



Präziserer Blick auf die Entstehung von Krankheiten

Neues Verfahren zur Untersuchung epigenetischer Informationen an lebenden Zellen

Der Forschungsgruppe von Prof. Albert Jeltsch am Institut für Biochemie und Technische Biochemie der Universität Stuttgart ist es erstmals gelungen, epigenetische Informationen des Erbguts an lebendigen Zellen auszulesen. Dies wird es ermöglichen, die Entstehung von Krankheiten und andere biologische Entwicklungsprozesse besser zu verstehen und neue Therapieansätze zu entwickeln. Über die Arbeit berichtete die Fachzeitschrift Nature Communications.

Epigenetische Information besteht aus chemischen Veränderungen, die der DNA und den diese umgebenden Proteinen an definierten Positionen angehängt werden. Sie beeinflussen die Entwicklung von vielzelligen Organismen und sind wesentlich an der Entstehung von

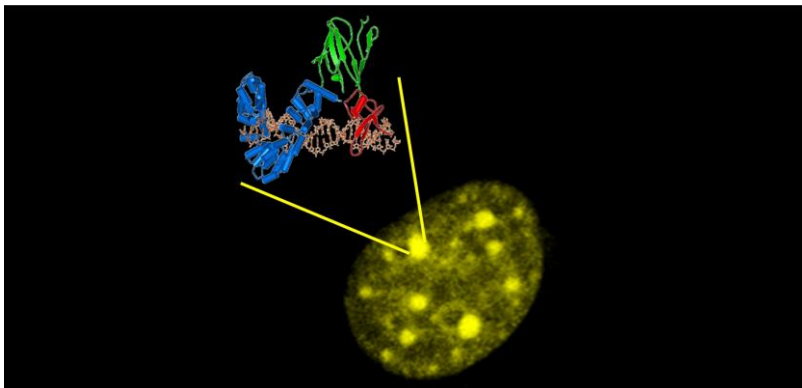
Hochschulkommunikation

Leiter Hochschulkommunikation und Pressesprecher
Dr. Hans-Herwig Geyer

Kontakt
T 0711 685-82555

Ansprechpartnerin
Andrea Mayer-Grenu

Kontakt
T 0711 685-82176
F 0711 685-82291
hkom@uni-stuttgart.de
www.uni-stuttgart.de



Zellkern einer menschlichen Zelle mit den Komponenten des Detektionssystems. Die gelben Punkte zeigen DNA-Methylierung an den untersuchten Regionen des Genoms an. Im oberen Teil des Bildes ist das Detektorsystem schematisch dargestellt.

Abbildung: Universität Stuttgart / IBTB

Krankheiten beteiligt. Wenn man die epigenetischen Informationen kennt, kann man erklären, warum verschiedene Zellen sich trotz



gleichem Genom unterschiedlich verhalten und, so die Hoffnung, diese Prozesse beeinflussen.

Bisher konnte die Veränderung epigenetischer Informationen jedoch nur in mehreren Stufen an Zellproben untersucht werden, die dabei zerstört wurden. Dies ist deshalb von Nachteil, weil so Entwicklungsprozesse nur punktuell erfasst werden und die einzelnen Zellproben zudem unterschiedliche Merkmale aufweisen können.

Mit der von der Gruppe um Professor Jeltsch entwickelten Methode zur Analyse epigenetischer Informationen an lebenden Zellen sind nun erstmals durchgehende Untersuchungen an derselben Zelle möglich. Das Verfahren beruht auf der spezifischen Bindung von Ankermolekülen im Genom, kombiniert mit der Erkennung von epigenetischen Signalen durch Lesepoteine. Wenn diese Signale an einem bestimmten Ort vorhanden sind, binden beide Elemente dicht beieinander. Es kommt zur Aktivierung eines Fluoreszenzproteins, das in entsprechenden Fluoreszenzmikroskopen aufgespürt werden kann.

„Mit der neuen Methode können Entwicklungsprozesse in Zellen über längere Zeiträume und in verschiedenen Zellbereichen deutlich präziser beobachtet werden“, erklärt Jeltsch. „Dies eröffnet neue Möglichkeiten, die Reprogrammierung von epigenetischer Information während der Entwicklung von Organismen und auch bei der Entstehung von Krankheiten zu verfolgen.“ Profitieren könnte davon neben der Grundlagenforschung zum Beispiel die Tumorthherapie.

Originalpublikation: Cristiana Lungu, Sabine Pinter, Julian Broche, Philipp Rathert, Albert Jeltsch, Nature Communications 2017 Sep 21;8(1):649. Modular fluorescence complementation sensors for live cell detection of epigenetic signals at endogenous genomic sites, [doi 10.1038/s41467-017-00457-z](https://doi.org/10.1038/s41467-017-00457-z)

Kontakt:

Prof. Albert Jeltsch, Universität Stuttgart, Institut für Biochemie und Technische Biochemie, Tel. +49 711 685 64390, E-Mail: albert.jeltsch@ibc.uni-stuttgart.de