



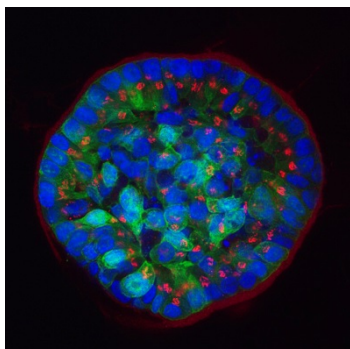
25. Februar 2016, e:Med pm 2016-02

Internationale Sammlung menschlicher Gene deckt jetzt 80 Prozent aller Bauanleitungen für Proteine ab – und steht Wissenschaftlern weltweit zur Verfügung

Die internationale ORFeome Collaboration (OC) stellt die weltweit größte öffentlich verfügbare Sammlung menschlicher Gene bereit. Alle wichtigen funktionellen Kategorien sind in der Sammlung vertreten. Mit jetzt 80 Prozent Abdeckung derjenigen Gene des Menschen, die die Bauanleitung für Proteine des Körpers enthalten, ist sie eine einzigartige und wertvolle Ressource für die Wissenschaft. Sie kann einen entscheidenden Beitrag zur Entdeckung von krankheitsrelevanten Veränderungen und von neuen Zielmolekülen für maßgeschneiderte Medikamente leisten.

Obwohl nur etwa 1 Prozent der menschlichen Erbinformation Bauanleitungen für Proteine trägt, sind es diese, die das Schicksal von Zellen, Geweben und Organismen steuern. Wenn Wissenschaftler untersuchen, wie Proteine miteinander wirken oder beobachten, was passiert, wenn bestimmte Proteine in Modellorganismen vermindert sind oder ganz fehlen, lernen sie, Abläufe im Gesunden und Kranken zu verstehen. Solche Studien setzen eine möglichst vollständige Sammlung der Baupläne menschlicher Proteine voraus.

Die ORFeome Collaboration (OC), in der 13 internationale akademische und kommerzielle Arbeitsgruppen kooperieren, stellt eine solche Sammlung menschlicher Gene bereit. Diese umfasst jetzt 17.154 der insgesamt knapp 20.000 menschlichen Gene, die eine Bauanleitung für ein Protein enthalten. Professor Stefan Wiemann, Leiter der Abteilung Molekulare Genomanalyse am DKFZ in Heidelberg und Mitglied im Forschungs- und Förderprogramm e:Med sowie Mitglied des Nationalen Genomforschungsnetzes (NGFN, 2001-2013), das an der Finanzierung der OC beteiligt war, ist Erstautor der heute in der Zeitschrift *Nature Methods* erscheinenden Veröffentlichung. Der große Nutzen der OC Sammlung wurde bereits in einer Vielzahl von Studien gezeigt. Auch im e:Med Programm des Bundesforschungsministeriums (BMBF) wird die Ressource weit genutzt (ein Beispiel ist in der Abbildung dargestellt).



Abbildung

Baukasten menschlicher Proteine im Einsatz: Die Färbung von bestimmten Proteinen zeigt hier unkontrolliertes Wachstum von Zellen aus der Brustdrüse, eine Ursache für Krebserkrankungen der Brust. (Brustzellen in 3D Zellkultur gewachsen. Foto: Aleksandra Balwierz, Abteilung Molekulare Genomanalyse, DKFZ, Heidelberg).

Die Sammlung enthält die einzelnen Bauanleitungen so bereit, dass die verschlüsselten Proteine einfach und präzise in einer großen Vielfalt von biologischen Systemen wie *E. coli*, Hefe und Säugetierzellen hergestellt und untersucht werden können. Alle wichtigen funktionellen Kategorien humaner Gene (z. B. Proteine des Stoffwechsels, Rezeptoren oder Transkriptionsfaktoren, die Gene aktivieren) sind in der Sammlung vertreten. Die Basenabfolge oder Sequenz eines jeden Gens wurde komplett ermittelt, nur vollständig verifizierte Materialien wurden in die Sammlung aufgenommen. Das im Rahmen des NGFN geförderte Deutsche cDNA Konsortium, das von Stefan Wiemann geleitet wurde, brachte mehr als 3.000 Gene in die OC ein, und hat damit den größten Beitrag von Partnern außerhalb der USA geleistet. Die Abteilung um Wiemann führt zudem alle bioinformatischen Analysen durch, die den Nutzern zeigen, welche Klone sich am besten für ihre jeweiligen Fragestellungen eignen. Die Forschergruppe aktualisiert diese bioinformatischen Analysen regelmäßig und macht diese über die Datenbank des Projekts (<http://www.orfeomecollaboration.org>) öffentlich zugänglich. Dort werden alle Informationen zu den jeweils abgedeckten Genen bereitgestellt, Wissenschaftler weltweit haben uneingeschränkten Zugang dazu.

„Die hohe Abdeckung des menschlichen Erbguts, kombiniert mit den vielseitigen Einsatzmöglichkeiten sowie dem freien Zugang zu der Sammlung macht sie zu einer einzigartigen und wertvollen Ressource für die wissenschaftliche Gemeinschaft. Sie hat das Potenzial, einen großen Beitrag dazu zu leisten, zahlreiche Krankheitsverläufe aufzuklären und damit neue Therapiemöglichkeiten zu entwickeln“, so Stefan Wiemann.

Originaltitel der Publikation:

The ORFeome Collaboration: A genome-scale human ORF-clone resource. Wiemann *et al.* *Nature Methods* 13, 191–192 (2016) doi:10.1038/nmeth.3776 Online-Veröffentlichung: 25. Februar 2016

e:Med hat zum Ziel, die Systemmedizin in Deutschland zu etablieren. Um verbesserte Prävention, umfassendere Diagnostik und individuell angepasste Therapieschemata in der individualisierten Medizin zu ermöglichen, forciert e:Med die systemorientierte Erforschung von Krankheiten. Es bringt exzellente Wissenschaftler mit molekulargenetischer, klinischer, mathematischer und informatischer Expertise zusammen mit dem Ziel, die Forschungserfolge rasch den Patienten zugutekommen zu lassen. Dabei spielt besonders die elektronische Prozessierung (e:Med), also die computergestützte Archivierung, Analyse und Integration der Daten eine wichtige Rolle. Das deutschlandweite Forschungs- und Förderkonzept wird durch das Bundesministerium für Bildung und Forschung (BMBF) seit Ende 2013 gefördert. www.sys-med.de

Das **Nationale Genomforschungsnetz** wurde 2001 gegründet und bis 2013 im Rahmen des Programms der Medizinischen Genomforschung vom Bundesministerium für Bildung und Forschung gefördert. www.ngfn.de

Für weitere Informationen stehen zur Verfügung:

Prof. Dr. Stefan Wiemann

Abteilung Molekulare Genomanalyse (B050)
Deutsches Krebsforschungszentrum (DKFZ)
Im Neuenheimer Feld 580, 69120 Heidelberg
Tel.: 06221 42-4702
Fax: 06221 42-3454
E-Mail: s.wiemann@dkfz.de
Internet: www.dkfz.de

Pressekontakt e:Med

Dr. Johanna Lampert, Dr. Silke Argo
e:Med Geschäftsstelle
c/o Deutsches Krebsforschungszentrum, V025
Im Neuenheimer Feld 581, 69120 Heidelberg
Tel.: 06221 42-4743
Fax: 06221 42-4651
E-Mail: s.argo@dkfz.de
Internet: www.sys-med.de