



„weniger Gene als bislang angenommen“ – so lautete im Februar 2001 die Schlagzeile eines Nachrichtenmagazins, nachdem Wissenschaftler die vollständige Sequenzierung des menschlichen Genoms verkündet hatten. Der Artikel enthüllte, dass „entgegen den bisherigen Annahmen das menschliche Genom nicht aus 60.000 bis 100.000 Genen besteht, sondern lediglich etwa doppelt so viele Gene aufweist wie das Genom der kleinen Fruchtfliege *Drosophila*“. 13.000 Gene haben die

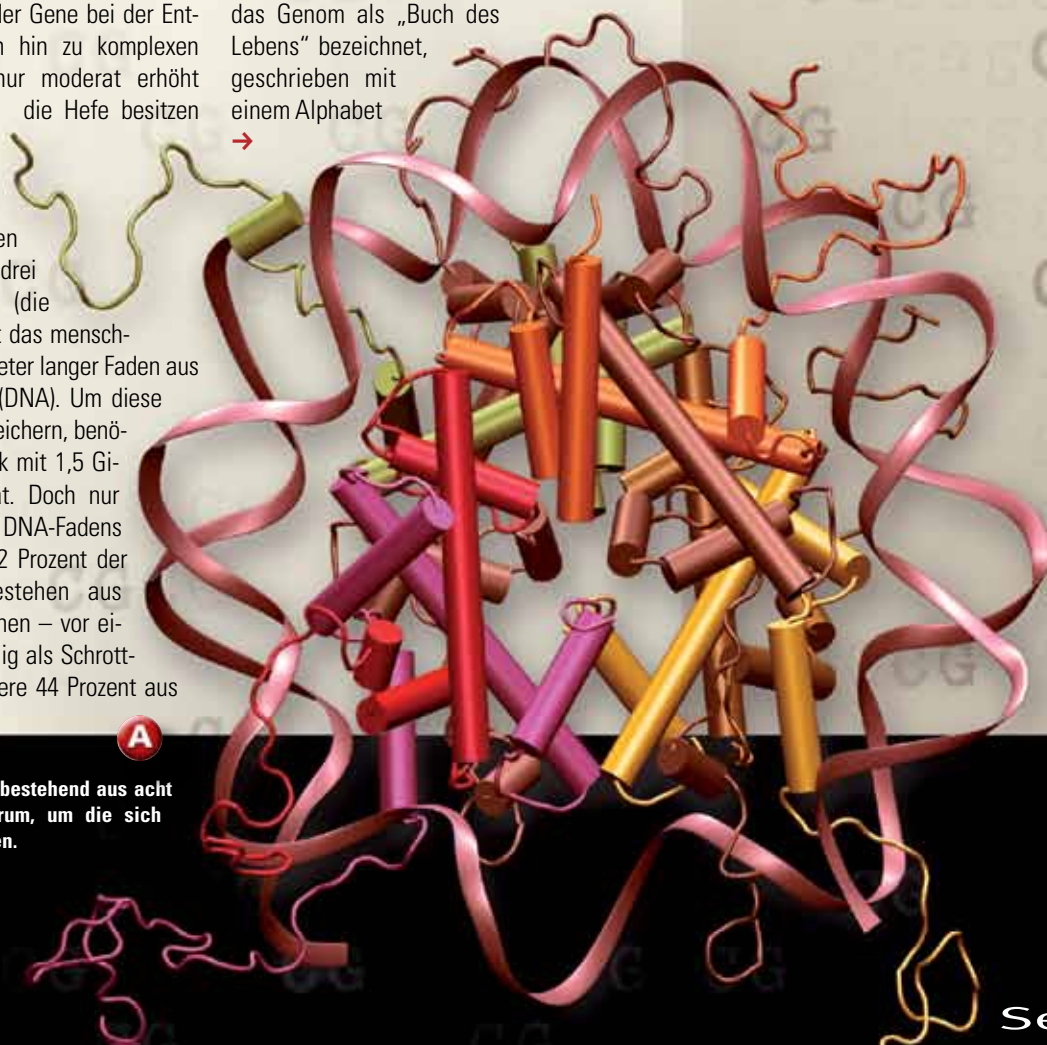
repetitiven Elementen (sich wiederholende Buchstabenfolgen). Ein Großteil dieser Sequenzabschnitte sind genetische Eindringlinge: Gene bzw. Genfragmente, die von Viren stammen und sich im Laufe der Evolution in unser Genom eingeschlichen haben. Darüber hinaus haben die Wissenschaftler in den vergangenen Jahren festgestellt, dass manche DNA-Abschnitte auch für kleine RNA-Moleküle kodieren, die regulatorische Aufgaben in der Zelle übernehmen.

Epigenetik – Vererbung ist mehr als die Summe der Gene

Wissenschaftler bei *Drosophila* gezählt, etwa 25.000 sind es beim Menschen – und übrigens auch bei der Maus.

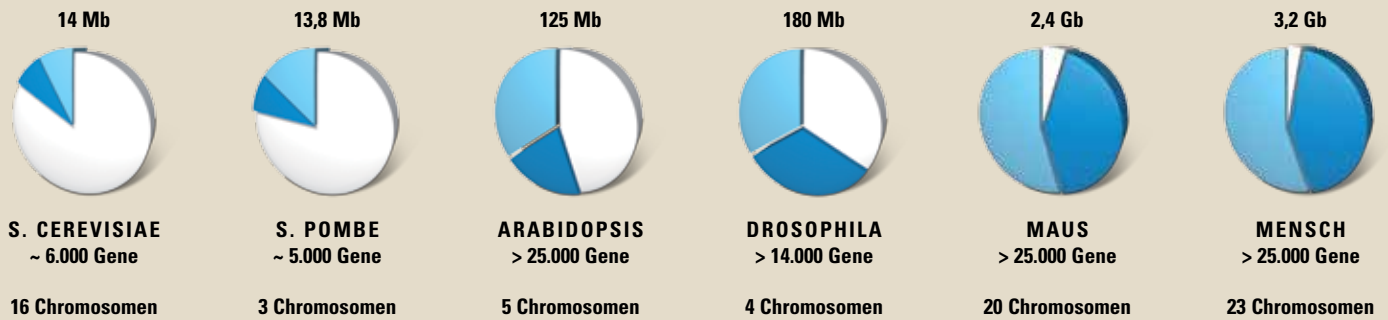
Während sich die Zahl der Gene bei der Entwicklung von einfachen hin zu komplexen Organismen offenbar nur moderat erhöht hat (schon Einzeller wie die Hefe besitzen zwischen 5000 und 6000 Gene), ist die Genomgröße gleich um das 300fache angewachsen (**Abb. B**)! Unglaubliche drei Milliarden Buchstaben (die Nucleotidbasen) umfasst das menschliche Genom, ein zwei Meter langer Faden aus Desoxyribonukleinsäure (DNA). Um diese Buchstabenfolge abzuspeichern, benötigt man einen USB-Stick mit 1,5 Gigabyte Speicherkapazität. Doch nur ganze vier Prozent des DNA-Fadens kodieren für Proteine. 52 Prozent der menschlichen DNA bestehen aus nicht-kodierenden Regionen – vor einigen Jahren noch abfällig als SchrottdNA bezeichnet –, weitere 44 Prozent aus

Damit hatte keiner gerechnet: Mehr als vier Jahrzehnte lang galten Protein-kodierende Gene als die eigentlichen Bewahrer der genetischen Information. Nicht umsonst wurde das Genom als „Buch des Lebens“ bezeichnet, geschrieben mit einem Alphabet



A

► Nucleosomen-Spindel bestehend aus acht Histon-Proteinen im Zentrum, um die sich zwei DNA-Schleifen winden.



- kodierender Bereich
- nicht kodierende Bereiche
- repetitive Elemente

▲ Die Tortendiagramme zeigen die Genomorganisation in verschiedenen Organismen. Der Anstieg in der Genomgröße (von 14 Megabasen bei der Hefe auf 3,2 Gigabasen beim Menschen) korreliert mit der ungeheuren Zunahme an nicht-kodierenden sowie repetitiven DNA-Sequenzen bei komplexen vielzelligen Organismen.

© nach: Allis, Jenuwein, Reinberg, Epigenetics, Cold Spring Harbor Laboratory Press 2007

B

→ aus vier Buchstaben – den vier Basen Adenin, Guanin, Cytosin und Thymin. Gene waren Schicksal: Sie sollten Aussehen, Persönlichkeit und Krankheitsrisiken bestimmen. Doch offenbar können die Kapitel im „Buch des Lebens“ unterschiedlich interpretiert werden, sind die in der DNA gespeicherten Informationen keine 1:1 Blaupause für den Organismus. Vielmehr bedarf es kleiner chemischer Markierungen, um bestimmte genetische Abschnitte – quasi wie mit einem „bookmark“ – als lesenswert zu markieren, durch Verweise auf weiter entfernt liegende Abschnitte in neue Zusammenhänge zu bringen oder dem Zugriff der Übersetzungsmaschinerie durch eine Art „Passwortschutz“ zu entziehen.

Das Ganze darf man wohl als Informationsmanagement bezeichnen. Angesichts der ungeheuren Größe und Komplexität des Genoms höherer Organismen eine absolute Notwendigkeit – aber auch Grundlage für Weiterentwicklung: Schließlich müssen bei höher entwickelten Organismen zig verschiedene Zelltypen koordiniert und aufrechterhalten werden. Derzeit arbeiten die Forscher intensiv daran, die biochemischen Grundlagen dieser epigenetischen Steuerung zu enthüllen. Einer der Regelvorgänge, so hat sich herausgestellt, setzt am „Verpackungsmaterial“ der DNA an. Nur durch geschickte Verpackung ist es überhaupt möglich, den zwei Meter langen DNA-Faden im Zellkern unterzubringen. Dazu wird der Faden wie bei einer Spule um Millionen von Proteinen, die **Histone**, herumgewickelt und diese dann perlchnurartig aneinander gereiht (**Abb. C**). So wird die DNA 10.000fach komprimiert. Die „Perlen“, **Nucleosomen** genannt, bestehen jeweils aus einem Komplex von acht Histonproteinen und einem 147 Basenpaare

langen doppelsträngigen DNA-Stück. Aufgrund ihrer grundlegenden Funktion beim Packen der DNA gehören Histone zu den am stärksten konservierten Proteinen überhaupt, d.h. sie sind über weite Strecken der Evolution nahezu unverändert geblieben: So unterscheidet sich das Histonprotein H4 von Erbse und Kuh in nur zwei der 102 Aminosäure-Positionen.

Die eingangs erwähnten, kleinen chemischen Markierungen sitzen an Proteinschwänzen der Histone und ragen aus den „Nucleosom-Spulen“ heraus. Sie kontrollieren zahlreiche Eigenschaften des **Chromatins**, jenes DNA-Protein-Komplexes, aus dem die Chromosomen bestehen. Damit Enzyme die Erbgut-Informationen lesen und abschreiben können, muss die betreffende DNA-Region für sie zugänglich sein. Zugang finden sie jedoch nur, wenn die Erbsubstanz – beispielsweise durch Acetylierung dieser Histonchwänze – in lockerer Form als sogenanntes **Euchromatin** vorliegt. Die zusätzlich angehängten Acetylgruppen heben nämlich die positiven Ladungen der Histonchwänze auf. So können die negativ geladenen DNA-Moleküle nicht mehr hinreichend neutralisiert werden; es kommt zu einer Destabilisierung der Chromatinstruktur. Auch eine Phosphorylierung der Histonchwänze verändert durch zusätzliche negative Ladungen den Packungszustand des Chromatins und erleichtert das Ablesen bestimmter DNA-Regionen.

Durch Reduktion der Acetylgruppen oder auch durch eine Methylierung der Histone nimmt dagegen die Packungsdichte des Chromatins zu. Damit sinkt die Wahrscheinlichkeit, dass eine DNA-Sequenz abgelesen werden und so ihre Funktion ausüben kann. Die Forscher bezeichnen solche Bereiche als

Heterochromatin. In einer typischen Säugerzelle liegen etwa zehn Prozent des Genoms dauerhaft als Heterochromatin vor (konstitutives Heterochromatin). Besonders konzentriert findet es sich im Bereich der Telomere (die „Schutzkappen“ an den Chromosomenenden) und der Centromere, wo es eine wichtige Rolle bei der Trennung der Chromosomen während der Zellteilung spielt. Indem die Zelle bestimmte genetische Abschnitte in Heterochromatin verpackt, kann sie diese „stilllegen“ und somit ihr Genom beispielsweise gegen die Übernahme durch „parasitäre“ mobile Elemente (sogenannte **Transposons**) schützen. Sie kann aber auch gerade nicht benötigte Gene, die in anderen Zelltypen durchaus aktiv sein können, auf diese Weise epigenetisch ausschalten.

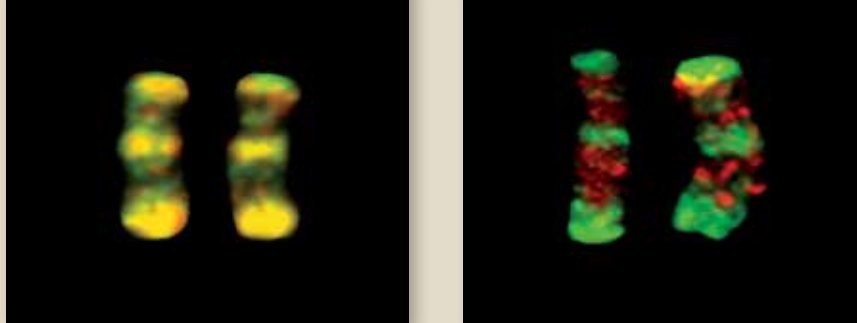
EIN CODE JENSEITS DER DNA

Das Repertoire an Möglichkeiten ist groß, um Histone zu verändern. Richtig wirksam werden sie offenbar aber erst in Kombination. Das haben Wissenschaftler um Silke Sperling vom Max-Planck-Institut für molekulare Genetik in Berlin festgestellt. Sie untersuchten die Kombinationsmöglichkeiten vier verschiedener Histonmodifikationen an bestimmten Positionen im Genom von Herz- und Skelettmuskelzellen: „Und was wir herausgefunden haben, ist, dass die Kombination von Veränderungen darüber entscheidet, wann und wie stark ein Gen abgelesen wird“, sagt die Molekularbiologin. Tatsächlich war der Einfluss bestimmter Kombinationen auf die Transkriptionsrate eines Gens höher als die Summe der Effekte jeder einzelnen Veränderung. Die chemischen Markierungen auf der „Histon-Verpackung“ sind also möglicherweise eine Art Code, der kontextabhängig ausgelesen wird und die Umsetzung der Erbinformation steuert.

Auf diese Weise wird letztlich der genetische „Basiscode“ erweitert – die Vielfalt der Expressionsmuster nimmt zu.

Da sich epigenetische Signaturen viel leichter ändern lassen als die zugrunde liegende DNA-Sequenz, eröffnet sich damit ein Weg, um auf Umweltänderungen und -einflüsse zu reagieren. Dass die Umwelt ebenfalls epigenetische Veränderungen anregen kann, wissen die Forscher aus verschiedenen Studien. Und deshalb unterscheiden sich Menschen auch häufig in den Mustern der Genaktivität und damit eben in ihren Eigenschaften, selbst wenn sie über exakt die gleichen Gene verfügen, wie beispielsweise eineiige Zwillinge. Zwillingsstudien bieten Forschern die einmalige Gelegenheit, der heiß diskutierten Frage nachzugehen: Wer hat mehr Einfluss? Gene oder Umwelt? Vermutlich ist es wie so oft im Leben – die Welt ist eben nicht schwarz oder weiß, sondern präsentiert sich in verschiedenen Grautönen, soll heißen: Gene und Umwelt wirken zusammen.

Wissenschaftler vom Nationalen Spanischen Krebszentrum in Madrid haben das DNA-Methylierungsmuster eineiiger Zwillinge im Alter zwischen drei und 74 Jahren untersucht. Die Methylierung von Cytosin-Bausteinen der DNA (**Kasten, Seite 4**) scheint bei Wirbeltieren ein wichtiger epigenetischer Mechanismus zur Unterscheidung von aktiven und in-



▲ **Verschiedene Gene auf einem Chromosom können im Laufe des Lebens durch Methylierung abgeschaltet werden. Bei einem 50-jährigen Zwillingpaar (rechts) treten daher deutliche Änderungen im DNA-Methylierungsmuster von Chromosom 12 auf, zu erkennen an den grünen und roten Signalen, die Über- bzw. Untermethylierung anzeigen. Dagegen sieht das Methylierungsmuster bei dreijährigen Zwillingen (links) noch fast gleich aus, wie man an der gelben Färbung erkennen kann, die aufgrund des gleichen Anteils grüner und roter Signale zustande kommt.**



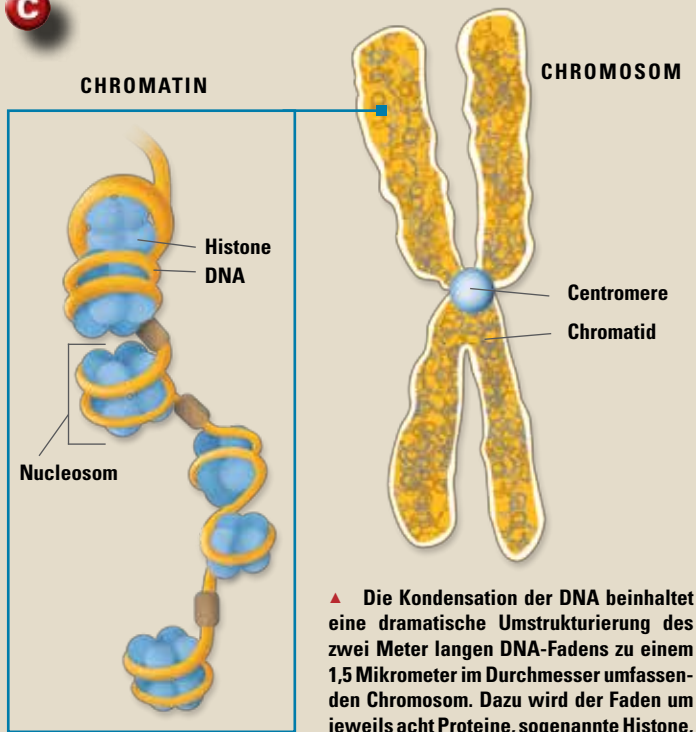
aktiven Genen zu sein. Ist die DNA methyliert, so ermöglicht das die Bindung bestimmter Proteine, die durch eine weitere Änderung der Chromatinstruktur die entsprechenden Gene komplett ausschalten (*Silencing*). In der Studie der spanischen Forscher zeigte etwa ein Drittel der untersuchten Zwillingspaare deutliche Unterschiede in ihrem DNA-Methylierungsmuster, die mit verschiedenen Umwelteinflüssen (Ernährung, körperliche Aktivität etc.) korrelierten (**Abb. D**). Während bei den Jüngsten die Gene noch nahezu gleich „tickten“, nahmen die Differenzen mit steigendem Lebensalter immer mehr zu: Bei älteren Zwillingen traten die epigenetischen Unterschiede fast viermal so häufig auf. Als besonders eigen erwiesen sich jene Pärchen, die schon früh getrennte Wege gegangen waren.

Zellen schnell nach oben. Solche Experimente werfen die Frage auf, ob epigenetische Änderungen möglicherweise das genetische Chaos beschleunigen, ja vielleicht sogar in Gang setzen, das mit Krebserkrankungen einhergeht.

LANDKARTEN FÜR DAS ERBGUT

Tumorzellen tragen nämlich oft zu wenige Methylgruppen am Genom insgesamt, an bestimmten Stellen jedoch wiederum zu viele. Gene für wichtige Reparaturenzyme oder Schutzmechanismen werden so epigenetisch ausgeschaltet. Möglicherweise ergeben sich aber genau daraus auch neue Ansätze in der Krebstherapie. Während Zellen ihre DNA mit hohem Aufwand vor Mutationen schützen, werden epigenetische Markierungen nämlich ständig neu gesetzt oder entfernt. Im Prinzip ließen sich daher Medikamente entwickeln, die ganze Gruppen von Genen über epigenetische Effekte wieder an- oder abschalten.

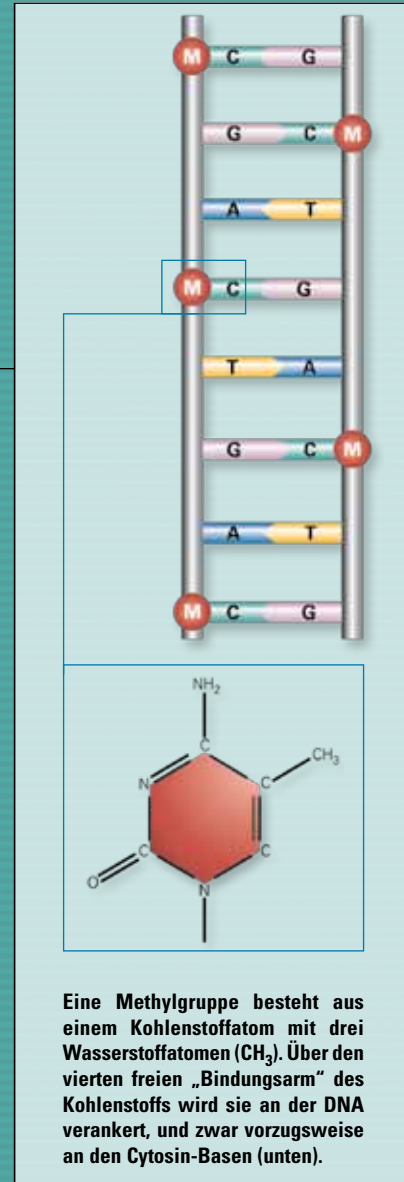
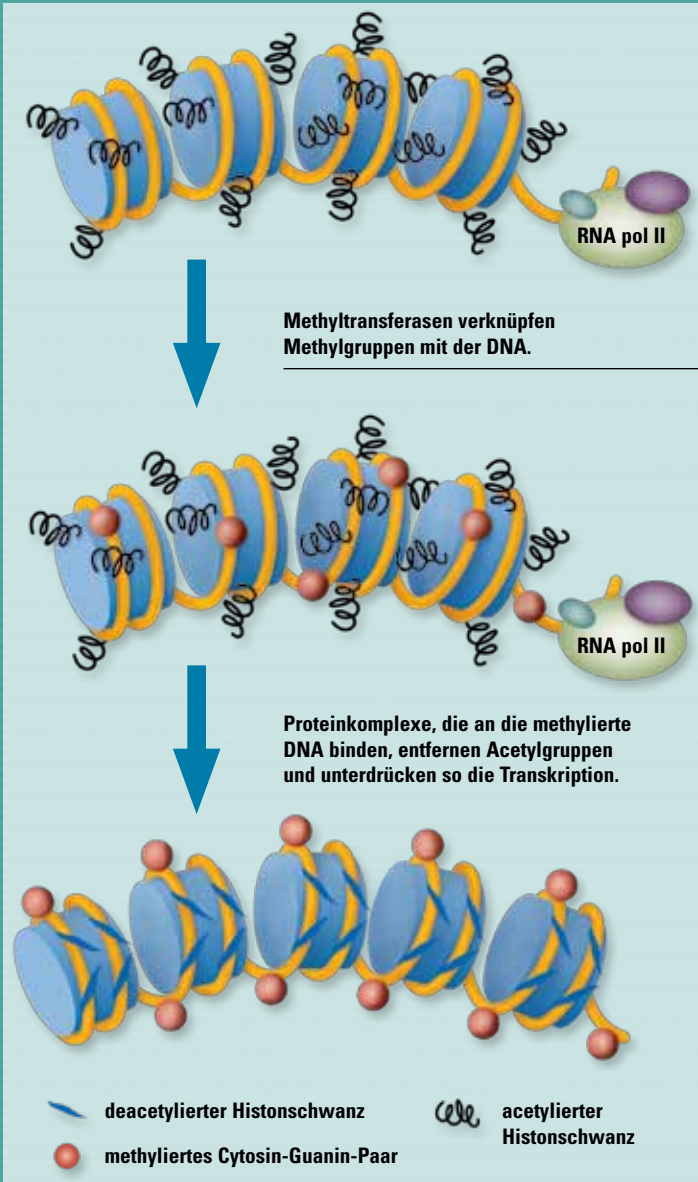
Dazu benötigen die Forscher jedoch eine „epigenetische Landkarte“ des menschlichen Erbguts. Wissenschaftler um Christoph Bock vom Max-Planck-Institut für Informatik in Saarbrücken haben deshalb eine Software entwickelt, mit der sie die Verteilung der Methylgruppen im Erbgut von Zellen vorher sagen können. Dabei hilft ihnen die Tatsache, dass bei Wirbeltieren die DNA-Methylierung auf Cytosin-Bausteine in Bereichen mit einem deutlich erhöhten Anteil von Cytosin-Guanin-Sequenzen beschränkt ist. Diese sind sehr ungleich im Genom verteilt: Sie konzentrieren sich mit einer im Vergleich zum Durchschnitt 10 bis 20fach höheren Dichte in bestimmten Abschnitten von 1000 bis 2000 Nucleotiden Länge, den sogenannte CpG-Inseln. Mehr als drei Viertel aller mensch-



▲ **Die Kondensation der DNA beinhaltet eine dramatische Umstrukturierung des zwei Meter langen DNA-Fadens zu einem 1,5 Mikrometer im Durchmesser umfassenden Chromosom. Dazu wird der Faden um jeweils acht Proteine, sogenannte Histone, herumgewickelt und diese Nucleosomen dann perlschnurartig aneinander gereiht.**



EIN EPIGENETISCHER MECHANISMUS FÜR DIE UNTERDRÜCKUNG DER TRANSKRIPTION (SILENCING)



© nach: Environmental Health Perspectives, 2006

→ lichen Gene haben CpG-Inseln in ihren Startbereichen. Eine Veränderung innerhalb dieser Inseln kann dazu führen, dass das zugehörige Gen nicht mehr abgelesen wird. Durch den Vergleich der DNA-Methylierungsmuster von gesunden Zellen mit denen von Krebszellen können die Max-Planck-Informatiker jene Muster identifizieren, die für Krebszellen typisch sind. Damit helfen sie nicht nur Medizinern bei der Diagnose, sondern stoßen möglicherweise auch auf neue Angriffstellen für Medikamente.

Ein weiterer wichtiger Aspekt der DNA-Methylierung ist, dass sie während der DNA-Replikation, d.h. bei der Verdoppelung

der Chromosomen in der teilungsbereiten Zelle, originalgetreu kopiert werden kann. Epigenetische Informationen können also von einer Zellgeneration an die nächste weitergegeben werden. Und was bedeutet das? In einem Beitrag des BBC-Fernsehens hieß es dazu: „Im Herzen dieses neuen Forschungsfeldes steckt eine einfache, aber umstrittene Idee – dass Gene nämlich ein „Gedächtnis“ haben. Dass das Leben deiner Großeltern – die Luft, die sie geatmet haben, das Essen, das sie gegessen haben – dich direkt beeinflusst, und zwar noch Jahrzehnte später, obwohl du selber diese Dinge nie erfahren hast.“ Das wäre wirklich ein Paradigmenwechsel!

Schlagwörter: Histone, Nucleosom, Euchromatin, Heterochromatin, Transposon, DNA-Methylierung

Leser-Tipp: Spektrum Highlights: Gene und Umwelt – wie wir werden, was wir sind, 2016

Hör-Tipp: Bayern 2 – radioWissen: Epigenetik – Das Gedächtnis des Erbguts <http://www.br.de/radio/bayern2/wissen/radiowissen/epigenetik-erbgut-gene-100.html>

WWW.MAXWISSEN.DE

– der Link zur Forschung für Schüler und Lehrer

Hier finden Sie Hintergrundinformationen und didaktisches Material zu den jeweils zweimal im Jahr erscheinenden Ausgaben von BIOMAX, GEOMAX und TECHMAX. Weitere Exemplare können Sie kostenlos bestellen bei: