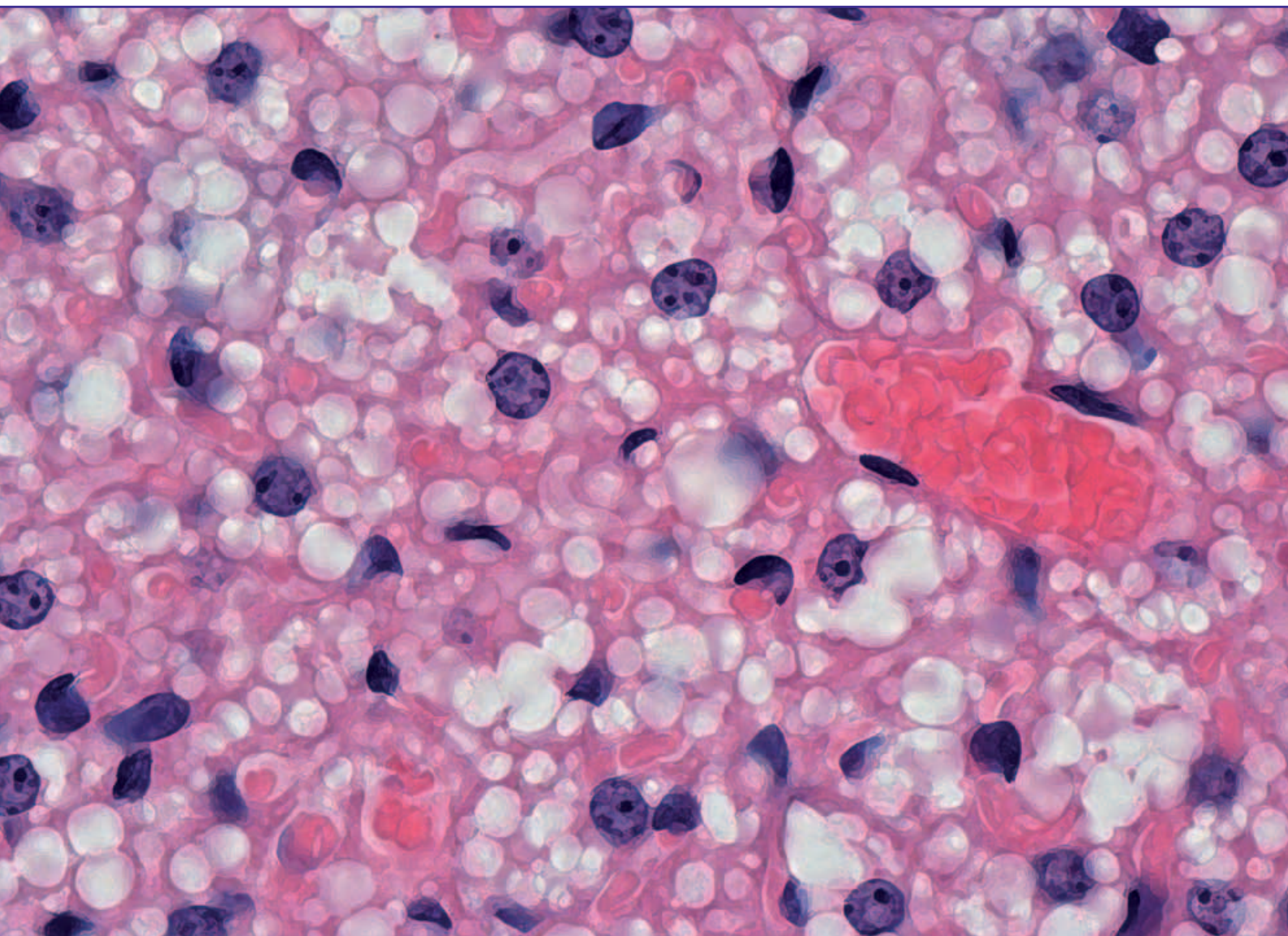


epigenetik

das neueste aus einem der wichtigsten forschungsgebiete unserer zeit



intro

Die Epigenetik ist ein Gebiet, das sich überwiegend mit Grundlagenforschung beschäftigt. Da erscheint es schon als Wagnis, wenn eine Fachgesellschaft, deren Mitglieder hauptsächlich Allgemeinmediziner und Pharmazeuten sind, ein eintägiges Meeting ganz diesem Thema widmet. Wirklich verblüffend ist aber, dass dieses Wagnis gelingt. Im September veranstaltete die Schweizer Gesellschaft für Anti-Aging Medizin und Prävention (SSAAMP) ihre Jahrestagung in Zürich. Das Thema: *„Epigenetik und Lebenserwartung – Faszinierende Erkenntnisse einer noch jungen Wissenschaft.“*

Noch vor fünf Jahren hätten die Ärzte und Apotheker vermutlich gelangweilt abgewunken. Doch inzwischen hat sich herumgesprochen, wie zukunftsweisend die Epigenetik ist. Das Interesse war jedenfalls riesig: Der Ballsaal des Dolder-Hotels fasst mindestens 400 Plätze – und alle waren besetzt. Doch nicht nur die aufmerksam lauschenden Zuhörer waren hinterher zufrieden. Auch die Referenten genossen es sichtlich, ihre Arbeit mal auf populäre Weise präsentieren zu dürfen, sie Menschen zu erklären, die keine Epigenetiker sind.

Roland Ballier, Präsident der SSAAMP war jedenfalls „hochzufrieden mit der äußerst spannenden und fachlich hochwertigen Veranstaltung“. Schon heute sei die Epigenetik aus der Medizin nicht



Foto: Manfred Witt

mehr wegzudenken. Und in Zukunft „wird sie uns sicher noch viele Überraschungen bescheren“. Dem muss ich hier natürlich hinzufügen: Lesen Sie weiter regelmäßig diesen Newsletter, und Sie werden zu den Ersten gehören, die sich überraschen lassen. |

Herzlich, Ihr Peter Spork

inhalt

grundlagenforschung 4

Speicheltest zur Altersbestimmung
 Epigenetik als Sprache zwischen Arten
 Klebestelle des „molekularen Leims“ gefunden
 Schlank machende Mikro-RNA
 Stress und seine epigenetischen Folgen
 Umwelteinfluss bei Pappel-Zwillingen
 Aktive Demethylierung
 Ungleicher Start ins Leben
 Den Kampf gegen Fettsucht früher beginnen

onkologie 8

Neuer Ansatz zur Behandlung von Leukämie
 Neue Form der Krebsfrüherkennung?
 Blasenkrebs wegen gestörter Epigenetik
 Gestörte Chromatinbiologie bei Lymphomen

wirtschaft & medien 9

Balzan Preis 2012 für Epigenetik
 „Epigenetik wird Rezept für iPS-Zellen liefern“
PLoS Collection über Epigenetik
 Viertes epigenetisches Schaltersystem

termine 11

impressum 12

grundlagenforschung

Speicheltest zur Altersbestimmung

Sven Bocklandt et al.: *Epigenetic predictor of age. PLoS One 6, 22.06. 2011, S. e14821.*

Zellen lagern im Laufe ihrer Entwicklung Methylgruppen an Cytosin-Basen ihrer DNA an, meist um einzelne Gene epigenetisch stumm zu schalten. Das daraus folgende DNA-Methylierungsmuster ändert sich mit dem Alter. Diesen Umstand haben sich jetzt Epigenetiker aus Kalifornien zunutze gemacht und einen epigenetischen Test entwickelt, der das Alter eines Menschen nur anhand seiner Speichelprobe angeblich auf etwa fünf Jahre genau bestimmen kann. Die Methode eignet sich für kriminaltechnische Untersuchungen, schreiben die Autoren. Außerdem helfe sie vielleicht, das Risiko eines Menschen für altersbedingte Krankheiten besser abzuschätzen. |

Epigenetik als Sprache zwischen Arten

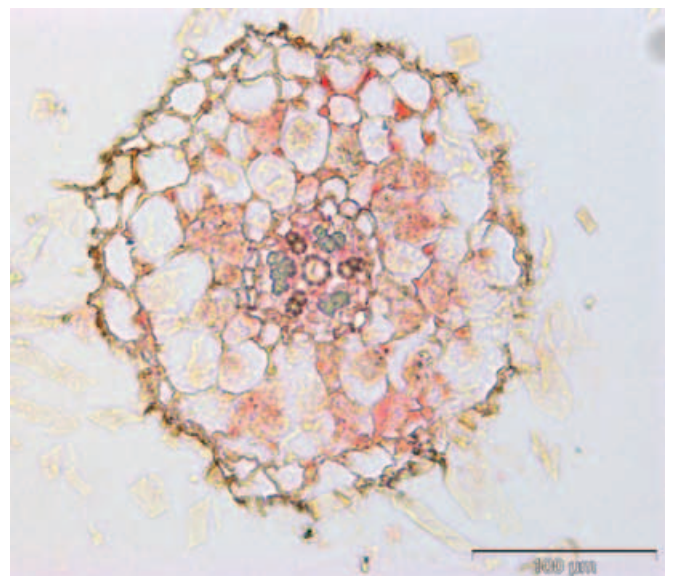
Hans-Wilhelm Nützmann et al.: *Bacteria-induced natural product formation in the fungus *Aspergillus nidulans* requires Saga/Ada-mediated Histone acetylation. PNAS 108, 23.08. 2011, S. 14282-14287.*

Emanuel A. Devers et al.: *Stars and symbiosis: MicroRNA- and MicroRNA*-mediated transcript cleavage involved in arbuscular mycorrhizal symbiosis. Plant Physiology 156, 08/2011, S. 1990-2010.*

Epigenetisch aktive Substanzen helfen Vertretern verschiedener Arten, ihr Genaktivierungsmuster gegenseitig zu beeinflussen. Das wurde jetzt an zwei verschiedenen Beispielen deutlich. Ein deutsch-österreichisches Forscherteam entdeckte, dass Bakterien mit Hilfe eines Histon verändernden Enzyms epigenetisch stumm geschaltete Gene eines Pilzes aktivieren können. Die Bakterien lagern in den Pilzzellen mit Hilfe der Histonacetyltransferase GcnE Acetylgruppen an Histone an (H3K14-Acetylierung). Dadurch werden stumme Gene aktiv, was den Pilz auch pharmakologisch interessante Naturstoffe erzeugen lässt. Die Forscher haben damit nebenbei einen neuen Weg zur Aufindung von Wirkstoffen entdeckt.

Das andere Beispiel beleuchtet die weit verbreitete symbiotische Beziehung zwischen Wurzelpilzen und Landpflanzen. Die Pilze leben dabei in den Wurzeln der Pflanzen, bilden für diese essenzielle

Nährstoffen wie Stickstoff und erhalten im Gegenzug lebensnotwendigen Zucker. Jetzt entdeckten Emanuel Devers und Kollegen aus Potsdam, dass Pilze und Pflanzen über Kanäle in den Zellmembranen Mikro-RNAs miteinander austauschen. Diese verhindern per RNA-Interferenz die Übersetzung von Genen in Eiweiße. Als Folge wandelt sich das Genexpressionsmuster der Pflanze. Erst das ermöglicht die Symbiose, etwa indem Gene blockiert werden, deren Aktivität normalerweise Pilzinfektionen bekämpft. |



Querschnitt durch eine Wurzel vom Schneckenhornklee mit symbiotischen Pilzen. Rot gefärbt sind Mikro-RNA-Anhäufungen in und um Pilz-besiedelte Zellen.

Klebestelle des "molekularen Leims" gefunden

Stefan Ehrentraut et al.: Structural basis for the role of the Sir3 AAA+ domain in silencing: interaction with Sir4 and unmethylated Histone H3K79. Genes & Development 25, 01.09.2011, S. 1835-1846.

Hefen besitzen einen Komplex aus drei Proteinen, die gemeinsam an Histone binden und dabei DNA-Abschnitte so fest verpacken, dass die dortigen Gene nicht mehr aktivierbar sind. Eines der beteiligten Eiweiße, der *silent information regulator 3 (Sir3)* wurde jetzt von Forschern der *Universität Duisburg-Essen* genauer untersucht. Dank einer Kristallstrukturanalyse entdeckten sie eine bestimmte Region, mit der *Sir3* sowohl an seinen Partner *Sir4* als auch an Histone binden kann. Diese Region scheint hauptverantwortlich für die wichtigste Eigenschaft von *Sir3* zu sein, als „molekularer Leim“ – so die Autoren – der Zelle bei der Verpackung ihres Erbguts zu helfen. Das Ergebnis ist auch für Menschen relevant, weil in Säuger-Zellen ganz ähnliche Prozesse ablaufen. |

Schlank machende Mikro-RNA

Lei Sun et al.: Mir193b-365 is essential for brown fat differentiation. Nature Cell Biology 13, 10.07.2011, S. 958-965.

Säugetiere besitzen zwei Sorten von Fettgewebe: weißes und braunes (siehe Titelbild). Das weiße dient als Energiespeicher und macht Menschen übergewichtig, wenn es überhand nimmt. Das braune verbrennt dagegen Fette, um Wärme zu erzeugen und beugt damit Übergewicht vor. Neugeborene haben viel braunes Fett. Es existiert neueren Studien zufolge aber auch bei Erwachsenen – und zwar umso zahlreicher, je schlanker sie sind. Nun identifizierten Forscher aus den USA und Singapur zwei Mikro-RNAs (193b und 365), deren Auftreten die Differenzierung geeigneter Vorläuferzellen in braunes Fettgewebe steuern. Sind diese Mikro-RNAs zahlreich in den Zellen vorhanden, bildet sich braunes Fett, werden die Mikro-RNAs unterdrückt, entstehen Muskelzellen. Die Forscher hoffen auf einen neuen, effektiven Ansatzpunkt im Kampf gegen Übergewicht und verwandte Stoffwechselkrankheiten wie Diabetes oder das metabolische Syndrom. |

Stress und seine epigenetischen Folgen

Karl M. Radtke et al.: Transgenerational impact of intimate partner violence on methylation in the promotor of the glucocorticoid receptor. Translational Psychiatry 1, 19.07.2011, S. e21.

Marilyn J. Essex et al.: Epigenetic vestiges of early developmental adversity: childhood stress exposure and DNA methylation in adolescence. Child Development, 02.09.2011, Online-Vorabpublikation.

Richard S. Lee et al.: A measure of glucocorticoid load provided by DNA methylation of Fkbp5 in mice. Psychopharmacology, 21.04.2011, Online-Vorabpublikation.

Gianluca Ursini et al.: Stress-related methylation of the Catechol-O-Methyltransferase Val158 allele predicts human prefrontal cognition and activity. The Journal of Neuroscience 31, 04.05.2011, S. 6692-6698.

Tamara B. Franklin et al.: Influence of early stress on social abilities and serotonergic functions across generations in mice. PLoS One 6, 25.07.2011, e21842.

Der Einfluss starker psychischer Belastung auf die epigenetische Programmierung der so genannten Stress-Achse mit den Folgen eines zeitlebens erhöhten Risikos für Stresskrankheiten gehört zu den best untersuchten Beispielen für epigenetische Prägung. Auch jetzt erschienen wieder mehrere wichtige Publikationen zum Thema. **(bitte umblättern)**

grundlagenforschung

Karl Radtke und Kollegen fanden heraus, dass 10- bis 19-jährige Kinder von Müttern, die während der Schwangerschaft misshandelt worden waren, ein verändertes Methylierungsmuster am Gen des Glucocorticoid-Rezeptors haben, was eine überempfindliche Stressreaktion auslösen kann.

Ein kanadisches Forscherteam untersuchte das DNA-Methylierungsmuster bei mehr als hundert 15-jährigen Heranwachsenden, deren Eltern sie in früher Kindheit wegen großer Belastungen vernachlässigen mussten. Mütterlicher Stress verändert danach die DNA-Methylierung der Kinder an 139, väterlicher Stress an 31 Stellen.

Richard Lee und Kollegen entdeckten in Versuchen mit Mäusen eine epigenetische Besonderheit, die man vermutlich gut als Biomarker für die Intensität einer zurückliegenden Belastung einsetzen kann. Das Gen *Fkbp5* war umso stärker methyliert, je mehr Stresshormonen die Tiere in den zurückliegenden vier Wochen ausgesetzt waren.

Und eine Arbeit aus Italien zeigt besonders detailliert, wie sich Stress direkt auf die menschliche Hirnphysiologie auswirkt: Der Stress bringt die Methylierung eines bestimmten Gens aus dem Gleichgewicht, was letztlich die Gedächtnisleistung in der Großhirnrinde beeinträchtigt.

Schließlich zeigten Tamara Franklin und Kollegen, dass stressbedingte epigenetische Veränderungen bei Mäusen auch an folgende Generationen weitergegeben werden können. Die Tiere wurden kurz nach der Geburt traumatisiert, was das Gen für den Serotonin-Rezeptor in einer bestimmten Hirnregion epigenetisch hemmte und die Tiere zeitlebens überängstlich machte. Die gleichen Veränderungen waren auch noch zwei Generationen später nachweisbar. |

Umwelteinfluss bei Pappel-Zwillingen

Sherosha Raj et al.: Clone history shapes Populus drought responses. PNAS 108, 26.07.2011, S. 12521-12526.

Schon länger weiß man von eineiigen Zwillingen beim Menschen, dass sie sich epigenetisch umso stärker voneinander unterscheiden, je älter sie sind und je unterschiedlicher ihre Lebensumstände waren. Epigenetische Schalter verleihen den Zellen offenbar eine Art Gedächtnis und ermöglichen eine dauerhafte Umweltpassung. Dass diese Annahme auch für Pflanzen gilt, konnten Forscher aus Kanada jetzt anhand eines schönen Beispiels zeigen: Stammen genetisch identische Pappeln aus verschiedenen Baumschulen, reagieren sie unterschiedlich auf eine künstlich herbeigeführte Dürre. Dieser „Kinderstuben-Effekt“ sei eine epigenetische Reaktion auf unterschiedliche Umweltbedingungen, schreiben die Autoren – eine Erkenntnis, die man in Zukunft auch für die Ausprägung bestimmter Eigenschaften bei Kulturpflanzen nutzen sollte. |

Aktive Demethylierung

Yu-Fei He et al.: Tet-mediated formation of 5-Carboxylcytosine and its excision by TDG in mammalian DNA. Science 333, 02.09.2011, S. 1303-1307.

Wenn eine Zelle Methylgruppen an Cytosin-Basen ihrer DNA anlagert (DNA-Methylierung), dann schaltet sie meist die dort liegenden Gene auf Dauer epigenetisch stumm. Manche, vielleicht sogar alle Zellen können diesen Vorgang rückgängig machen, um Gene wieder zu aktivieren. Doch bislang waren nur einzelne Schritte dieser aktiven Demethylierung bekannt (siehe *Newsletter Epigenetik 03/2010*). Nun gelang es einem Team chinesisch-amerikanischer Epigenetiker, erstmals den gesamten Prozess zu verfolgen.

Yu-Fei He und Kollegen berichten, dass das methylierte Cytosin und das verwandte Hydroxymethylcytosin zunächst von so genannten *Tet*-Enzymen in Carboxylcytosin verwandelt werden. Diese Base wird dann gezielt von einem Reparaturenzym na-

mens *TDG (Thymin-DNA Glycosylase)* ausgeschnitten und durch ein unmethyliertes Cytosin ersetzt. Die Forscher fanden den Vorgang bei Embryonalen Stammzellen von Mäusen. Es scheint diesen zu helfen, viele ihrer Gene aktivierbar und so ihren Status als Stammzelle zu erhalten. |

Ungleicher Start ins Leben

Sonja Entringer et al.: Stress exposure in intrauterine life is associated with shorter telomere length in young adulthood. PNAS 108, 16.08. 2011, S. E513-E518.

Stacy S. Drury et al.: Telomere length and early severe social deprivation: linking early adversity and cellular aging. Molecular Psychiatry, 17.05.2011, Online-Vorabpublikation.

Sonja Entringer, jetzt in Irvine, USA, testete vor Jahren in Trier zwei Gruppen von Studenten mit vergleichbarer Kindheit und Jugend. Die Mütter der einen mussten allerdings trotz medizinisch unauffälliger Schwangerschaft starke psychische Belastungen überstehen, etwa den Tod eines Elternteils oder die Scheidung vom Ehepartner. Vermutlich aufgrund vorgeburtlicher epigenetischer Prägung hatten diese ein überempfindliches Stresshormonsystem.

Jetzt zeigte sich, dass unter der Belastung sogar das physiologische Alter gelitten hatte – gemessen anhand der Länge der so genannten Telomere an den Chromosomen-Enden von Immunzellen. Die Körperzellen 25-jähriger Männer, deren Mütter in der Schwangerschaft starkem psychosozialen Stress ausgesetzt waren, entsprechen demnach etwa jenen gewöhnlicher 28-jähriger, die von 25-jährigen Frauen sogar jenen von 30-jährigen. Entringer kommentiert: „Stress im Uterus beeinflusst signifikant die Telomerlänge bei Erwachsenen, und das selbst dann, wenn man alle bereits bekannten vor- und nachgeburtlichen Einflussfaktoren berücksichtigt.“

Eine zweite Studie passt ins Bild: Forscher aus den USA hatten die Telomerlänge 136 rumänischer Heimkinder analysiert. Es zeigte sich, dass die Telomere der Kleinen umso kürzer waren, je länger ihr vermutlich sehr belastender Aufenthalt im Heim gedauert hatte. |

Den Kampf gegen Fettsucht früher beginnen

Peter D. Gluckman et al.: Losing the war against obesity: The need for a developmental perspective. Science Translational Medicine 3, 27.07. 2011, S. 93cm19.

Wer den Kampf gegen die wachsende Zahl stark übergewichtiger Menschen und das damit steigende Risiko für Folgekrankheiten wie Typ-2-Diabetes, Herz-Kreislauf-Leiden und manche Arten von Krebs noch gewinnen wolle, müsse sich verstärkt mit der vorgeburtlichen und frühkindlichen Prägung des Stoffwechsels beschäftigen. Das fordern der Perinatalmediziner Peter Gluckman aus Neuseeland und Kollegen in einem Kommentar für *Science Translational Medicine*, dem das Fachblatt sogar sein Titelbild widmete. Neueste Forschung habe ergeben, dass die epigenetisch gespeicherten Einflüsse der Umwelt auf die Genaktivität einen viel stärkeren Einfluss haben als die Gene selbst.

Variationen im genetischen Code seien nur maximal für ein Sechstel der Fälle von Fettleibigkeit verantwortlich. Der Rest entfalle auf Umwelteinflüsse – und hier spiele es eine bislang unterschätzte Rolle, wie die Epigenome der Stoffwechselzellen von Embryonen, Feten und Kindern auf die Ernährung reagierten. Das sei auch der Grund, warum Präventionsmaßnahmen bei Erwachsenen so oft scheiterten.

Eine zukünftige Vorbeugung vor krankhaftem Übergewicht müsse deshalb viel früher ansetzen, am besten bereits während der Zeit im Mutterleib. |



Science Translational Medicine vom 27. Juli 2011.

onkologie

Neuer Ansatz zur Behandlung von Leukämie

Johannes Zuber et al.: RNAi screen identifies Brd4 as a therapeutic target in acute myeloid leukaemia. Nature, 03.08.2011, Online-Vorabpublikation.

Dass Krebszellen veränderte Epig Genome haben, ist mittlerweile ebenso akzeptiert wie die Idee einer epigenetischen Krebstherapie: bösartige Tumore dadurch zu bekämpfen, dass man epigenetische Schalter wieder in Richtung Gutartigkeit verstellt. Jetzt fanden Forscher aus Österreich und den USA einen neuen Ansatz für diese Behandlungsform. Eine gentechnische Analyse des Erbguts von Mäusen mit einer Art Akuter Myeloischer Leukämie (AML) ergab, dass die Existenz eines bestimmten Proteins namens *Brd4* für das Überleben der Krebszellen wichtig ist. *Brd4* modifiziert wiederum den Histon-Code der Zellen und überwacht damit die Aktivität vieler Gene.

Erste Experimente zeigen nun, dass eine pharmakologische *Brd4*-Hemmung Krebsstammzellen sowohl in AML-Zellkulturen von Maus und Mensch als auch im lebenden Mausmodell abtötet und den Krebs insgesamt deutlich bremst. Verantwortlich für diesen erfreulichen Effekt scheint zumindest teilweise eine epigenetische Unterdrückung des krebsfördernden Gens *Myc* zu sein. Ist *Brd4* aktiv, hilft es nämlich beim Ablesen von *Myc*. Die Forscher folgern, die Hemmung von *Brd4* sei eine viel versprechende Strategie für den zukünftigen Kampf gegen AML und vielleicht auch andere Krebsformen. |

Neue Form der Krebsfrüherkennung?

Andreas Keller et al.: Toward the blood-borne miRNome of human diseases. Nature Methods, 04.09.2011, Online-Vorabpublikation.

Ein Forscherteam aus Deutschland hat 454 Blutproben von Krebspatienten und Menschen mit anderen Krankheiten auf ihren Gehalt von 863 bekannten Mikro-RNAs untersucht. Diese kleinen RNA-Moleküle kodieren anders als die verwandten Boten-RNAs keine Eiweiße sondern unterdrücken per RNA-Interferenz die Übersetzung einer Boten-RNA in ein Eiweiß. Diese so genannte posttranskriptionelle Genregulation ist einer der wichtigsten epigenetischen Mechanismen und dürfte nahezu jeden zellulären Prozess beeinflussen. Vermutlich spielt er auch bei einer Reihe von Krankheiten – vor allem Krebs – eine wichtige Rolle.

Tatsächlich fanden die Molekularbiologen für alle untersuchten Krankheiten in den Blutzellen der Patienten ein auffallend dereguliertes Mikro-RNA-Profil. Eine Analyse ergab zudem, dass die

betroffenen Mikro-RNAs mit den Krankheiten in Verbindung gebracht werden konnten. Nun hoffen die Forscher, in Zukunft mit einem einzigen Bluttest eine Vielzahl von Krebserkrankungen und anderen Leiden mit vergleichsweise hoher Zuverlässigkeit diagnostizieren zu können. |

Blasenkrebs wegen gestörter Epigenetik

Yaoting Gui et al.: Frequent mutations of chromatin remodeling genes in transitional cell carcinoma of the bladder. Nature Genetics 43, 07.08.2011, S. 875-878.

So genannte Urothelkarzinome machen rund 90 Prozent der Blasenkrebsfälle aus. Jetzt entdeckten Forscher aus China und den USA, dass eine der entscheidenden Auslöser dieser Karzinome womöglich eine Störung der Regulation des Chromatins ist. In 59 Prozent der Proben von 97 Patienten fanden die Forscher Mutationen jener

Gene, die den Umbau und die Struktur des Chromatins steuern (Chromatin remodulierende Gene). Da es zudem auch noch einen Zusammenhang zwischen dem Schweregrad der Erkrankung und dem spezifischen Mutationsmuster gibt, könnte das Ergebnis auch bei einer zukünftigen Klassifikation und Diagnose von Blasenkrebs helfen. |

Gestörte Chromatinbiologie bei Lymphomen

Ryan D. Morin et al.: Frequent mutation of Histone-modifying genes in non-Hodgkin lymphoma. Nature 476, 27.07.2011, S. 298-303.

Onkologen aus Kanada und den USA haben sich das Erbgut von 127 Patienten mit den beiden häufigsten Formen des Non-Hodgkin-Lymphoms angeschaut (Follikuläres Lymphom, Diffuses großzelliges B-Zell-Lymphom). Sie verglichen die DNA des Tumorgewebes mit jener aus gesunden

Zellen und fanden insgesamt 109 veränderte Gene, darunter zahlreiche, die eine Rolle bei der Modifikation des Chromatins spielt.

Etwa ein Drittel der Proben des Diffusen B-Zell-Lymphoms sowie neun von zehn Proben des Follikulären Lymphoms zeigten zum Beispiel eine Mutation im Gen der Methyltransferase *MLL2*. Dieses Enzym baut eigentlich Methylgruppen an Histon-Eiweiße an und verändert so den Histon-Code von Zellen. Die Forscher bilanzieren: „Unsere Analyse legt nahe, dass eine Störung der Chromatinbiologie eine bislang unterschätzte Rolle bei der Entstehung von Lymphomen spielt.“ |

wirtschaft & medien

Balzan Preis 2012 für Epigenetik

http://www.balzan.org/news-de/die-balzan-preistrager-2011_5656.html

Der Balzan Preis gehört zu den angesehensten Preisen, die ein Wissenschaftler erhalten kann. Seit 1961 verleiht die *Internationale Stiftung Preis Balzan* mit Sitz in Zürich und Mailand jährlich vier Preise in zuvor ausgewählten Fachgebieten.

Bei jeder Preisverleihung gibt das Komitee auch die vier Fachgebiete für das kommende Jahr bekannt, so auch dieses Jahr am 5. September in Mailand. Danach erhält im Jahr 2012 auch eine Forscherin oder ein Forscher aus dem Bereich Epigenetik die Preissumme von 750.00 Schweizer Franken (ca. 625.000 Euro). Die Preisträger müssen die Hälfte des Preisgeldes in Forschungsprojekte investieren, die vor allem von jungen Wissenschaftlern durchgeführt werden sollen. |

„Epigenetik wird Rezept für iPS-Zellen liefern“

<http://idw-online.de/pages/de/news440199>

Wer das Umprogrammieren von Körperzellen und damit auch die Erzeugung so genannter induzierter pluripotenter Stammzellen (iPS-Zellen) noch besser verstehen wolle, müsse sich vor allem mit der Epigenetik beschäftigen. Das sagte der Stammzellforscher Rudolf Jaenisch vom *Whitehead Institute* in Cambridge, USA, am 12. September auf einer Pressekonferenz am Rande des Kongresses *Stem Cells in Development and Disease* des *Max-Delbrück-Zentrums für Molekulare Medizin* in Berlin.

Die Kenntnis des vererbten, aber nicht in der DNA festgelegten Umfelds der Gene, sei die Grundvoraussetzung für weitere Forschung auf dem Gebiet: „Die Epigenetik ist der entscheidende

Steuerungsmechanismus – und die Reprogrammierung von adulten Zellen nichts anderes als ein epigenetisches Phänomen.“ Die Epigenetik verstehen, heiße also auch, das beste „Rezept“ zur Herstellung von iPS-Zellen zu finden |



Professor Dr. Rudolf Jaenisch

PLoS Collection über Epigenetik

<http://www.ploscollections.org/epigenetics2010>

Die Gruppe der Online-Fachzeitschriften *Public Library of Science (PLOS)*, die es als so genannte *open access journals* Wissenschaftlern ermöglichen, ihre Artikel im Internet für jeden frei verfügbar zu veröffentlichen, stellt in unregelmäßigen Abständen in der Reihe *PLOS Collections* mehrere Artikel zu einem bestimmten Thema zusammen. Jetzt erschien die Ausgabe *Epigenetics2010*. Sie bündelt 23 spannende Beiträge aus dem Jahr 2010 und liefert so einen guten Einblick in die Bandbreite und Aktualität des gesamten Feldes der Epigenetik. |

Viertes epigenetisches Schaltersystem

Tom Misteli: *Das Innenleben des Genoms, Spektrum der Wissenschaft*, 07/2011, S. 28.

In der Titelgeschichte des Julihefts von *Spektrum der Wissenschaft* widmet sich Tom Misteli vom *National Cancer Institute* in Maryland, USA, der räumlichen Organisation der Chromosomen. Das Erbgut ist dauernd in Bewegung. Ständig ändert sich dadurch die Lage der Gene im Zellkern. Da auch diese einen wichtigen Einfluss auf die Aktivierbarkeit hat, kann man hier zu Recht auf ein viertes epigenetisches Schaltersystem verweisen. |

Termine

Straßburg: Histonvarianten und Genomregulation

<http://events.embo.org/11-histone-variants/>

12.10.2011 bis 14.10.2011

Der nächste Workshop der *Europäischen Organisation für Molekularbiologie (EMBO)* widmet sich den epigenetisch wichtigen biochemischen Modifikationen an Histonen und deren Einfluss auf die Regulation der Genaktivität. Dabei geht es auch um den Einfluss der Umwelt auf den so genannten Histon-Code und die Reprogrammierung von Körperzellen zu Stammzellen. Als Referenten werden unter anderem Steven Henikoff und David Allis (beide USA), Caroline Dean (Großbritannien) sowie Robert Schneider (Deutschland) erwartet. |

München: World Epigenetics Summit

<http://epigenetics-summit.com/>

06.12.2011 bis 08.12.2011

Bei dieser zweiten Tagung ihrer Art (die erste fand in Boston statt) geht es gezielt um die kommerzielle Verwertbarkeit epigenetischer Erkenntnisse. Die Firmen *Pfizer*, *GSK*, *Novartis*, *Epizyme* sowie *Chroma Therapeutics* unterstützen das Meeting, das führende Vertreter aus Wissenschaft und Wirtschaft zusammenbringen soll, um die Aussichten auf neue epigenetische Medikamente auszuloten. Schwerpunkte werden unter anderem sein: Neue Ansatzpunkte für die Krebstherapie, Resultate aus klinischen Studien sowie der Einsatz epigenetischer Therapien in anderen Krankheitsfeldern, wie neurodegenerativen, immunologischen oder chronisch entzündlichen Erkrankungen.

Als Referenten haben neben vielen anderen bereits der Spanier Manel Esteller, der Brite Christopher Schofield und die Deutschen Bernd Hentsch und Andre Fischer zugesagt. |

Keystone: Epigenomik und Chromatin-Dynamik

<http://www.keystonesymposia.org/Meetings/>

17.01.2012 bis 22.01.2012

Epigenetiker aus aller Welt treffen sich im Januar auf zwei parallel stattfindenden Veranstaltungen der bekannten Keystone-Symposien zu Molekular- und Zellbiologie in Colorado, USA. Prominenz wird reichlich angekündigt: Das Symposium zur Epigenomik organisieren die US-Amerikaner Steven Jacobsen und Steven Henikoff. Das Symposium zur Chromatin-Dynamik organisieren Bradley Cairns (USA) und Geneviève Almouzni (Frankreich). Als Keynote-Speaker wird Richard Young vom *Whitehead Institute* in Boston erwartet. |

Impressum

Der kostenlose *Newsletter Epigenetik* erscheint vierteljährlich.

Email-Abonnement oder Download (pdf): www.celgene.de/newsletter/

Postversand: Celgene GmbH, Newsletter Epigenetik, Joseph-Wild-Str. 20, D-81829 München

Titelbild: Braunes Fettgewebe gefärbt mit Hämatoxylin/Eosin. Heide Christine Pattersen / Aliakbar Shahsafaei / Tom DiCesare.
Weitere Fotos: Manfred Witt, Max-Planck-Institut für Molekulare Pflanzenphysiologie Potsdam/Golm, Fotosearch, Whitehead Institute.

Autor/Herausgeber sowie verantwortlich für den Inhalt:

Dr. rer. nat. Peter Spork
Gneisenastr. 34
D-20253 Hamburg
newsletter@peter-spork.de
www.peter-spork.de



Mitherausgeber und wissenschaftliche Beratung:

Prof. Dr. med. Norbert Gattermann, Heinrich-Heine-Universität, Düsseldorf
Dr. med. Nicola Lang, Hämato-Onkologie, München
Prof. Dr. med. Ulrich Mahlnecht, Medizinische Universitätsklinik, Homburg/Saar
PD Dr. rer. nat. Gunther Meinschmidt, Universität Basel
Dr. Alexander Meissner, Harvard University, Boston
Prof. Dr. Christoph Plass, Deutsches Krebsforschungszentrum, Heidelberg
Prof. Dr. Jörn Walter, Universität des Saarlandes, Saarbrücken

Druck, Versand und Finanzierung:

Celgene Deutschland GmbH, München

