

270 in ein leichteres Nuklid: Seaborgium-266. Dieses zerfällt mit einer Halbwertszeit von etwa einer 400 000stel Sekunde spontan in zwei Fragmente – wiederum ein Hinweis auf die außerordentliche Stabilität des Hassium-270.

Mit ihrer Arbeit, die im renommierten Journal »Physical Review Letters« publiziert wurde (*), haben die Wissenschaftler experimentell gezeigt, dass der Weg zu superschweren Elementen über eine näher gelegene, ebenfalls durch Schaleneffekte stabilisierte Region führt und somit auch innovativen Chemikern die Erforschung aller bisher nur mit physikalischen Methoden nachgewiesenen Elemente im Periodensystem offensteht.

Prof. Andreas Türler
Lehrstuhl für Radiochemie
Tel.: 089/289-12202
andreas.tuerler@radiochemie.de

Andreas Türler

* Physical Review Letters 97, 242501 (2006)

Kommunikations- und Informationstheorie in der Genomanalyse

Die DNA aus neuem Blickwinkel

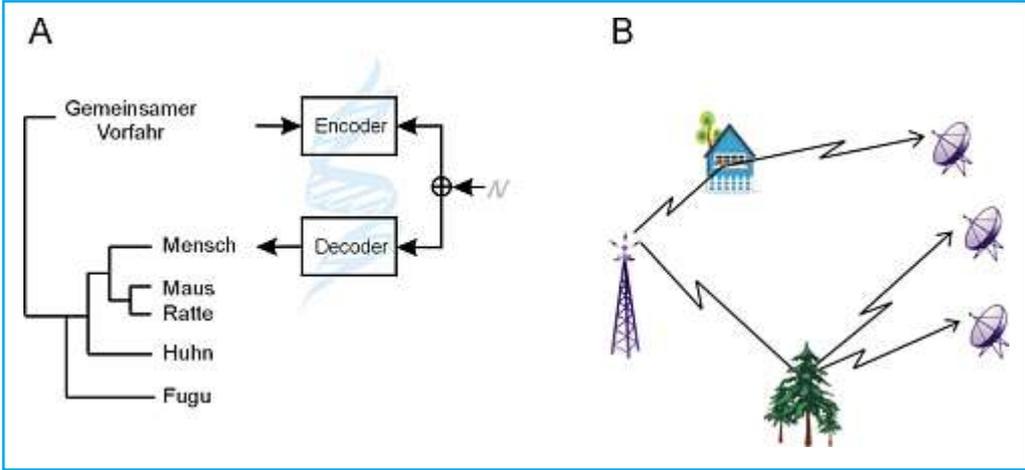
In den vergangenen Jahren haben Genomprojekte eine Fülle genetischer Daten neu verfügbar gemacht. Um diese Daten effizient zu analysieren, setzen Wissenschaftler auf Konzepte der digitalen Informationsübertragung. Daran arbeitet auch die Forschungsgruppe Kommunikations- und Informationstheorie in der Genetik (ComInGen), eine Kooperation des Lehrstuhls für Nachrichtentechnik der TUM (Prof. i.R. Joachim Hagenauer), des Instituts für medizinische Statistik des Klinikums rechts der Isar und des Max-Planck-Instituts für Ornithologie in Seewiesen (Dr. Jakob C. Müller), gefördert vom Bund der Freunde der TU München.

Die digitale Kommunikationstechnik nutzt verschiedene Informationsträger und Verfahren, um Information effizient zu speichern und auch über unzuverlässige Kanäle zuverlässig zu übertragen. Information wird dann als digital bezeichnet, wenn sie zeitdiskret ist – ein Wert erscheint an einem festgesetzten Zeitpunkt, einer festgesetzten Position – sowie wertdiskret – das Signal kann nur bestimmte Werte annehmen. Die Erbinformation eines Organismus wird als Veränderung im molekularen Aufbau der DNA gespeichert, wobei eine Information »zeitdiskret« an einer bestimmten Position innerhalb der DNA und »wertdiskret« als eine der Basen Adenin (A), Thymin (T), Guanin (G) oder Cytosin (C) digital abgespeichert wird. Die ComInGen-Gruppe untersucht anhand der von Claude Shannon 1948 begründeten Informationstheorie biologische Mechanismen der Informationsverarbeitung unter informationstheoretischen Aspekten.

Ein grundlegendes Problem beim Auslesen einer Information besteht darin, in einem zufälligen Datenstrom den Beginn der Nachricht zu lokalisieren. Die

Kommunikationstechnik löst dieses Synchronisationsproblem durch Sync-Wörter, die einer Nachricht vorausgehen und aufgrund ihrer Beschaffenheit im Datenstrom gut erkennbar sind. In biologischen Systemen beginnt die Verarbeitung der genetischen Information mit der Transkription: Das Enzym RNA-Polymerase (RNAP) schreibt die DNA in Messenger-RNA (mRNA) um, muss dazu aber zunächst bestimmte Erkennungssequenzen erkennen. Im relativ einfachen Transkriptionssystem des Bakteriums *Escherichia coli* bindet das Protein σ_{70} an eine Promoterregion am Beginn der Basensequenz, die an Position -35 und -10 zwei konservierte Erkennungssequenzen trägt. Daran erkennt die RNAP den Start eines Gens. Die ComInGen-Wissenschaftler simulierten diesen Prozess mittels verschiedener Modelle an einer großen Anzahl von Promotoren und stellten fest, dass diese σ_{70} -Erkennungssequenzen – quasi die Sync-Wörter der Transkription – gute bis sehr gute Synchronisationseigenschaften haben; Fehler betreffen nur den aktuell entstehenden RNA-Strang und sind daher nicht von Dauer.

Bei der biologischen Vermehrung wird die informationstragende DNA jedoch selbst auf Nachkommen übertragen. Dabei treten immer wieder Fehler auf. Solche Mutationen können permanent im Genom des betroffenen Organismus gespeichert werden. Die Übertragung von der Eltern- auf die Tochtergeneration ist qualitativ allerdings so gut, dass diese Mutationen – auf die gesamte Population bezogen – bei einem Übertragungsschritt statistisch kaum eine Rolle spielen. Betrachtet man aber – wie bei der Modellierung evolutionärer Prozesse – eine Vielzahl verketteter Übertragungsprozesse, so häufen sich die Fehler an. Beim Vergleich verschiedener Genome finden sich jedoch invariable Bereiche mit teilweise noch



Modellierung der Evolution als Mehrwege-Übertragungskanal

www.lnt.ei.tum.de/comingen/comingen.php

Dr. Jürgen Zech
 Institut für medizinische Statistik und
 Epidemiologie
 Tel.: 089/289-23473
juegen.zech@tum.de

unbekannter Funktion. Man nimmt an, dass diese vermutlich essentiellen Regionen einer starken Selektion ausgesetzt sind: Neue Mutationen wirken sich zumeist negativ auf die individuelle Fitness aus.

Anhand der seit kurzem verfügbaren Genome verschiedener Arten lässt sich die Qualität der Übertragung der genetischen Information von einem gemeinsamen Vorfahren an heutige Arten mit Algorithmen der Informationstheorie beurteilen. Vorteil dieser Methode: Konservierte Sequenzbereiche, die unter ähnlichem Selektionsdruck stehen, lassen sich besser identifizieren. Solche Bereiche werden im Moment auf bereits bekannte Funktionen hin untersucht. Anschließend wollen die Wissenschaftler analysieren, ob Bereiche mit bekannter und solche mit noch unbekannter Funktion miteinander in Beziehung stehen. In den unbekanntenen Regionen vermuten sie Eigenschaften fehlerkorrigierender Codes,

wie sie in der Kommunikationstechnik üblich sind. Das könnte die außerordentlich hohe Übertragungsqualität erklären. Die Arbeit der ComInGen-Gruppe zeigt deutlich, wie ein interdisziplinärer Ansatz zu neuen Einblicken und einem besseren Verständnis biologischer Vorgänge führen kann.

Jürgen Zech
 Joachim Hagenauer

Genetische Risiko-Komponente für BSE entdeckt

BSE und die Gene

Die Rinderkrankheit Bovine Spongiforme Enzephalopathie (BSE) wird durch eine über das Futter aufgenommene krankmachende Form des Prionproteins verursacht und führt zu einer fortschreitenden Degeneration des Gehirns erkrankter Tiere. Wissenschaftler des Lehrstuhls für Tierzucht des TUM-Wissenschaftszentrums Weihenstephan (Prof. Ruedi Fries) haben in Kooperation mit Kollegen vom Roslin Institute, Schottland, an der Aufklärung einer genetisch bedingten Anfälligkeit für BSE gearbeitet. Kürzlich konnten sie eine Genregion identifizieren, die das Risiko für eine BSE-Erkrankung beim Rind stark beeinflusst. Die Ergebnisse ihrer Arbeit wurden in der Open-Access-Zeitschrift »BioMed Central Biology« veröffentlicht*.

Als Ende 2000 die ersten BSE-Fälle in Deutschland auftraten, löste die mysteriöse Rinderseuche eine wahre Hysterie unter den Verbrauchern aus und stellte die Wissenschaft vor eine Menge Fragen. Am TUM-Lehrstuhl für Tierzucht wurde damals im Rahmen des Bayerischen Forschungsverbands Prionen (FORPRION) ein Projekt ins Leben gerufen mit dem Ziel, mögliche genetische Komponenten für BSE beim Rind aufzudecken. Dazu untersuchten die Wissenschaftler bestimmte Genvariationen, »DNA-Polymorphismen«, im Erbgut von 650 BSE-Rindern und 850 gesunden Kontroll-Tieren aus England und Deutschland. Im regulatorischen Bereich kurz vor



*BMC Biology 4: 33, 2006