expressionsbanken und Proteinchips aus Arabidopsis und Gerste» finanziert. Die Hauptziele des Projektes sind die Entwicklung von Subklonierungsmethoden im Hochdurchsatz, die Erstellung von Arabidopsis- und Gerste-cDNA Banken. Die rekombinanten Gene werden in *E. coli* exprimiert. Unter Verwendung der gereinigten Proteine sollen Protein-Chips hergestellt werden, die u.a. der Untersuchung von Gen-Protein- sowie Protein-Ligand-Wechselwirkungen dienen sollen.

Der Bewerber (die Bewerberin) sollte einen Abschluß als BTA oder CTA haben. Erfahrungen auf dem Gebiet der Molekularbiologie und Interesse an Hochdurchsatztechnologien wären Voraussetzung für die Einstellung.

Die Position kann für die Dauer von 1 Jahr besetzt werden. Für weitere Informationen wenden Sie sich bitte an:

Dr. Birgit Kersten
Tel. 030 8413 1350
kersten@molgen.mpg.de

Bewerbungen (inklusive Lebenslauf mit Ausbildungsweg und bisherigen Forschungserfahrungen) bitte an folgende Adresse senden:

Dr. Birgit Kersten
**Max-Planck-Institut
für Molekulare Genetik**

Innstraße 73
D-14195 Berlin.
Berlin, den 8.3.2002



2 DOKTORARBEITEN

Im Rahmen eines GABI-geförderten Weizenprojektes sind zum 1. Juli 2002 zwei Stellen als Wissenschaftliche/r Angestellte/r für 4 Jahre zu besetzen. Die Bezahlung erfolgt nach BAT IIa/ halbe. Projekt-Titel: AB-QTL-Analyse in Weizen: Die Lokalisation von brauchbaren Genen für Qualität und Ertragskomponenten aus Wildweizen und ihre Überführung in den Elite-Genpool des Kulturweizens mit Hilfe von DNA-Markern.

Arbeitsplan: 1 Jahr Genotypisierung von spaltenden Weizenpopulationen mit Mikrosatelliten-Markern.
2 Jahre Feldversuchsbetreuung zur Erhebung von Phänotyp-Daten in spaltenden Gerstenpopulationen.
1 Jahr statistische Auswertung der Genotyp- und Phänotyp-Daten zur Lokalisation von Genregionen, die quantitative Merkmale beeinflussen.

Qualifikationen bzw. Techniken, die im Laufe des Projektes erworben werden: Diplom in Agrarwissenschaften oder Biologie.

Kenntnisse/Erfahrungen mit DNA-Marker-Techniken, u.a. Automat. Sequenzierer (Li-Cor).
Genetische/pflanzenzüchterische Fachkenntnisse (Mikrosatelliten und SNP-Analyse, Kopplungsanalyse, Feldversuchsbetreuung, QTL-Analyse, statistische Grundkenntnisse).

Bereitschaft zur Mitarbeit in einem jungen Forscherteam, bestehend aus: Projektleiter, 2 Doktoranden und 2 Technischen Assistenten.
Bewerbungen bitte bis zum 15. Mai 2002 an folgende Adresse senden:

PD Dr. Klaus Pillen
**Institut für Pflanzenbau
Universität Bonn**
Katzenburgweg 5
53115 Bonn
K.PILLEN@uni-bonn.de
[//www.uni-bonn.de/ipf/](http://www.uni-bonn.de/ipf/)



POSTDOCTORAL POSITION

(Bat IIa – 53.000 EUR per year) available immediately for at least 3 years at the University of Giessen, Germany, to work as a group leader (a) in a genomic project on cereal resistance to Fusarium diseases and (b) in a cereal transformation project focussing on disease resistance genes. Ph.D. in molecular biology, genetics, plant pathology, or related field with experience in cDNA library, EST, DNA microarray, plant transformation preferred. Send curriculum vitae and the names and contact information of three referees to:

Prof. KH Kogel
**University of Giessen
Interdisciplinary Research
Centre of Environmental Sciences**
D-35392 Giessen · Heinrich-Buff-Ring 26
Karl-Heinz.Kogel@agr.uni-giessen.de

German Cancer Research Center
Heidelberg

POST-DOCTORAL POSITION

available in a group working on the mechanism and regulation of mammalian gene expression. Areas of research include:

- molecular mechanism of transcription initiation and termination,
 - signal transduction pathways in gene regulation,
 - phosphorylation of transcription factors,
 - influence of chromatin structure on transcription,
 - mechanisms of transcriptional control during defined phases of the cell cycle,
 - effect of oncogenes and tumor suppressors on transcription.
- Further information under www.dkfz-heidelberg.de/polymerasel/main.page.htm.
Preferences will be given to applicants with a strong background in molecular biology and/or cell biology. Applicants are encouraged to send their curriculum vitae, list of publications and the names

and telephone numbers of two referees from whom letters of reference can be obtained to:

Prof. Dr. Ingrid Grummt
Div. Molecular Biology of the Cell II
**German Cancer Research
Center (DKFZ)**
Im Neuenheimer Feld 280
D-69120 Heidelberg, Germany
Tel.: +49-6221-423423
Fax: +49-6221-423404
i.grummt@dkfz.de

PHD-STUDENT POSITION

at the German Research Centre for Biotechnology, Germany

We have an immediate opening for a Graduate (PhD) Student to work in an interdisciplinary project funded by the Federal Ministry of Research and Education (BMBF) on the synthetic mimicry of conformationally defined protein binding sites.

Candidates should have a degree in chemistry, biochemistry, or biology, along with a strong motivation to work in an interdisciplinary environment. Experimental background in one or more of the following areas would be beneficial: peptide synthesis, solid-phase synthesis, synthetic peptide combinatorial libraries, binding assays, parallel screening. Interested candidates, please send your resume and CV to:

Dr. Jutta Eichler
**German Research Centre
for Biotechnology**
Mascheroder Weg 1
38124 Braunschweig
Germany
jei@gbf.de



Wir sind ein nationales Forschungszentrum mit ca. 1.500 Mitarbeitern und beschäftigen uns in zahlreichen Instituten interdisziplinär mit der Erarbeitung wissenschaftlicher Grundlagen zum Schutz des Menschen und seiner Umwelt. Als eine von der Bundesrepublik Deutschland und dem Freistaat Bayern getragene Forschungseinrichtung ist die GSF Mitglied der Hermann von Helmholtz-

Gemeinschaft Deutscher Forschungszentren.

Das Institut für Bioinformatik sucht zum nächstmöglichen Zeitpunkt

zwei
(BIO-)INFORMATIKER/INNEN
(# 39/2002, 265/2001)

Für ein europaweites Projekt zur Integration pflanzlicher Genomdaten ist eine Stelle zu besetzen. In internationaler Zusammenarbeit entwickeln und betreuen wir eine verteilte Pflanzengenomdatenbank und führen bioinformatische Analysen aus.

Sie sind (Bio-)Informatiker/in mit Erfahrung in der Entwicklung und Integration von Datenbanken und/oder Softwareentwicklung. Neben fundierten Datenbank- und Programmierkenntnissen sind insbesondere CORBA Kenntnisse von Vorteil. Erfahrungen in Sequenz- und Genomanalyse sind eine zusätzliche Qualifikation. Das Arbeitsverhältnis ist bis zum 30.06.2005 befristet.

Für die zweite Stelle suchen wir eine/n (Bio-)Informatiker/in mit Erfahrung in Strukturbiologie und guten Programmierkenntnissen. Das Projekt beinhaltet computergestützte Analyse von Proteinstrukturen in pflanzlichen Genomen und Identifizierung potenzieller Zielproteine für experimentelle Strukturbestimmung. Das Arbeitsverhältnis ist bis zum 31.12.2003 befristet.

Sie sind kreativ und begeisterungsfähig und haben Spaß an wissenschaftlicher Arbeit in einem internationalen und interdisziplinären Team.

Die GSF strebt generell die Erhöhung des Frauenanteils an und fordert deshalb qualifizierte Interessentinnen auf, sich zu bewerben. Die Vergütung erfolgt nach BAT. Schwerbehinderte werden bei gleicher Eignung bevorzugt. Kinderbetreuungsmöglichkeiten sind gegeben.

Ihre schriftliche Bewerbung mit den üblichen Unterlagen und Rückfragen richten Sie bitte innerhalb von zwei Wochen an Herrn Dr. Klaus Mayer
Telefon: 089/3187-3584
Kmayer@gsf.de

**Institut für Bioinformatik
GSF-Forschungszentrum für
Umwelt und Gesundheit GmbH**
Postfach 1129, 85758 Neuherberg.

Weitere Informationen über das GSF-Forschungszentrum erhalten Sie über Internet <http://www.gsf.de>
Wir sind eine anerkannte
Zivildienststelle

Wir sind ein nationales Forschungszentrum mit ca. 1.500 Mitarbeitern und beschäftigen uns in zahlreichen Instituten interdisziplinär mit der Erarbeitung wissenschaftlicher Grundlagen zum Schutz des Menschen und seiner Umwelt. Als eine von der Bundesrepublik Deutschland und dem Freistaat Bayern getragene Forschungseinrichtung ist die GSF Mitglied der Hermann von Helmholtz-Gemeinschaft Deutscher Forschungszentren.

Wir suchen eine/n
**BIOINFORMATIKER/IN
INFORMATIKER/IN
BIOLOGEN/IN**
(# 271/2001)

für die Entwicklung einer Datenbank-Infrastruktur für eine funktionelle Annotation von cDNA Bibliotheken und Entwicklung eines Netzwerkmodells molekularer Interaktionen.

Voraussetzung sind ein abgeschlossenes Hochschulstudium, Erfahrung in der Erstellung von Genexpressionsprofilen und der Analyse von Stoffwechselwegen, gute Programmierkenntnisse (SQL, Perl, HTML/xnL) und Kenntnisse mit Linux/NT.

Wir bieten eine Vergütung nach BAT. Das Arbeitsverhältnis ist vorerst bis zum 31.12.2003 befristet. Die GSF strebt generell eine Erhöhung des Frauenanteils an und fordert deshalb qualifizierte Interessentinnen ausdrücklich auf, sich zu bewerben. Kinderbetreuungsmöglichkeiten sind gegeben. Schwerbehinderte werden bei gleicher Eignung bevorzugt. Ihre schriftliche Bewerbung mit den üblichen Unterlagen richten Sie bitte innerhalb von zwei Wochen an: Herr Dr. Wolfgang Wurst, Institut für Säugetiergenetik, GSF - Forschungszentrum für Umwelt und Gesundheit GmbH, Postfach 1129, 85758 Neuherberg.

Für Rückfragen wenden Sie sich bitte an: Herr Dr. Jens Hansen
Telefon: 089-3187-2887
hansen@gsf.de.

Weitere Informationen über das GSF-Forschungszentrum erhalten Sie über Internet <http://www.gsf.de>
Wir sind eine anerkannte
Zivildienststelle

**2 POSTDOCTORAL
FELLOWSHIPS
(MARIE CURIE
HOST FELLOWSHIPS)**

are available within the European Community funded research project «Gene expression profiling analysis of multidrug resistance in human tumors» at the Institute of Pathology, Charité University Hos-

pital, Berlin/Germany
Duration: 24 months
Salary: 4500 Euro/month plus 400 Euro/month mobility allowance

Project: The project focusses on development of a DNA-array for simultaneous analysis of genes involved in cytostatic drug resistance in samples of individual patient tumors. Aim of the project is to identify mechanisms of chemoresistance in individual tumors as a base for an individualised chemotherapy.

The fellows will join the Resistance Research Group at the Institute of Pathology which is working on mechanisms of cytostatic drug resistance of malignant tumors.

Requirements: Positions are available for fellows from EU and associated* countries. Applicants should have a PhD and an outstanding record of research and publications as well as knowledge in at least one of the following fields: molecular biology, bioinformatics, analysis of gene expression, DNA-array techniques. Applications should include CV, publication list and names of 2 references.

Contact:
Prof. Dr. rer. nat. Reinhold Schäfer
**Laboratory of Molecular
Tumor Pathology
Institute of Pathology
Charité University Hospital**
Schumannstr. 20 / 21 · D-10117 Berlin
Tel +49/(0)30 – 450 - 536 072
Fax +49/(0)30 – 450 - 536 909
reinhold.schaefer@charite.de

* Associated States: Bulgaria, Cyprus, Czech Republic, Estonia, Hungary, Iceland, Israel, Latvia, Liechtenstein, Lithuania, Norway, Poland, Romania, Slovakia and Slovenia

Am Max-Planck-Institut für Psychiatrie erforschen Kliniker und Grundlagenwissenschaftler in enger Zusammenarbeit die Ursachen komplexer Erkrankungen des Gehirns und suchen neue Wege für ihre Behandlung.

Hierzu stehen neben einer modernen Klinik, die über alle für Krankenversorgung und Forschung notwendigen apparativen Einrichtungen verfügt, umfangreiche Labors zur Verfügung, in denen neurobiologische Untersuchungsmethoden von der Verhaltensforschung bis hin zur Molekulargenetik angewandt werden. Ziel ist es, den Nutzen der Forschung für den Patienten durch eine enge und innovative Vernetzung von grundlagenorientierter und klinischer Neurowissenschaft zu optimieren.

Wir suchen eine/n
**WISSENSCHAFTLER/IN/
POSTDOC**

mit abgeschlossener Promotion (Biologie, Chemie oder vergleichbare Studiengänge)

Zur Entwicklung neuer Methoden für den Bereich Proteomics wird ein/e Wissenschaftler/in benötigt mit Erfahrung auf dem Gebiet der Proteinchemie.

Der/Die Wissenschaftler/in soll Methoden für die Hochdurchsatz-Analyse von klinischen und zellulären Proben ausarbeiten. Darüber hinaus wird die Etablierung von quantitativen Verfahren zur Bestimmung von spezifischen Proteinen in den zuvor genannten Proben einen Schwerpunkt bilden. Teamfähigkeit innerhalb der Gruppe sowie auch übergreifend wird vorausgesetzt.

Spezifische Aufgaben:

- Methodenentwicklung
- Zweidimensionale Gelelektrophorese
- Massenspektrometrische Analyse von Proteinen und Peptiden
- Proteinreinigung
- Bestimmung von post-translationalen Protein Modifikationen

Die Stelle ist auf 2 Jahre befristet.

Die Bezahlung erfolgt je nach Vorerfahrung, persönlichen Voraussetzungen und Zuordnung nach BAT/Bund oder über ein Forschungsstipendium.

Erste Informationen erteilt
Herr Prof. Chris Turck
Tel.: 089/30622-317
turck@mpipsykl.mpg.de

Die Max-Planck-Gesellschaft will den Anteil von Frauen in den Bereichen erhöhen, in denen sie unterrepräsentiert sind. Frauen werden deshalb ausdrücklich aufgefordert, sich zu bewerben.

Bewerbungen von Schwerbehinderten sind ausdrücklich erwünscht und werden bei gleicher Eignung bevorzugt berücksichtigt.

Wenn Sie diese Aufgabe und die Mitarbeit in einer wissenschaftlichen Forschungseinrichtung reizt und Sie sich durch unser Inserat angesprochen fühlen, richten Sie Ihre schriftliche Bewerbung an die Personalleitung des

**Max-Planck-Instituts
für Psychiatrie**

Kraepelinstr. 16 · 80804 München.
Wollen Sie mehr über uns wissen? Informationen erhalten Sie über unsere Homepage im Internet:
www.mpipsykl.mpg.de

Y Chromosom und Human-Spermatogenese DHGP-Forschungsprogramm am Institut für Humangenetik

Jedes 5 te Paar in Deutschland ist ungewollt kinderlos. In etwa 15% dieser Fälle wird dieser Kinderwunsch durch genetische Infertilitätsfaktoren, die direkt auf die Keimzellbildung (Spermatogenese) wirken blockiert! Unser Forschungsgebiet konzentriert sich auf die AZF Spermatogenesegene auf dem Y Chromosom. Ihre Deletion ist der heute am häufigsten vorkommende Mutations-Mechanismus bei Männern mit genetisch bedingter Infertilität (1: 10000). Die molekulargenetische Analyse der Struktur und Funktion dieser AZF Gene liegt deshalb im Brennpunkt unserer Forschungsarbeiten in der AG Reproduktionsgenetik:

www.med.uni-heidelberg.de/humangen/ger/humgen/Vogt/vogt.html. Durch Förderung im Rahmen des nationalen Humangenom-Programms kann ich nun meine Arbeitsgruppe mit einem:

einem
DOKTORANDEN
(MOLEKULARBIOLOGIE; BIO-CHEMIE)
einem
TECH. ASSISTENTENIN
(BTA/CTA)

erweitern. Die Stellen sind zunächst auf 2 Jahre befristet mit der Aussicht auf Verlängerung. Voraussetzungen für eine erfolgreiche Bewerbung sind gründliche Methodenkenntnisse auf dem Gebiet der Molekulargenetik, Protein-Analytik, Immunohistochemie, sowie zumindest basale EDV-Kenntnisse zum Umgang mit Humangenom-Sequenzen in den Datenbanken. Grundlegend ist ebenfalls die Bereitschaft und Freude am selbstständigen Arbeiten in einem engagierten Arbeitsteam. Die Bezahlung erfolgt nach BAT. Aussagekräftige Bewerbungen mit den üblichen Unterlagen werden erbeten an:

Priv. Doz.Dr. rer. nat. Peter H. Vogt;
AG Reproduktionsgenetik
Institut für Humangenetik
Im Neuenheimer Feld 328
69120 Heidelberg
Fax:06221-563710
peter_vogt@med.uni-heidelberg.de

Faculty positions available immediately in the newly established Institute of Tumor Biology at the Medical Campus of the University Hospital Eppendorf, Hamburg, Germany. The research program is focused on cancer metastasis with a particular emphasis on micrometastasis and the identification of therapeutic targets for anti-cancer therapy. Applicants should have a strong background in

molecular and cellular tumor biology and cancer genetics. Experience in eukaryotic cell culture, transfection techniques, gene cloning, PCR and cytogenetic methods would be an asset. The successful applicant will join a strong, collaborative and multidisciplinary institutional program in cancer research and should have the ability to establish and lead their own research group within the program. Please send a current curriculum vitae and the names of three references to:

Klaus Pantel M.D., Ph.D.
Director, Institute of Tumor Biology
University of Hamburg
Pantel@uke.uni-hamburg.de

Stelle für eine(n)
DOKTORANDIN/EN,
POST-DOKTORANDIN/EN
und eine(n)
TECHNISCHEN
ASSISTENTIN/EN

in München

Im Rahmen des nationalen Genomforschungsnetzes des BMBF und des DFG-Sonderforschungsbereiches «Neurodegeneration» sind wir eines von mehreren Labors in München, die an der Genetik und den Mechanismen der Neurodegeneration interessiert sind. Im speziellen suchen wir eine(n) hochmotivierten Doktoranden, eine(n) Post-Doktorandin/en und eine(n) begeisterte technischen Assistentin/en für ein Projekt, das mit transgenen zellulären und Knock-out-Maus-Modellen die Parkin-Funktion, seine Interaktionspartner sowie Stoffwechselwege der Parkin-assoziierten Neurodegeneration bearbeitet. Arbeitstechniken sind Zellkultur (Zelllinien und primäre Zellkultur), Proteinbiochemie, Expressions-Profilung, Immunhisto-/cytochemie und Proteomics. Die Kernbereiche des BMBF-Genomforschungsnetzes (z.B. Expressions-Profilung, Sequenzierung) stehen zur Verfügung. Bezahlung erfolgt nach BAT. Bitte wenden Sie sich mit Ihrer Bewerbung einschließlich Lebenslauf, Publikationen und Empfehlungen an Dr. Christoph B. Lücking Neurogenetisches Labor (unter der Leitung von PD Dr. Thomas Gasser)

Klinik für Neurologie
Klinikum Großhadern
Ludwig-Maximilians-Universität
Marchioninistr. 23 · 81377 München
Deutschland
cluecking@nefo.med.uni-muenchen.de
Tel:0049-(0)89-7095-4810
Fax:0049-(0)89-7095-4805



Wir, die Xantos Biomedicine AG, sind ein junges, international ausgerichtetes Unternehmen im Bereich der Biotechnologie mit Sitz in München / Martinsried. Unter der Leitung unseres Managements mit langjähriger Pharma-Industrie-Erfahrung können wir ein kontinuierliches Wachstum verzeichnen. Unser Ziel ist es, einen entscheidenden Beitrag zur Entwicklung und Etablierung neuer biologischer Therapieprinzipien für eine gesündere Lebensweise und zur Verbesserung der Lebensqualität zu leisten. Zur Unterstützung unseres IT Teams suchen wir baldmöglichst eine(n):

SYSTEMADMINISTRATOR (IN)

Sie sind eigenverantwortlich für die Betreuung unseres stark wachsenden Systemumfeldes zuständig:

Ihr Aufgabengebiet umfasst:

- die Pflege des heterogenen Netzwerks (Windows, Linux) und die User Betreuung
- die Verwaltung unserer Backup-Lösung,
- die Administration unserer Oracle-Datenbank,
- den Aufbau und die Administration unseres Intranet-Webserver,
- die Wartung unserer Firewall,
- den Einkauf sowie
- die Integration neuer Systeme.

Neben der Möglichkeit zu eigenverantwortlicher Arbeit bietet unser Unternehmen ein attraktives Gehalt und ein fortschrittliches Mitarbeiter-Beteiligungsmodell. Wenn wir mit der oben beschriebenen Stelle Ihr Interesse geweckt haben und Sie Spaß an Teamarbeit haben, dann senden Sie Ihre vollständigen Bewerbungsunterlagen an:

Xantos Biomedicine AG
Petra Fischer
Fraunhoferstr. 22
D-82152 Martinsried
Tel: +49/89/899 59 410
p.fischer@xantos.de

Pending final decision by the European Commission we would like to bring the following research opportunity for PhD students to the attention of academic institutes, professors and doctoral students of European countries (non German EU member states and associate states)

MARIE CURIE TRAINING SITE - Breast Cancer: Molecular Risk Factors, Drug Response, Non-Response and Toxicity

The Dr. Margarete Fischer Bosch Institute of Clinical Pharmacology (IKP) Stuttgart in cooperation with the Eberhard Karls Universität Tübingen, Germany invites applications for up to six positions at the PhD training level. We are seeking individuals with research interests in the molecular origin of breast cancer and elucidation of drug response, non-response and toxicity in systemic breast cancer therapy.

The goals of IKP are the understanding of metabolisms of drugs and drug effects as well as the molecular origin of cancer. In particular IKP fosters interdisciplinary, collaborative research at the interface of basic, clinical and population sciences in an effort to improve prevention and treatment of breast cancer. Additional information can be found at www.ikp-stuttgart.de IKP is a state-of-the-art basic and clinical research facility committed to provide outstanding core facilities in support of molecular genetic and clinical pharmacological research. IKP is affiliated with the University of Tuebingen (45 km) which can be easily reached by public transportation. Together they offer active graduate student programs as well as exceptional opportunities for interdisciplinary scientific interactions with other investigators at academic institutions and industry.

Candidates must have substantial training in a subject related to medicine or molecular biology. Strong quantitative and analytical skills will be required as well as strong communication skills. Basic knowledge in molecular genetics and genomics will be an asset but not mandatory. Training language will be English.

Contracts of up to 12 months of doctoral studies funded by the European Union will be available in spring 2002. IKP is committed to equal opportunity and affirmative action. Women and minorities are strongly encouraged to apply. Applications should be sent to Hiltrud Brauch, PhD, Associate Professor, Dr. Margarete Fischer Bosch Institute of Clinical Pharmacology, Auerbachstr. 112, 70376 Stuttgart, Germany
e-mail: hiltrud.brauch@ikp-stuttgart.de

In der Molekularen Pharmakologie des Instituts für Pharmakologie und Toxikologie der Humboldt Universität Berlin, Universitätsklinikum Charité ist die Stelle für

1 WISS. MITARBEITER/IN und 1 DIPLOMAND/IN

ab Sommer 2002 zu besetzen. Im Bereich der experimentellen Tumorbologie setzen wir transgene Technologien ein, um

die Rolle und Funktion von Tyrosinkinaserezeptoren und kleinen GTPase-Molekülen im Brustepithel von transgenen Mäusen zu studieren (Brandt et al. 2000, Oncogene 19: 2129). Unter Verwendung vielfältiger moderner Techniken aus den Bereichen Molekularbiologie, Proteinchemie, Zellbiologie und (Immun)-Histochemie sollen diese Tiere und die beobachteten Phänotypen funktionell charakterisiert werden, um Einblicke in die zugrunde liegenden Mechanismen erhalten zu können.

Wenn Sie Kenntnisse auf mehreren dieser Gebiete haben, selbständig arbeiten (Position 1) und Interesse an der Mitarbeit in einer multi-disziplinären Arbeitsgruppe haben schicken Sie Ihre Unterlagen inkl. CV, kurzer Beschreibung Ihrer bisherigen wissenschaftlichen Erfahrung und Namen zweier Referenzen an: Prof. Dr. Franz Theuring

**Universitätsklinikum Charité
Institut für Pharmakologie
und Toxikologie**

Dorotheenstr. 94 · 10117 Berlin
Tel.: 030-450 525005
Fax: 030-450 525902
Theuring@charite.de



Wir, die Xantos Biomedicine AG, sind ein junges, international ausgerichtetes Unternehmen im Bereich der Biotechnologie mit Sitz in München / Martinsried. Unter der Leitung unseres Managements mit langjähriger Pharma-Industrie-Erfahrung können wir ein kontinuierliches Wachstum verzeichnen. Unser Ziel ist es, einen entscheidenden Beitrag zur Entwicklung und Etablierung neuer biologischer Therapieprinzipien für eine gesündere Lebensweise und zur Verbesserung der Lebensqualität zu leisten.

Damit wir diese Herausforderung entsprechend schnell bewältigen können, benötigen wir folgende Mitarbeiter/-innen:

**TECHNICAL ASSISTANT/
SCIENTIFIC ASSISTANT**

im Bereich Screening:

Ihre Aufgaben:

- allgemeine Zellkulturtechniken
- Anzucht verschiedener Zellen für den Screen
- Optimierung der Wachstumsbedingungen
- allgemeine Labororganisation

Ihr Profil:

- Ausbildung als MTA, BTA, CTA oder Studium der Biotechnologie / Biologie
- Sie verfügen über erste Berufserfah-

ung in den oben genannten Aufgabenfeldern, aber auch als Neu- oder Wiedereinsteiger ins Berufsleben sind Sie herzlich willkommen

Sie haben Computerkenntnisse und Grundkenntnisse in Englisch

Neben der Möglichkeit zu eigenverantwortlicher Arbeit bietet unser Unternehmen ein attraktives Gehalt und ein fortschrittliches Mitarbeiter-Beteiligungsmodell. Wenn wir mit den oben beschriebenen Stellen Ihr Interesse geweckt haben und Sie Spaß an Teamarbeit haben, dann senden Sie Ihre vollständigen Bewerbungsunterlagen an:

Xantos Biomedicine AG

Petra Fischer
Fraunhoferstr.22
82152 Martinsried
Tel.: 089/899 59 400
Fax: 089/899 59 420
p.fischer@xantos.de
www.xantos.de



The GSF Research Center for Health and Environment GmbH in Neuherberg (Munich, Germany) offers immediately a

POSTDOCTORAL POSITION

to join the GSF-GBF collaborative Jung Investigator Research Group «Infection Genetics» in the Institute of Experimental Genetics.

Position Summary:

The focus of the new established group will be in the generation of mouse models to study mechanism of bacterial host-pathogen interaction.

You will participate in the isolation and characterization of novel mouse mutants generated in a large scale ENU mutagenesis program. The study will focus on the isolation of mouse mutants that are compromised in macrophage function and recognition or killing of pathogenic bacteria (e.g. Salmonella typhimurium and Listeria monocytogenes).

In addition you will develop new assays for the phenotyping of mutant mouse lines.

The position is initially for three years and the salary will be at the BAT IIa level on the German university scale. The GSF offers an excellent interactive and collaborative work environment as well as state-of-the-art research facilities.

Qualifications:

The successful candidate will have a strong interest in mouse genetics and preferentially experience in immunology and microbiology. Individuals with an expertise in cytokine signaling and experience in flow cytometry, ELISA and cellu-

lar assays are especially encouraged to apply. Applicants should have a Ph.D. or M.D. degree.

To apply, please email your resume including a CV, list of publications, a brief statement of research interests and the names and addresses of at least two references to:

Dr. Andreas Lengeling
**Institute of Experimental
Genetics**
**GSF-Research Center
for Health and Environment**
Ingolstädter Landstrasse 1
85764 Neuherberg, Germany
lengeling@gbf.de
phone: (+49) 0531-6181-200



metaGen ist ein innovatives und schnell expandierendes Biotechunternehmen, das neuartige Therapeutika und Diagnostika im Bereich der Onkologie entwickelt. metaGen besteht seit 1996 und hat gegenwärtig 80 Mitarbeiter aus 10 verschiedenen Nationen mit einem Durchschnittsalter von 34 Jahren. In der Abteilung Onkologie suchen wir zum 1. April 2002

EINE/N ZELLBIOLOGEN/IN

die/der in Zusammenarbeit mit unserer Discovery, Genomic Technologies sowie der Proteinchemie neue Targets in funktionellen Assays, wie z.B. Migration, Invasion, Apoptose, Zell-Zellinteraktionen charakterisiert, um neue Therapeutika (Antikörper, Antisense oder kleine Moleküle) zu entwickeln.

Als Bewerber verfügen Sie über einschlägige Berufserfahrung (auch auf dem Gebiet onkolog. Fragestellungen), Teamgeist, Organisationsgeschick und soziale Kompetenz. Gute Englischkenntnisse setzen wir voraus.

Wir honorieren das Engagement unserer Mitarbeiter durch ein attraktives Mitarbeiterbeteiligungsmodell und mit einer breiten Palette unterschiedlicher Sozialleistungen.

Wir freuen uns auf Ihre Bewerbung und bitten um Zusendung an:

metaGen Pharmaceuticals GmbH
Frau Elsinghorst,
Oudenarder Straße 16, 13347 Berlin
angela.elsinghorst@metagen.de
www.metagen.de



Geniale Lösungen sind selten an ihren Dimensionen zu erkennen.

In einem 4 Zentimeter kleinen Behälter stecken mehr als 10 Milliarden menschliche Antikörper und ein Großteil unseres Know-how: die Human Combinatorial Antibody Library (HuCAL®). Diese innovative Technologie haben wir entwickelt, um die Entdeckung neuer Arzneimittel zu beschleunigen. Die Strategie stimmt: Wir zählen zu den führenden Biotechnologie-Unternehmen Europas und teilen diesen Erfolg durch ein Mitarbeiterbeteiligungsprogramm.

Für verschiedene Bereiche in unserem Unternehmen suchen wir

**TECHNISCHE ASSISTENTEN
(W/M)**

(gerne auch Berufsanfänger/innen oder Wiedereinsteiger/innen)

Aufgaben im Bereich «Antibody Technology»:

- Generierung von humanen Antikörpern durch in vitro-Methoden (Phage-Display)
- Charakterisierung der Antikörper in verschiedenen Assays
- Anwendung von molekularbiologischen Methoden
- Datenauswertung am PC

Aufgaben im Bereich «Protein Chemistry»:

- Proteinexpression in pro- und eukaryotischen Systemen
- Proteinreinigung und -analytik
- Zellkulturarbeiten, IHC

Voraussetzungen:

- Technische Ausbildung als BTA, CTA, MTA oder eine vergleichbare Qualifikation
- Interesse an molekularbiologischen Versuchen und Offenheit für den Umgang mit Computern
- Grundkenntnisse in MS Office und Englisch
- Engagement, Eigeninitiative und Teamgeist

Neugierig? Wir auch! Wir bieten Ihnen nicht nur ausgezeichnete Entwicklungsmöglichkeiten, sondern unterstützen Sie von Anfang an — auch bei Ihrem Umzug. Schicken Sie bitte Ihre Bewerbung an **MorphoSys AG**

Silvia Dermietzel
Senior Director Human Resources
Lena-Christ-Straße 48
82152 Martinsried/Planegg.

Unter www.morphosys.com erfahren Sie mehr über uns. Konkrete Fragen bitte per E-Mail an: personnel@morphosys.com

Stelle für eine(n) POST-DOKTORANDIN/EN

in München

Im Rahmen des Nationalen Genomforschungsnetzes ist am GSF-Forschungszentrum für Umwelt und Gesundheit in München-Neuherberg ein Phänotypisierungszentrum für Mäuse entstanden. Für die Untersuchung von Mausmutanten auf neurologische Phänotypen suchen wir ab sofort einen Biologen, Human- oder Tiermediziner auf eine BAT IIa-Stelle.

Der neurologische Screen beinhaltet die klinische Untersuchung der Mäuse (SHIR-PA-Protokoll), die Durchführung von Koordinations- und Muskeltests (Rotarod, Gripstrength) sowie ergänzende EMG-, telemetrische EEG-Untersuchungen, Histologie (Muskelbiopsien) und MRT. Vorkenntnisse im Umgang mit Mäusen sowie in elektrophysiologischen Untersuchungsverfahren wie EMG und EEG sind von Vorteil, jedoch nicht Bedingung. Die Kernbereiche des BMBF-Genomforschungsnetzes stehen zur Verfügung. Bewerbungen werden erbeten an Herrn PD Dr. med. Thomas Klopstock,

Neurologische Klinik Klinikum Großhadern

81366 München

Tel 0049-89-7095-4807

FAX 0049-89-7095-4805

klopstock@brain.nefo.med.uni-muenchen.de

The newly founded Department of Genetic Epidemiology, University of Göttingen (Director: Prof. Dr. Heike Bickeböller) offers several positions for genetic epidemiological research, partly within the German National Genome Research Network (Nationales Genomforschungsnetz NGFN):

STATISTICIANS EPIDEMIOLOGISTS

(at pre- and past-doctoral levels)

Responsibilities vary by position but include:

1. Study planning, fieldwork, data management
2. Development and application of appropriate statistical methods for analysis
3. Statistical and epidemiological consulting
4. Teaching

Prerequisites are a masters or Ph. D. degree in Statistics, Mathematics, Computer Science, Natural Sciences or Medicine, advanced knowledge in a leading statistical software package for statisticians (SAS, S-Plus) and fluency in English. Knowledge in genetic epidemiology as

well as fluency in German is an advantage, but not a prerequisite. The University of Göttingen will offer a Ph.D. program in applied statistics and empirical methods starting in 2002.

Health Data Administrators (Medizinische Dokumentare, Med. Dokumentarinnen):

Responsibilities vary by position but include:

1. Data base management (development, use, internet-interface)
 2. Data handling (transfers, preparation of data sets, analysis – mainly in SAS)
 3. Information management between involved between scientists.
- One position also includes tasks as a system administrator. Knowledge in English is an advantage.

Payment will be according to BAT (German government regulations). Past time employment is possible. For some positions an unlimited contract is possible. Handicapped applicants will be advantaged by equal qualifications. Applications of women are encouraged and will be considered with advantage when the according qualifications are given according to legal possibilities.

For more information please send e-mail to hbbickeb@gwdg.de. Please send your written application with letter of interest, curriculum vitae and other materials of interest to:

Prof. Dr. H. Bickeböller

Abteilung Genetische Epidemiologie Universität Göttingen – Bereich Humangenetik

Humboldtallee 32
D-37073 Göttingen
Germany.

Das Institut für Medizinische Informatik und Biometrie der Universität Rostock sucht für sofort

eine/n Wissenschaftler/in für ANGEWANDTE BIOINFORMATIK (BAT IIA)

mit Interesse, für die genomorientierte klinische Forschung ein Softwaresystem mitzuentwickeln.

Laufzeit: zunächst bis 31.12.2004, mit der Möglichkeit der Verlängerung bis 31.12.2006

Optional betroffene Themen: Information Extraction, Künstliche Intelligenz, Datenbanken, Expressionsdatenanalyse (cDNA-Chips)

Schwerpunkte: Forschung, angewandte Programmierung+Methodeneinbindung zur Softwareentwicklung (Java, Delphi) Hintergrund: informatische bzw. naturwissenschaftliche Ausbildung, analyti-

sches Denken, anwendungsbereite Programmierkenntnisse, Interesse an Teamarbeit in 4-Mann-Bioinformatikgruppe Interessenten melden sich bitte bei: Prof. Dr. Lothar Gierl / Änne Glass

Institut für Medizinische Informatik und Biometrie

Universität Rostock

Rembrandtstr. 16/17

D-18055 Rostock

tel. +49-381-494 7360

fax. +49 381 494 7203

lothar.gierl@medizin.uni-rostock.de
aenne.glass@medizin.uni-rostock.de



Wir sind eine internationale Biotechnologiefirma mit einem breiten Spektrum biologischer Systeme zur Identifizierung von Genfunktionen und der Rolle von Genen bei menschlichen Krankheitsprozessen. Unsere Firma ist weltweit führend in der Verwendung von Zebrafisch und Maus als Modelorganismen für die menschliche Biologie und Medizin.

Für unseren Standort Tübingen suchen wir eine/n

hochmotivierte/n, engagierte/n TA

die/der eine (neue) Herausforderung in Form einer interessanten, abwechslungsreichen Tätigkeit im Bereich der Zell- und Molekularbiologie anstrebt und ihre/seine bereits vorhandenen Kenntnisse erweitern möchte.

Vorkenntnisse im Bereich Zellbiologie sind erwünscht, aber nicht Voraussetzung. Flexibilität, Kreativität, selbständiges Arbeiten und Teamfähigkeit setzen wir voraus.

Wir bieten eine unbefristete Vollzeitstelle an einem modern ausgestatteten Arbeitsplatz im Bereich der Zell- und Molekularbiologie in einem jungen, dynamischen und innovativen Unternehmen mit Fortbildungsmöglichkeiten und einem sehr guten Arbeitsklima.

Interessiert? Dann schicken Sie bitte Ihre vollständigen Unterlagen unter der Chiffre-Nummer A01-52 an

ARTEMIS Pharmaceuticals GmbH an Exelixis Co.

z. Hd. v. Frau Heiderose Neu
Spemannstraße 35 · 72076 Tübingen
www.artemispharma.de



Das RZPD Deutsche Ressourcenzentrum für Genomforschung GmbH sucht zum nächstmöglichen Termin eine/n

SYSTEMADMINISTRATOR/IN

zur Betreuung einiger Compaq alpha server (8400, 4100, 1200, ES40), diverser Compaq- und SUN Workstations, Macintosh- und WindowsNT und 9x-Rechner. Erforderlich sind vertiefte Erfahrungen in der Administration heterogener UNIX-Umgebungen sowie Kenntnis von relationalen Datenbanksystemen (Oracle).

Von Vorteil wären weiterhin Kenntnisse des Legato Networkers und der Administration von NT-Rechner in TCP/IP-basierten Netzen.

Die Vergütung erfolgt bei entsprechender Qualifikation bis zur Gruppe IIa BAT. Schwerbehinderte werden bei gleicher Eignung bevorzugt eingestellt.

Bewerbungen mit den üblichen Unterlagen richten Sie bitte an:

RZPD GmbH

Personalbüro

Heubnerweg 6 · 14059 Berlin

Für Fragen zu dieser Ausschreibung stehen wir gern zur Verfügung:

Steffen Schulze-Kremer, steffen@rzpd.de
Klaus Dobrindt, kld@rzpd.de

Das Institut für Medizinische Biometrie und Epidemiologie sucht ab dem 01.06.2002 einen/eine

STATISTIKER(IN)/ MATHEMATIKER(IN)/ BIOMETRIKER(IN)/ EPIDEMIOLOGEN(IN)

ganztags. Die Stelle ist auf 19 Monate befristet. Je nach Stellensituation und Eignung ist eine Verlängerung möglich. Gemäß § 8 Abs. 2 Satz 1 HGIG sind Vollzeitstellen grundsätzlich teilbar.

Die Vergütung erfolgt nach BAT IIa. Der/Die Stelleninhaber/in soll an dem von dem Bundesministerium für Bildung und Forschung (BMBF) geförderten Projekt «Körpergewichtsregulation: Analyse molekulargenetischer Mechanismen» (Kordinator: Prof. Dr. J. Hebebrand, Klinik für Kinder- und Jugendpsychiatrie) mitarbeiten.

Aufgaben sind die Planung und Auswertung genetisch-epidemiologischer und klinischer Studien sowie Methodenentwicklung auf dem Gebiet der statistischen Genetik. Diese Aufgabenstellung umfaßt auch die statistische Beratung

und Betreuung medizinischer Forschungsarbeiten und die Beteiligung an den Lehraufgaben des IMBE.

Voraussetzungen sind ein abgeschlossenes wissenschaftliches Hochschulstudium in Mathematik oder Statistik oder in einem anderen Fach mit methodisch-statistischem Schwerpunkt sowie eingehende Kenntnisse der angewandten Statistik. Von Vorteil sind Kenntnisse der statistischen Verfahren der genetischen Epidemiologie, sowie Erfahrungen in der Anwendung statistischer Verfahren in der Medizin und der Benutzung statistischer Programmpakete. Kooperationsbereitschaft und Teamfähigkeit sind erforderlich.

Medizinische Biometrie und Genetische Epidemiologie sind Fachgebiete mit sehr guten beruflichen Entwicklungsmöglichkeiten. Wir bieten Ihnen den Einstieg in dieses Fach mit entsprechenden Schulungs- und Weiterbildungsmaßnahmen. Schwerbehinderte BewerberInnen/Bewerber werden bei gleicher Eignung im Rahmen der geltenden Bestimmungen bevorzugt eingestellt.

Das Klinikum der Philipps-Universität strebt eine Erhöhung des Frauenanteils im wissenschaftlichen Bereich an und fordert deshalb insbesondere qualifizierte Wissenschaftlerinnen nachdrücklich zur Bewerbung auf.

Bewerbungen mit den üblichen Unterlagen richten Sie bitte an den Direktor des **Instituts für Medizinische Biometrie und Epidemiologie** Herrn Univ.-Prof. Dr. H.Schäfer Bunsenstr. 3 · 35037 Marburg. Wir bitten nur Kopien vorzulegen, da die Unterlagen nicht zurückgesandt werden; sie werden nach Abschluß des Auswahlverfahrens vernichtet.

An der Klinik für Psychiatrie und Psychotherapie der Philipps-Universität Marburg ist ab dem 01.02.2002 bis 31.12.2002 (ggf. mit Weiterbeschäftigung) folgende Stelle zu besetzen:

BIOLOGE/IN/MEDIZINERIN/ HUMANBIOLOGE/IN/AIP

als Wissenschaftliche/Ärztliche MitarbeiterIn im Laborbereich und im «klinischen Bereich»

Die Anstellung erfolgt im Rahmen eines klinisch-humangenetischen Projektes (Psychoneuroendokrinologie) und wird durch das BMBF gefördert.

Erwünscht sind EDV- und Statistikerfähigkeiten. Voraussetzung sind molekularbiologische Kenntnisse (z. B. RT-PCR, auch semiquantitativ, Humangenetik).

Unser Team sucht einen aufgeschlossenen und interessierten Mitarbeiter mit

wissenschaftlichem Interesse und Freude am interdisziplinären Arbeiten. Biochemische und zellbiologische Expertise ist vorhanden.

Die Art der Anstellung richtet sich nach der Qualifikation und kann ggf. bis zu einer vollen BAT Ila-Stelle erfolgen. Der Fachbereich und das Klinikum der Philipps-Universität strebt einen höheren Anteil an Frauen im Wissenschaftsbereich an, deshalb bitten wir qualifizierte WissenschaftlerInnen, sich zu bewerben. Schwerbehinderte BewerberInnen werden bei gleicher Eignung bevorzugt eingestellt.

Die Bewerbungen sind zu richten an:

Herrn Prof. Dr. J.-C. Krieg

**Direktor der Klinik für
Psychiatrie und Psychotherapie**

Rudolf-Bultmann-Str. 8 · 35033 Marburg

Im Rahmen des Genomforschungsnetzes ist ab sofort eine

POSTDOCSTELLE

zu besetzen.

Thema:

«Analysis of human host gene/protein responses upon interaction or invasion of pathogenic staphylococci»

Aim:

The aim of this project is to analyze global gene and protein responses of human cells and cell lines from the epithelium, endothelium, and macrophages before and after challenge with *Staphylococcus aureus* / *S. epidermidis*. By using the DNA array/chip, transcriptomics, and proteomics technology we should be able to identify those genes that are induced in the presence of the pathogens. Thus we shall get information of genes playing a central role in the defense of bacterial infections (e.g. cytokines, membrane receptors, signalling proteins, kinases, and many more).

· Stelle ist ab sofort besetzbar (zunächst für 2,5 Jahre) Verlängerung möglich

· BATIla

· Erwartet wird: Erfahrung in Molekularbiologie/Mikrobiologie, Team- und Leistungsfähigkeit, Lust an der Forschung

Bewerbung per E-mail an:

Prof. Dr. Friedrich Götz

University Tübingen

Microbial Genetics

Waldhäuser Str. 70/8 · Tübingen

Phone: +49 70 71.29 746-36 or 35

Fax: +49 70 71.29 5937

friedrich.goetz@uni-tuebingen.de

www.uni-tuebingen.de/Mikrobiogen/



Open **BIOINFORMATICIAN POSITION**

The RZPD Deutsches Ressourcenzentrum fuer Genomforschung GmbH is looking for one bioinformatician BAT Ila to join the current team of the Protein Structure Factory (www.rzpd.de, www.proteinstrukturfabrik.de) at the RZPD Resource Center.

Suitable candidates have a solid background in software development, programming skills (Perl, C, C++, SQL, Oracle, cgi) and database development experience under Unix and Windows. Further background knowledge in molecular biology, computational biology and bioinformatics would be of great advantage. Skills in using the Microsoft suite of Office programs would be helpful but without relevant programming experience in itself not sufficient for these position.

We offer a stimulating environment with a highly skilled, motivated and friendly team and the chance to learn and master the challenges of bioinformatics in the core of the German Human Genome Project.

The position is open immediately and will run until 31. 12. 2003. Handicapped applicants with competing qualifications will be preferred. RZPD is an equal opportunity employer.

The location of the work is the RZPD Resource Center. For more details on this position contact Dr. Steffen Schulze-Kremer, (49 30) 32639-200. Please send your application to:

**RZPD Deutsches
Ressourcenzentrum für
Genomforschung GmbH**

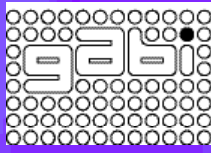
Personalbuero

Heubnerweg 6 · D-14059 Berlin

Germany



Deutsches
Humangenomprojekt



Genomanalyse
im Biologischen
System Pflanze

IMPRESSUM

GenomXPress Nr. 1/02 · März 2002

Newsletter des DHGP und der GABI mit Informationen aus der deutschen Genomforschung.

Der GenomXpress erscheint im März, Juni, September und Dezember.

Redaktionsschluss für die nächste Ausgabe ist der 29.5.02.

Der GenomXPress ist der Nachfolger des DHGP XPRESS (ISSN 1437-3491).

HERAUSGEBER

Wissenschaftliches Koordinierungskomitee des Deutschen Humangenomprojektes (DHGP)

Wissenschaftliches Koordinierungskomitee des Projektes Genomanalyse im Biologischen System Pflanze (GABI)

REDAKTION

Dr. Jörg Wadzack

Dr. Angela Haese

Geschäftsstelle des DHGP

Heubnerweg 6 · 14059 Berlin

Tel 030-32639-171 · Fax 030-32639-262

dhgp-info@dhgp.de

Dr. Jens Freitag

GABI Geschäftsstelle

c/o Max Planck Institut für

Molekulare Pflanzenphysiologie

Am Mühlenberg 1 · 14476 Golm

Tel 0331-567-8301 · Fax 0331-56789-8301

Freitag@mpimp-golm.mpg.de

Der Inhalt des GenomXPress ist auch über die Internetseiten des DHGP und der GABI (<http://www.dhgp.de> bzw. <http://www.gabi.de>) abrufbar.

Dieser Newsletter wird aus Mitteln des BMBF gefördert. **ISSN 1617-562X**

Layout & Satz: Dirk Biermann · Druck: Druckhaus Schmergow