

## Kurzmeldungen

Forscher der Universität Greifswald und des DRK-Blutspendedienstes Hagen haben die Grundlage für einen Test gelegt, der die **Sicherheit von Bluttransfusionen** deutlich erhöht. Die Gruppe um Prof. Dr. Andreas Greinacher identifizierten erstmals die Oberflächenstruktur auf Lymphozyten der Blutempfänger, die mit HNA3a-Antikörpern im Spenderblut in den Lungengefäßen verklumpen und so die transfusionsassoziierte akute Lungensuffizienz auslösen – die derzeit häufigste Todesursache nach Bluttransfusionen (NAT. MEDICINE, doi: 10.1038/nm.2070). Greinacher et al. haben inzwischen die DNA-Sequenz des Oberflächenantigens bestimmt und können es in Bakterien exprimieren. Es steht damit in ausreichender Menge zur Verfügung, um mittels eines Tests das Spenderblut auf reaktive Antikörper zu screenen.

Zwar enthalten Reifen nur etwa 24% aus Erdöl hergestellten **synthetischen Kautschuk**, doch hohe Ölpreisschwankungen erschweren den Pneuherstellern dennoch die Wirtschaftlichkeitskalkulationen. Einen Ausweg haben auf dem Kopenhagener Klimagipfel die Firmen Goodyear und Genencor präsentiert. Durch Veränderung vier bakterieller Enzyme hat die dänische Biotech-Firma den Mevalonat-Stoffwechsel von *E. coli* so umprogrammiert, dass diese den Synthesekautschuk wirtschaftlich aus nachwachsenden Rohstoffen liefern. Eine Pilotanlage soll in diesem Jahr mit der Produktion beginnen. Marktpotential: 850.000 Jahrestonnen = 1 Mrd. Euro.

Neun neue mit **Herzrhythmusstörungen** verbundene Genomregionen haben Wissenschaftler um Arne Pfeuffer in genomweiten Assoziationsstudien identifiziert (NAT. GENETICS, doi: 10.1038/ng.517). Sämtliche Genvarianten hängen mit einer veränderten Erregungsausbreitung im Herzen zusammen, die im EKG sichtbar wird. Fünf waren mit einem Erregungsmuster assoziiert, das charakteristisch für das Vorhofflimmern ist. Vier weitere konnten die Forscher mit einer im EKG veränderten Ausbreitungsgeschwindigkeit der elektrischen Impulse von den Vorkammern zur Herzhauptkammer in Verbindung bringen. Die Ergebnisse wurden von einer britischen Forschungsgruppe und der Firma DeCode Genetics bestätigt. Diese will die Genvariationen nun zur Entwicklung eines frühdiagnostischen Tests nutzen.

## METAGENOMFORSCHUNG

### Neues Verfahren wird hinterfragt

Ein bahnbrechendes neues Verfahren, das eine schnelle Analyse des Stoffwechselprofils unbekannter Mikroorganismen in Umweltproben inklusive der zugehörigen Enzyme verspricht, ist Ende Dezember in Verruf geraten. In der Kritik zum sogenannten Reactome Array (vgl. *Itranskript* 12/2009) stehen die Synthesemethoden, die für die rund 2.500 fluoreszenzgelöschten Metabolite auf dem Array genutzt wurden, welche nach Reaktion mit den in den Bakterienproben vorhandenen Enzymen zu leuchten beginnen. SCIENCE-Chefredakteur Bruce Alberts sah sich genötigt, eine Evaluation der Originaldaten zu fordern. Diese hat am Madriver CSIC von Hauptautor Manuel Ferrer bereits begonnen und wird einige Monate dau-

ern. Laut Prof. Dr. Frank Glöckner vom MPI für marine Mikrobiologie, der die Methode als erster deutscher Forscher an *Rhodospirulela baltica* getestet hat, liegt der Wert des Verfahrens darin, sequenzbasierte Vorhersagen über die Proteinausstattung und den Stoffwechsel unbekannter Mikroorganismen experimentell verifizieren zu können. Zudem können ihre Reaktionen auf definierte Umweltbedingungen erfasst und wirtschaftlich interessante Enzymaktivitäten aus Umweltproben rasch aufgespürt werden. Wie Glöckner, der mit dem Reactome Array rund 300 hypothetischen Genen eine Funktion zuschreiben konnte, erwartet die Metabolomics-Gemeinschaft das Ergebnis der Überprüfung mit Spannung. ■



### Micro RNAs schalten DNA-Methylierung an

Micro RNAs gelten als vielversprechende Arzneimitteltargets, seit bekannt ist, dass sie unter anderem die Bildung krebsrelevanter Prozesse in der Zelle steuern. Dass die kurzen, nicht-codierenden microRNAs die Genexpression von Transkriptionsfaktoren posttranskriptionell regulieren, ist bekannt. Dass ihre Anwesenheit im Zellkern aber auch mitentscheidend dafür ist, ob ein Gen überhaupt abgelesen wird, hat Mitte Januar eine Forschergruppe um Prof. Dr. Ralf Reski und PD Dr. Wolfgang Frank erstmals gezeigt (CELL, 140(1), S. 111-122). Im Moos *Physcomitrella patens* erzeugten die Forscher der Universität Freiburg und des MPI für Entwicklungsbiologie in Tübingen Mutanten, bei denen das DICER-Like 1b-Protein (PpDCL-1b) nicht funktioniert, das normalerweise einen Komplex aus miRNA und ihrer zugehörigen Ziel-RNA zerschneidet. Gleichwohl fand Reskis Team nur geringe Mengen der Ziel-RNA in der Zelle. Eine Analyse der entsprechenden Gene ergab, dass die entsprechenden DNA-Bereiche hochgradig methyliert vorlagen und deshalb nicht abgelesen wurden. Nach Ansicht der Wissenschaftler ist das erhöhte Mengenverhältnis von miRNA zu Ziel-RNA in den Mutanten für dieses epigenetische Gene Silencing verantwortlich. Steigt die Menge an Ziel-RNA, greift dagegen der bekannte miRNA-Mechanismus. Laut Reski spielt der neuentdeckte, vermutlich konservierte Mechanismus immer dann eine Rolle, wenn eine schnelle Reaktion auf sich ändernde Umweltbedingungen gefragt ist. Im Wildtyp-Blasenmützenmoos konnten die Forscher die Genexpression mit Hilfe des Stress-Antwort-Hormons ABA epigenetisch zum Schweigen bringen. ■