

"Aufregender neuer Ansatz" für die Suche nach MicroRNAs

11.04.2008 - Marc Friedländer, Doktorand im Labor von Prof. Nikolaus Rajewsky am Max-Delbrück-Centrum für Molekulare Medizin (MDC) Berlin-Buch hat ein Computerprogramm ("miRDeep") entwickelt, mit dem Forscher nicht nur erkennen können, welche microRNAs in einer Gewebeprobe aktiv sind, sondern sie können damit auch bisher unbekannte microRNAs auffinden. MiRDeep basiert auf der Analyse von modernen Hochdurchsatz-Sequenzieretechnologien. Die Arbeit in Kooperation mit Wei Chen vom Max-Planck-Institut (MPI) für Molekulare Genetik, Berlin ist in Nature Biotechnology erschienen. Sie enthält auch über 250 neue oder nicht analysierte microRNA Gene, davon 15 menschliche, die Friedländer und Kollegen identifizieren konnten.

MicroRNA Gene regulieren, welche Proteine der Körper bildet. Diesen Prozess wollen sich Forscher zunutze machen. "Krebsforscher vergleichen zum Beispiel Krebszellen mit gesunden Zellen, um zu sehen, welche microRNAs eine Rolle in der Krebsentstehung spielen könnten", erläutert Prof. Rajewsky die Bedeutung der microRNAs für die medizinische Grundlagenforschung. "Viele bekannte, aber auch noch unbekannte microRNAs sind jedoch nur in geringer Zahl in Zellen zu finden und werden mit den herkömmlichen Methoden übersehen", sagt Prof. Rajewsky. Eine Methode, mit der Forscher auch diese microRNAs aufspüren, ist die so genannte Tiefensequenzierung (Deep Sequencing). Diese neuen, revolutionären Hochdurchsatzsequenzieretechnologien erlauben immer schnelleres und billigeres Entschlüsseln des Erbmaterials.

"Das bisherige Problem war außerdem", erklärt Prof. Rajewsky, "die immensen Datenmengen, die bei der Tiefensequenzierung zustande kommen, auszuwerten. Eine solche Maschine kann leicht 100 Millionen Buchstaben des Erbmaterials in 3,5 Tagen entschlüsseln. Zellen produzieren zudem viele andere RNAs, nicht nur microRNAs." Marc Friedländer entwickelte das Computerprogramm "miRDeep". Mit miRDeep können Forscher Signaturen in den Sequenzierdaten entdecken, die bei der Produktion von microRNAs in der Zelle entstehen. MiRDeep sucht in den Datenmengen nach diesen Spuren und berechnet anschließend, mit welcher Wahrscheinlichkeit eine potentielle Vorläufer-microRNA eine echte microRNA hervorbringt. MiRDeep steht als Softwarepaket auf der Homepage der Forschungsgruppe Rajewsky zur

Verfügung.

Die MDC-Forscher testeten das neue Programm in dem sie selbst kleine RNAs von menschlichen Krebszellen und Blutzellen im Hund sequenzierten und mit miRDeep analysierten. Sie fanden die meisten der bereits bekannten microRNAs, aber auch 230 bisher unbekannte microRNAs. Verschiedene neue microRNA Gene konnten die Forscher dann auch unabhängig im Labor nachweisen.

Originalveröffentlichung: Marc R. Friedländer, Wei Chen, Catherine Adamidi , Jonas Maaskola, Ralf Einspanier, Signe Knespel, and Nikolaus Rajewsky; Nature Biotechnology 2008, Vol. 26, Nr. 4, pp. 407-415, 2008.

www.bionity.com/news/d/80666

Kontakt

Informationen zum Artikel anfordern:
www.bionity.com/news/d/info/80666

News

Weitere News zu diesem Thema:
www.bionity.com/news/d/more/80666