

## PRESSEMITTEILUNG

---

*Freiburg, 18 September 2012*

### Deutschland startet das BMBF geförderte Epigenom Programm DEEP

**Am 1. September beginnt eine neue Ära der Genomforschung in Deutschland. 21 Forschergruppen aus ganz Deutschland haben sich im deutschen Epigenom-Programm (DEEP) zusammengefunden, um 70 Epigenome menschlicher Zelltypen zu entschlüsseln. Das Wissen um diese zusätzlich zu den Genen existierenden Markierungen wird zu vollkommen neuartigen Einsichten in die zellspezifischen Programme gesunder und kranker, alter und junger Zellen führen. DEEP ist die deutsche Beteiligung am weltweit koordinierten International Human Epigenome Consortium (IHEC). Darin verfolgen Forscher unter Verwendung einheitlicher Standards das ambitionierte Ziel, 1000 Epigenome zu entschlüsseln. Damit werden erstmals umfassende vergleichbare Datenanalysen und -bewertungen möglich. Die deutschen Wissenschaftler werden in DEEP Zellen analysieren, die bei Fettleibigkeit, entzündlichen Darmerkrankungen und Arthritis eine Rolle spielen. Für diese Aufgabe stellt das Bundesministerium für Bildung und Forschung (BMBF) in den kommenden fünf Jahren insgesamt 16 Millionen Euro zur Verfügung.**

Die vollständige Entschlüsselung des menschlichen Erbgutes (Genom) im Jahr 2003 war ein Meilenstein für die Lebenswissenschaften. Doch wie bei jedem Rätsel, das in der Wissenschaft gelöst wird, kamen auch hier mit der Entschlüsselung mehr Fragen auf als beantwortet werden konnten. In den darauffolgenden Jahren wurde zunehmend klarer, dass viel mehr Faktoren die Funktionen des menschlichen Körpers regulieren als die Gene alleine. Eiweiße, die wie eine Hülle um die Gene herum liegen, spielen für die Funktion der Gene eine gewaltige Rolle. Zudem gibt es chemische Veränderungen der Genbausteine selbst, die diese mit zusätzlichen „epigenetischen“ Informationen versehen. Gemeinsam bestimmen diese epigenetischen Modifikationen, welche Gene wann und wo an- und abgeschaltet werden und wie Zellen ihre speziellen genetischen Programme umsetzen. Die Kenntnis dieser epigenetischen Markierungen wird Auskunft darüber geben, wie etwa die Lebensführung, zum Beispiel durch die Ernährung, bestimmte Genfunktionen in betroffenen Zellen ändert.

Epigenetiker erforschen daher, wie Gene in den Zellen programmiert werden und welchen Einfluss die Umwelt auf sie hat. Im Rahmen von DEEP wollen die Wissenschaftler „epigenetische Karten“ von insgesamt 70 ausgesuchten menschlichen Zelltypen erstellen. Im Fokus stehen Zellen, die bei Stoffwechsel- und Entzündungskrankheiten, wie

krankhaftem Übergewicht und rheumatischer Arthritis, eine Rolle spielen. Durch die systematische Kartierung können die Forscher besser verstehen, wie Zellen miteinander biochemisch kommunizieren und wie aus Kommunikationsstörungen Krankheiten entstehen.

Die 70 Epigenome werden dabei aus unterschiedlichen Zelltypen und vergleichend zwischen gesunden und kranken Zellen erarbeitet. Für diese Aufgabe nutzen die Forscher neueste Hochdurchsatztechnologien (next generation sequencing) in sechs Datenproduktions- und drei Datenanalyse-Zentren. Insgesamt werden die Wissenschaftlerinnen und Wissenschaftler in diesem Prozess das menschliche Genom zirka 20.000 Mal Baustein für Baustein auf bestimmte Art und Weise neu entschlüsseln und dabei ungeheuer große Datenmengen sammeln und interpretieren. Alle Daten werden in öffentlichen Datenbanken direkt für die weltweite biomedizinische Forschung zugänglich und nutzbar gemacht. „Das Zusammenwirken von Computer- und experimentellen Wissenschaftlern wird von zentraler Bedeutung für den Erfolg des umfangreichen Programms sein. Dass Saarbrücken als Zentrum für die Koordination ausgewählt wurde, trägt dieser Tatsache Rechnung. Denn hier wird bereits seit geraumer Zeit eine solch intensive Zusammenarbeit erfolgreich praktiziert“, sagt Jörn Walter, Koordinator des Programms.

Im Arbeitsprogramm von DEEP werden neben der Kartierung auch direkte funktionelle Studien an menschlichen Zellen oder Modellorganismen durchgeführt. Ziel dieser Arbeiten ist es, den Nutzen der Kartierungsdaten für das Verständnis von Krankheiten zu verdeutlichen. „Die Besonderheit des deutschen DEEP-Programms ist die enge Verzahnung beider Komponenten, um so neue Einsichten in molekulare Prozesse komplexer Erkrankungen zu erhalten“, erklärt Epigenetiker Walter.

Die Partner in DEEP sind: Deutsches Krebsforschungszentrum Heidelberg, Deutsches Rheumaforschungs-Zentrum Berlin, EURICE – European Research and Project Office GmbH, IFADO Dortmund, Institut für Arbeitsmedizin Dortmund, Max-Delbrück Zentrum Berlin, Max-Planck-Institut für Immunologie und Epigenetik Freiburg, Max-Planck-Institut für Informatik Saarbrücken, Max-Planck-Institut für molekulare Genetik Berlin, Qiagen AG Hilden, Sanofi-Aventis Höchst, Universität Duisburg-Essen, Universität Kiel, Universität Münster, Universität Regensburg, Universität des Saarlandes.

**Weitere Informationen zu DEEP und insbesondere dem Beitrag des MPI-IE erhalten sie von:**

Professor Dr. Thomas Jenuwein/Dr. Thomas Manke

Tel.: (0761) 5108-574/738

E-Mail: [jenuwein@ie-freiburg.mpg.de](mailto:jenuwein@ie-freiburg.mpg.de) / [manke@ie-freiburg.mpg.de](mailto:manke@ie-freiburg.mpg.de)