

In der Nukleinsäuresequenz jedes Lebewesens ist die vollständige Information kodiert, die seine Entwicklung und Vermehrung determiniert. Die Sequenz seines Genoms zu »lesen«, ist heute molekularbiologische Routine. Die Fortschritte auf diesem Forschungsgebiet haben eine Revolution in den Lebenswissenschaften ausgelöst. Allein in den vergangenen fünf Jahren ist es gelungen, über 200 Genome vollständig zu sequenzieren. Die Sequenz des menschlichen Genoms liegt mittlerweile in einer mehrfach verbesserten Version vor. Die genomische Information ist die unabdingbare Grundlage, um molekularbiologische Prozesse zu verstehen.

Doch mit der entschlüsselten Sequenz sind die wichtigsten Fragen, etwa nach den molekularen Ursachen menschlicher Erkrankungen, noch lange nicht geklärt. Die Genomsequenz liefert im ersten Schritt bestenfalls eine Liste von Einzelteilen, häufig sind die Vorhersagen mit groben Fehlern behaftet. Eine schier unabsehbare Zahl weiterführender Experimente auf der Basis der Sequenzinformation ist erforderlich, um die Rolle jedes einzelnen Gens, seiner Regulation und seiner zellulären Partner aufzuklären. Vor allem die hochkomplexen Netzwerke wie Signaltransduktionsketten, die zur Zelldifferenzierung führen, die in Säugetieren aus demselben Genom unter exakter räumlicher und zeitlicher Kontrolle hunderte verschiedener

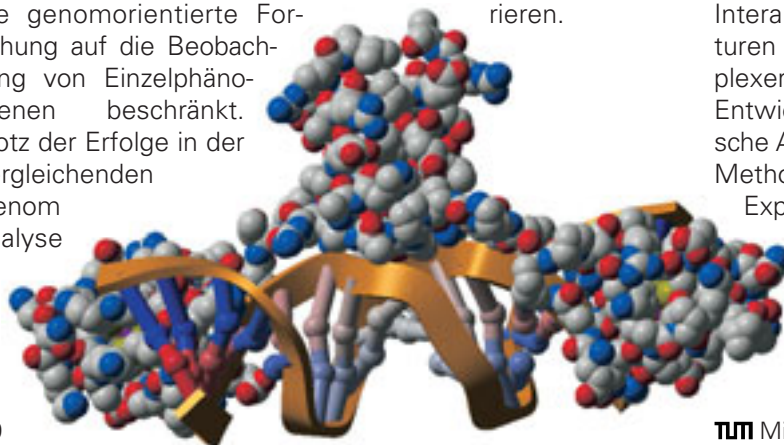
Nichts läuft mehr ohne Bioinformatik

Unter wesentlicher Beteiligung von Wissenschaftlern der TUM gemeinsam mit den Instituten des GSF Forschungszentrums für Umwelt und Gesundheit in Neuherberg startete im Sommer 2001 eine Initiative zur Bioinformatik der Säugergenome. Ergänzt durch die Universitäten München und Erlangen sowie drei Bioinformatikunternehmen, arbeitet dieser regionale Verbund seitdem an dem gemeinsamen Projekt »Bioinformatics for the Functional Analysis of Mammalian Genomes«, kurz BFAM. Dieses vom Bundesministerium für Bildung und Forschung geförderte Netzwerk umfasst 13 Forschungsgruppen; Koordinator ist Prof. Hans-Werner Mewes, Ordinarius für Genomorientierte Bioinformatik am TUM-Wissenschaftszentrum Weihenstephan und Direktor des Instituts für Bioinformatik der GSF.

Zelltypen entstehen lassen, sind bisher nur in Bruchstücken erfasst. Der Erfolg dieser Experimente hängt weniger von der Genialität der Wissenschaftler als von der systematischen Analyse großer Datenmengen durch emotionslose Software ab – übrigens ein in der Physik längst vollzogener Wandel.

In diesem multidimensionalen Datenraum spielt die Bioinformatik eine entscheidende Rolle. Ohne die Fähigkeit, große Datenmengen zu strukturieren, ihren Inhalt zu analysieren und sie so der Interpretation zugänglich zu machen, bleibt auch die genomorientierte Forschung auf die Beobachtung von Einzelphänomenen beschränkt. Trotz der Erfolge in der vergleichenden Genomanalyse

und der Strukturvorhersage von Proteinen blieben wichtige Probleme bisher ungeklärt. Die exakte Vorhersage genetischer Elemente aus der DNA-Sequenz, wie die Vorhersage funktioneller Eigenschaften oder die Interaktion von Transkriptionsfaktoren mit den regulatorischen Abschnitten des Genoms, sind Gegenstand intensiver Forschung. Daher gehört es zu den derzeit wichtigsten Forschungszielen der Bioinformatik, Algorithmen und Methoden zu entwickeln und experimentelle Daten intelligent in den Kontext biologischer Information zu integrieren.



Das Projekt BFAM verfolgt den Gedanken, die Bioinformatik experimenteller Forschung mit Methoden zur Analyse genomischer Daten und theoretischen Grundlagen der Informatik zu verknüpfen. Ergänzt durch die Infrastruktur von Datenbanken und Softwarewerkzeugen soll BFAM einen Beitrag zur funktionellen Genomanalyse leisten. Erste gemeinsame Publikationen, intensive Workshops und regelmäßige Treffen zeigen, dass die Bioinformatik über den stimulierenden Dialog der Disziplinen hinaus einen aktiven Beitrag zur Genomforschung leistet.

Schwerpunkte des Netzwerks reichen von der experimentellen Analyse von Mausmutanten über die Humangenetik bis hin zu Statistik und Entwicklung effizienter Algorithmen. BFAM verbindet Methoden der Bioinformatik, der Informatik, der mathematischen Modellierung und der Chemoinformatik mit der experimentellen Genomanalyse eukaryontischer multizellulärer Organismen. Eine kollektive Datenbank- und Integrationsumgebung zur funktionellen Genomanalyse zu schaffen, ist eines der aktuellen Ziele. Methoden zur Funktionsvorhersage – beispielsweise Protein/Protein-Interaktionen –, Datenstrukturen zur Darstellung komplexer Netzwerke sowie die Entwicklung und systematische Anwendung geeigneter Methoden zur Analyse und Exploration großer Datenmengen bilden weitere Themenschwerpunkte.