

**Aktuell Wissen Mensch & Gene**

**Genomsequenzierungen**

Artikel-Services

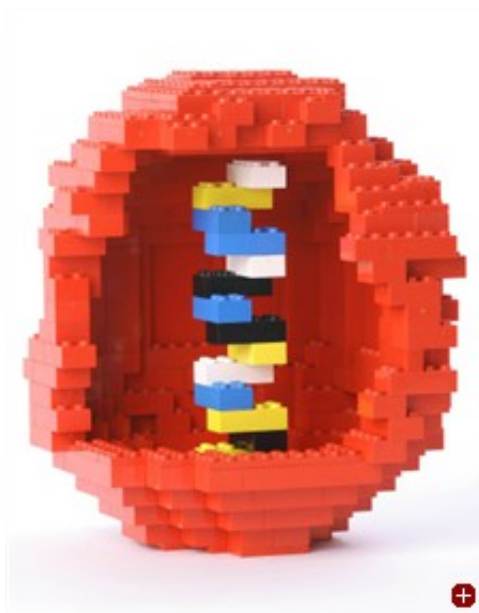
**Wissen**

[Weltraum](#)  
[Natur](#)  
[Erde](#)  
[Klima](#)

# Die tausend Spielarten des menschlichen Genoms

Die Zahl der komplett sequenzierten menschlichen Genome wächst rasch. Noch allerdings fehlt die systematische Verknüpfung der rasant wachsenden Datenmengen mit Krankengeschichten. Trotzdem enthält der Zwischenbericht des „1000 Genomes Projects“ schon aufschlussreiche Details.

Von Karin Hollricher



04. November 2010 Was macht den Menschen zum Menschen, und wie unterschiedlich sind zwei Menschen genetisch gesehen? Wie verlief unsere Evolution, welche Gene waren besonders nützlich und haben sich daher bis heute erhalten? Welche genetischen Veränderungen machen krank, welche bedeuten ein langes Leben? Antworten auf solche Fragen sind in der Erbsubstanz versteckt. Um sie finden zu können, müssen die Genome Tausender Individuen sequenziert, miteinander verglichen und interpretiert werden.

Zehn Jahre, nachdem eine erste Version des ersten menschlichen Genoms mit präsidialer Begleitung durch Bill Clinton und Tony Blair veröffentlicht wurde, hat nun ein internationales Konsortium von Wissenschaftlern einen ersten gigantischen Teildatensatz des „1000 Genomes Project“ in den Fachzeitschriften „Nature“ und „Science“ veröffentlicht. Beifall seitens der Politik blieb

So sieht es schon überschaubarer aus: Die symbolische Lego-Variante eines Genoms

diesmal aus. Vielleicht, weil inzwischen die Genome unzähliger Tiere, Pflanzen und Mikroorganismen sequenziert wurden und es für den Laien nur schwer zu erkennen ist, welche neuen Schlüsse der Fachmann daraus ziehen kann.

## 15 Millionen Snips

Startschuss für das 1000-Genom-Projekt war erst Ende 2008. Dank neuer, schnellerer und preiswerterer Sequenziertechnologien sind nun schon die Genomdaten von 179 anonymen Individuen aus Europa, Südasien, Westafrika und Amerika in der öffentlichen Datenbank der Projektpartner gespeichert. Außerdem wurden die Erbinformationen zweier Mutter-Vater-Kind-Familien sowie von mehr als achttausend ausgewählten Genbereichen in 697 Menschen aus alles in allem sieben verschiedenen Völkern sequenziert.

**Wissen**



**F.A.Z.-Blogs**

**Aktuell**

[Tierleben](#)  
[Mein Freund is Von Christina Hucklenbroich](#)

[Planckton](#)  
[Herbsträtsel - und Gewinner, aktualisiert](#)  
[Von Jochen Re](#)

[Alle Beiträge](#)

**FAZ.NET Service**

**Medikamente**

[Preisvergleich : Apotheken-Pro Apotheken im ' sparen.](#)

„Schon in diesem ersten Stadium hat das Projekt eine beachtliche Menge an Informationen erbracht“, sagt Richard Durbin vom britischen Wellcome Trust Sanger Institut in Hinxton. Gefunden wurden bisher 15 Millionen Veränderungen in einzelnen Basen („Snips“ – für Single-nucleotide polymorphisms), eine Million kleine Deletionen – also DNA-Verluste – und Insertionen – DNA-Einfügungen – sowie etliche Variationen in der Anzahl der Kopien von Genomabschnitten. „Die Mehrheit dieser Varianten, etwa acht Millionen, waren vorher unbekannt“, so Durbin. Demnach unterscheiden sich zwei Menschen, auch wenn ihre Genome fast identisch sind, doppelt so stark wie man bisher annahm.

#### Zum Thema

Synthetische Biologie:  
Leben vom Reißbrett

Individualisierte Medizin:  
Im Krankenhaus wird jetzt  
scharf geschossen

Genomsequenzierung: Seid  
entziffert, Milliarden

Fremde Mächte im Gehirn  
und Genom

Sequenzen überall:  
Stochern im Gensalat

Im Mittel trägt jede Person 250 bis 300 Mutationen, die die Funktion der betreffenden Gene beeinträchtigt, sowie 50 bis 100 Varianten in Genen, die bei Erbkrankheiten eine Rolle spielen. Aus den Eltern-Kind-Studien ergab sich, dass von einer zur nächsten Generation gut 60 neue Mutationen auftreten.

#### Einstweilen nicht mit Krankengeschichten verknüpft

Ganz plötzlich kommen die jetzt publizierten Daten indes nicht, denn von Anfang an wurden die Fortschritte öffentlich auf einer Internetseite dokumentiert und die Daten der Forschergemeinschaft zugänglich gemacht.

Jetzt, nach der Publikation, beginnt Durbin zufolge „die Produktionsphase“. Und die soll erst mit 2500 entschlüsselten Genomen beendet sein.

Ein Teil des menschlichen Genoms besteht aus vielfach verdoppelten DNA-Stücken, die man bisher kaum analysieren konnte, weil die Kopien einander sehr ähnlich sind. Immerhin hat die Gruppe von Evan Eichler an der University of Washington in Seattle es nun geschafft, eine Methode zu entwickeln, sogar fast identische Kopien zu unterscheiden und so rund siebzig Prozent der duplizierten Gene zu sequenzieren.

Kann man nun aus der gigantischen Datenmengen die Beteiligung bestimmter Gene an Krankheiten ablesen? Leider nicht, denn die Personen, die ihre DNA an das Konsortium spendeten, sind anonym und ihre Krankengeschichte wurde nicht dokumentiert. Auch wurden die bisher analysierten 179 Genome im Schnitt nur jeweils zwei- bis viermal sequenziert. Solche Datensätze sind noch fehler- und lückenhaft. Zwar sind sie ausreichend gut, um zu beschreiben, wie sehr sich zwei Populationen voneinander unterscheiden, doch zum Identifizieren seltener Variationen, die beispielsweise Krankheiten auslösen, sind sie ungeeignet. Dazu müssten die Genome oder zumindest die betreffenden Bereiche mindestens dreißigmal sequenziert worden sein. Daher auch wurden die ausgewählten kodierenden Genbereiche, die Exons, jeweils mehr als fünfzigmal dechiffriert.

#### 30 000 Genome sollen es 2011 sein

Trotz der technischen Schwierigkeiten und ihrer Unvollständigkeit sind die Datensätze doch für die Forschung überaus wertvoll, nämlich für Arbeitsgruppen, die mit Hilfe von Patientenkohorten Krankheitsgenen auf der Spur sind. „Obwohl das 1000-Genome-Projekt noch lange nicht abgeschlossen ist, wird schon jetzt deutlich, dass hier eine universelle Grundlage für alle folgenden, krankheitsorientierten Genomprojekte geschaffen wird“, sagt Ralf Sudbrak vom Max-Planck-Instituts für molekulare Genetik in Berlin und Projektleiter des deutschen Beitrages am Projekt. „Gegenwärtig befinden sich bereits

#### FAZ.NET-Tic

Mainz: Berechen  
andere ...

Dollar-Staatsanl  
Amerikas Geldpc

1:0 gegen Salon

„Ein ätzender Eir

Saarland: Ein Ja

#### Top-Theme

#### Wissenschaft

Lindberg Christe  
Kosmische Kollis  
Galaxien >

Weidemann, Chr  
Johann Joachim

#### NZZ Online

03.11.2010 00:0  
Schmutzige Aust

03.11.2010 00:0  
Kein Leben ohne

03.11.2010 00:0  
Der Ursprung de

#### FAZ.NET-Suc

FAZ.NET

F.A.Z. - Archiv

Suchbegriff

#### Top-Services



Aboservices



FAZ.NET-Mobil



Gatarife



Projekte in der Startphase, die auf der vergleichenden Genomsequenzierung ganzer Patientenkohorten basieren.“ So benutzte beispielsweise Jonathan Marchini, Statistiker an der Universität in Oxford, mit Kollegen die Daten für eine Metaanalyse von 20 Studien zum Raucherverhalten. Dabei entdeckten sie neue Zusammenhänge zwischen genetischen Varianten und Rauchgewohnheiten.

Wie rasant die Genomforschung voranschreitet, dokumentiert eine Umfrage von „Nature“ bei Experten. Demnach sollen weltweit bis Ende Oktober mehr als 2700 menschliche Genome mehr oder weniger vollständig, bis Ende 2011 über 30 000 Genome sequenziert worden sein. Der Harvard-Genomforscher George Church plant sogar längerfristig, die Genome von 100 000 Personen zu entziffern. Diese Menschen werden auch ihre Krankengeschichten hinterlegen, was es zwar nicht einfach machen, aber dennoch erleichtern wird, genetische Varianten und Erkrankungen einander zuzuordnen. Wie sagte Francis Collins unlängst, einer der Väter des Humangenomprojektes: „Nur die Zeit wird zeigen, wie weit uns die Macht der Genomforschung tragen wird. Ich wette jedenfalls, dass das Beste erst noch kommen wird.“

Text: F.A.Z.

Bildmaterial: DIETER RÜCHEL

### Lesermeinungen zum Beitrag [2]

[Beitrag kommentieren](#)

Rolle der Epigenetik? 04. November 2010, 11:35

Und wo ist Craig Venture? 04. November 2010, 09:00

[Drucken](#)

[Versenden](#)

[Speichern](#)

[Vorherige Seite](#)

[Kurz-Link](#)

[f](#) Teilen [t](#) Twitter



© Frankfurter Allgemeine Zeitung GmbH 2010.  
Alle Rechte vorbehalten.

Vervielfältigungs- und Nutzungsrechte erwerben



#### Verlagsinformation

Medikamente günstig einkaufen Preisvergleich für Medikamente und Apotheken-Produkte. Mehr als 90 Apotheken im Vergleich.

[Aktuell](#) > [Wissen](#) > [Mensch & Gene](#) > **Genomsequenzierungen**

[FAZ.NET-Impressum](#) [Die Redaktion](#) [Kodex](#) [Kontakt](#) [Sitemap](#) [Hilfe](#) [Nutzungsbedingungen](#) [Datens Mobil](#)

[Online-Werbung](#) [Anzeigen](#) [Leserportal](#) [Jobs bei der F.A.Z.](#) [Mehr über die F](#)

F.A.Z. Electronic Media GmbH 2001 - 2010 [Partner-Portal: NZZ Online](#)

[Newsletter](#)



[Routenplaner](#)



[Staumelder](#)



[TV-Programm](#)

### Mehr F.A.Z.

#### Updates

[Mobile](#)

[RSS](#)

[Newsletter](#)

#### Social Network

[Facebook](#)

[Twitter](#)