

—*Neues aus der Welt der Wissenschaft*—

[ORF ON Science](#) : [News](#) : [Leben](#)

## Entzifferung des menschlichen Erbguts abgeschlossen

Die Entzifferung des menschlichen Erbguts ist nach 15 Jahren Arbeit praktisch abgeschlossen. Die öffentlich finanzierten Forscher der internationalen Human-Genom-Organisation (HUGO) haben die endgültige Version der Abfolge aller rund drei Milliarden Bausteine des Erbguts in ihren Datenbanken gespeichert. Die Informationen stehen allen Interessierten frei zugänglich und kostenlos im Internet zur Verfügung.

Dies gab am Donnerstag Helmut Blöcker, Koordinator des Deutschen Humangenomprojekts, in Braunschweig bekannt. Die HUGO-Daten sind Grundlage für die Ende des Jahres im britischen Fachblatt "Nature" geplante Publikation der Ergebnisse und deren weitere Interpretation.

### Offizielle Vorstellung kommenden Montag in Washington

Die Daten sollen zusammen mit einer Erklärung der Regierungschefs der sechs beteiligten Staaten (USA, China, Deutschland, Japan, Großbritannien und Frankreich) am kommenden Montag (14. April) in Washington offiziell vorgestellt werden, ergänzte Helmut Blöcker.

In der gemeinsamen Stellungnahme soll es unter anderem heißen, von dieser Grundlage seien "revolutionäre Fortschritte" für die Biomedizin und das Wohlergehen der Menschheit zu erwarten. Wie das HUGO-Konsortium wollen auch die Regierungschefs betonen, dass die Sequenz kostenlos und für jedermann im Internet frei zur Verfügung steht.

### "Nach heutigem Stand der Technik fertig"

"Nach dem heutigen Stand der Technik sind wir fertig. Dies ist das Erreichen eines weiteren wichtigen Meilensteins in der Genomforschung", sagte Blöcker am Donnerstag weiter.

"Wir haben Wort gehalten und die Steuergelder so eingesetzt, dass wir die Sequenz sogar zwei Jahre früher als vorgesehen abgeschlossen haben."

### "Drastisch verbesserte Daten" seit erster Arbeitsversion

Seit der Veröffentlichung der ersten Arbeitsversion im Februar 2001 seien die Daten "drastisch verbessert" worden, ergänzte der Leiter der Abteilung für Genomanalyse an der Gesellschaft für biotechnologische Forschung (GBF).

In den vergangenen Monaten hätten die beteiligten Sequenzierungslabors die bereits gesammelten Daten vornehmlich "geputzt" und vervollständigt. "Wir haben jetzt eine sehr gute Datenbasis, mit der unsere Interpretationen verlässlicher werden", urteilte Blöcker.

### Einige Bereiche der DNA sind problematisch

Es ist indes schwer zu beziffern, ob das Genom nun zu 99,5, zu 99,8 oder zu 99,89 Prozent fertig gestellt ist.

Auf den 46 Chromosomen des Menschen gibt es einige Bereiche, besonders in ihrer Mitte (Centromere) und an ihren Enden (Telomere), die sich mit den herkömmlichen Sequenzierungstechniken nicht zuverlässig entziffern lassen.

Dies soll nachgeholt werden, sobald eine entsprechende Technik zur Verfügung steht. In diesen Abschnitten liegen laut Blöcker jedoch nur wenige Gene.

■ [Link zur Datenbank des menschlichen Genoms](#)

■ [Die HUGO-Homepage](#)

### Die ersten 420 Basen von Chromosom 1

Das menschliche Erbgut besteht aus rund 3,2 Milliarden Basenpaaren, die im Erbmaterial DNA (Desoxyribonukleinsäure) angeordnet sind. Die Buchstaben stehen für die vier chemischen Bausteine Guanin (G), Cytosin (C), Adenin (A) und Thymin (T).

Und dies sind die ersten 420 Basen von Chromosom 1, wie sie die Human-Genom-Organisation (HUGO) sequenziert hat:

```
GATCTACCAT GAAAGACTTG TGAATCCAGG AAGAGAGACT
GACTGGGCAA CATGTTATTC AGGTACAAAA AGATTTGGAC
TGTAACCTAA AAATGATCAA ATTATGTTTC CCATGCATCA
GGTGAATGG GAAGCTCTTC TGGAGAGTGA GAGAAGCTTC
CAGTTAAGGT GACATTGAAG CCAAGTCCTG AAAGATGAGG
AAGAGTTGTA TGAGAGTGGG GAGGGAAGGG GGAGGTGGAG
GGATGGGGAA TGGGCCGGGA TGGGATAGCG CAAACTGCC
GGGAAGGGAA ACCAGCACTG TACAGACCTG AACACGAAG
ATGGCATATT TTGTTAGGG AATGGTGAAT TAAGTGTGGC
AGGAATGCTT TGTAGACACA GTAATTTGCT TGTATGGAAT
TTTGCCTGAG AGACCTCATT
```

### Abschluss im DNA-Jubiläumsjahr

Der Abschluss der Sequenzierung fällt ins Jubiläumsjahr des Erbmaterials DNA (Desoxyribonukleinsäure). Am 25. April 1953 hatten James Watson und Francis Crick im britischen Fachblatt "Nature" die entscheidende Beschreibung der DNA-Doppelhelix veröffentlicht.

■ [DNA-Doppel-Helix: Ein Draht-Modell feiert Geburtstag](#)

■ [Die Aufklärung der DNA-Struktur - 50 Jahre danach](#)

### Ergebnisse kostenlos im Internet

Die Ergebnisse von HUGO standen und stehen von Beginn an im Internet jedermann kostenlos zur Verfügung. Davon profitieren sollen besonders Patienten, Mediziner und die Pharmaindustrie.

Forscher hoffen, mit Hilfe der Gene und Proteine die Vorgänge im Körper zu verstehen und so die Ursachen für Herz-, Kreislauf- und Immunkrankheiten zu klären.

Mit diesem Wissen wollen sie etwa maßgeschneiderte Medikamente schaffen, die spezifisch auf das Erbgut des einzelnen Patienten abgestimmt sind und wenige oder gar keine Nebenwirkungen haben.

### Der nächste Schritt: Proteomics

Die schwierigste Arbeit wird allerdings erst jetzt beginnen:

Es gilt nämlich, den Sinn der rund drei Milliarden Bausteine des Genoms auch zu erkennen. Derzeit stehen diese Buchstaben lediglich in einer langen Reihe hintereinander im Computer.

Mit Hilfe dieser genetischen Grundlagen fertigt die Zelle allerdings Proteine - erst damit formt der Körper letztlich Muskeln und Gehirn, steuert das Wachstum, leitet die Nervenimpulse. Dieses fein gewobene "Netzwerk des Lebens" gilt es zu entwirren.

Mehr dazu: [Von HUGO zu HUPO](#) und [Proteom-Forschung](#)

Mehr rund um die DNA im [science.ORF.at](#)-Archiv:

■ [Was kommt danach? ENCODE - genetischer Enzyklopädismus](#)

■ ["Kranke Gene": Chancen und Risiken von Gentests](#)

■ [Verhaltensgenetik: Juwelen im "biologischen Abfall"](#)

[ORF ON Science](#) : [News](#) : [Leben](#)

[hal8999](#) | 14.04, 09:52

**@sensortimecom | 13.04, 13:30 : Zugriffe - Verstreichzeit**

Als Nicht-Biologe fehlen mir sicher die Fachtermini, aber ich habe den Begriff "Zugriff" so verstanden, das eine kybernetische Macht sich zur Produktion eines Proteins für jedes einzelne Proteinmolekül erneut das "Rezept" von der entsprechenden Gensequenz holen muss.

Viel Proteinbedarf = viele Zugriffe

Die Produktion selbst geht zwar vermutlich sehr schnell, kostet aber Zeit. Das mit den Verstreichzeiten habe ich noch nicht restlos verstanden; aber so ist das nunmal, wenn eine Idee so gut ist, dass sie patentiert wird. ■

[hal8999](#) | 14.04, 12:09

**@allthegoodnamesaregone | 11.04, 16:03 : Gleichnisse in Ehren...**

...Laien brauchen nunmal Bilder, wo ihnen Formeln nichts sagen. Aber wo siehst Du eine Ähnlichkeit zwischen einer Bibliothek und Deinem Lego-Baukasten? Die Gensequenzen der DNS sind nun einmal eben NICHT BAUSTEINE, sondern Bauanleitungen, vielleicht "Gussformen", Lochkarten, Schlüssel- Schlossbeziehungen; such's Dir aus - bloß keine Bauklötze bitte.

Da liegt vielleicht auch die Gefahr bei den Fachleuten: ein paar Gensequenzen kennen und dann glauben, das Ergebnis entspräche 100% dem Baukastenprinzip.

[wups](#) | 11.04, 10:07

**und wo**

is der teil, damit i mir a 40er wochst? ■

[crisp](#) | 11.04, 00:35

**hmmm**

Da ja jeder Mensch eine einzigartige Erbinformation hat, von wem ist denn überhaupt die jetzt ausgeschriebene? ■

[crisp](#) | 11.04, 00:35

**Zusatz**

eineiige Zwillinge ausgenommen

[hal8999](#) | 11.04, 11:57

**Der Vergleich mit der Bibliothek ...**

...ist warscheinlich das Wichtigste, was sich der Laie merken sollte. Bisher kennt man also die Zahl der Bände, ihre Position in den Regalen.

Ein namhafter schwedischer Forscher (ich glaube Mitochondrien-DNS-Spezialist) hat gefunden, dass die ANZAHL der Zugriffe auf die einzelnen Sequenzen (Bücher,Kapitel) das Alleinentscheidende ist. Ein identisches Gen mit vergleichbarer Aufgabe kann bei Mensch und Schimpanse wegen unterschiedlicher "Zugriffshäufigkeit" qualitativ den Unterschied ausmachen. Und das nicht nur in diesem Fall, sondern von Mensch zu Mensch, Zwilling zu Zwilling.

[allthegoodnamesaregone](#) | 11.04, 16:03

**@hal8999**

Sicher ein schöner Vergleich, aber dem Laien erklärt der auch nichts. Soll ich mir das Ergebnis von HUGO als Lego-Spiel mit Steinen aus Basensequenzen vorstellen?

[allthegoodnamesaregone](#) | 11.04, 16:03

**Richtigstellung:**

Zumindest MIR Laien erklärt der Vergleich nichts.

[hal8999](#) | 11.04, 20:43

**@allthegoodnamesaregone | 11.04, 16:03 : war als Dämpfung für die Euphorie gedacht....**

...bin selber Laie und mir stinkt bloß immer der übertriebene Ausblick auf die Zukunft. Es heißt doch nicht ORF-Science-Fiction.

Mein Posting war eigentlich der Versuch, dass mir jemand den Namen des erwähnten Schweden verklickert; schändlich, dass ich ihn vergessen habe.

[ipv6](#) | 13.04, 06:33

**> hal8999**

"verklickert"? bist du a pief, daß du so redest?

[sensortimecom](#) | 13.04, 13:30

**hal8999**

Hallo.

ANZAHL und ZEITLICHER ABSTAND der Zugriffe.

Ich vermute dies sehr stark, weil auch bei synaptischen Erkennungs-Prozessen im Gehirn Verstreichzeiten und Zeitmuster-Vergleich und Koinzidenz-Häufigkeit eine entscheidende Rolle spielen.

mfg Erich B. [www.sensortime.com](http://www.sensortime.com)

[hal8999](#) | 14.04, 09:35

**@ipv6 | 13.04, 06:33: auf's "ke" vom Piefke kommt es an**

Zunächstmal kann ich dich beruhigen : ich bin Auslandsösterreicher mit Abstammung aus Urfahr. Zur Überschrift solltest du wissen, dass die Endsilbe "ke" bei Norddeutschen Familiennamen auf die slawische Abstammung hinweist. Falls du Wiener bist, solltest du also recht vorsichtig sein (ich denke da an ein spezielles (Telefonbuch-)Lied von Peter Alexander. Könnte ja sein, dass der gewisse Piefke sich in Wien deshalb so daheim gefühlt hat.

[schmutzman](#) | 10.04, 21:29

### HUGO??

Naja, als gelernter Österreicher weiß man zumindest gleich, für wen die ganze Arbeit wohl war... Hoffentlich nicht für den besagten HUGO! \*g\*

[2controller](#) | 10.04, 17:14

### Definition einer Entzifferung, bitte.

Wie vom ORF nicht anders zu erwarten war, wird wiedereinander ein wissenschaftlicher Tatsachenbericht verfälscht. Wissenschaftliche Tatsache ist, daß das menschliche Erbgut quantitativ und unter Berücksichtigung der Sequenz aufgezeichnet wurde. Bedeutet eine Betrachtung fremder Schriftzeichen bereits eine Entzifferung? Klare und prägnante Antwort: In keinster Weise. Eine Entzifferung würde die Bedeutung der Basensequenzen zu der kodierten Proteinfunktion oder zumindest Raumstruktur in Bezug setzen, was aber in keinster Weise möglich ist. Ich schlage daher vor, den Nobelpreis für die Entzifferung des menschlichen Erbgutes in einer ausserordentlichen, dringlichen Zeremonie an den ORF-Redakteur zu verleihen, der sich in diesem Artikel wie kaum anders zu erwarten war, selbst disqualifiziert hat.

[dietmar13](#) | 11.04, 10:39

### konträr

"..., daß das menschliche Erbgut quantitativ und unter Berücksichtigung der Sequenz aufgezeichnet wurde."

dieses verstehe ich nicht.

'entziffern' ist wohl schon der richtige Ausdruck, da entziffern dem Vorgang der mit irgendwelchen Hilfsmitteln (Auge oder Sequenzierapparat) erfolgenden Umwandlung einer physikalisch(-chemischen) Entität (Druckerfarbe auf einem Papier oder Basen in der DNA) in Information (Buchstabe 'G' oder Base 'G', die einen bestimmten Informationsgehalt in der Genetik hat) entspricht. Das Wort, das sicher nicht paßt aber oft verwendet wird, ist Entschlüsseln, da die Sequenz von niemanden verschlüsselt wurde!

Die ORF-ON-Foren sind jedermann zugängliche, offene und demokratische Diskursplattformen. Bitte bleiben Sie sachlich und bemühen Sie sich um eine faire und freundliche Diskussions-Atmosphäre. Die Redaktion übernimmt keinerlei Verantwortung für den Inhalt der Beiträge, behält sich aber das Recht vor, krass unsachliche, rechtswidrige oder moralisch bedenkliche Beiträge zu löschen.



Übersicht: Alle ORF-Angebote auf einen Blick