

EPIGENETIK-

GRUNDLAGEN, BEDEUTUNG UND AKTUELLE FORSCHUNG

BEGLEITTEXT ZUM FOLIENSATZ

Nutzungsbedingungen: cc/by-nc-sa



EINLEITUNG

Jeder Mensch ist einzigartig. Lange war man der Meinung, dass die DNA der alleinige Schlüssel dafür ist. Heute jedoch wissen wir, dass dies nicht nur die DNA-Sequenz alleine bestimmt, wer wir sind, sondern auch andere Faktoren daran beteiligt sind. Nur so lässt sich auch erklären, warum eineiige Zwillinge, die die gleiche DNA in allen ihren Zellen tragen, sich doch unterscheiden. Wie der deutsche Epigenetiker Thomas Jenuwein sagt: „Wir sind mehr als die Summe unserer Gene“. Mit eben diesem Phänomen beschäftigt sich das relativ junge Forschungsgebiet der Epigenetik. Die Epigenetik geht der Frage nach, welche Faktoren die Aktivität von Genen und somit auch die Entwicklung einer Zelle festlegen. Sie untersucht auch, wie sich Umwelteinflüsse auf die Genaktivität auswirken und wie erworbene Eigenschaften zum Teil weitergegeben werden können.

Seite 2

Dieser Foliensatz soll einen guten generellen Überblick zur Epigenetik geben und aktuelle Forschungsschwerpunkte sowie neue Erkenntnisse hervorheben. Zu Beginn werden wichtige Begriffe und Mechanismen erklärt. Danach werden Erkenntnisse der Forschung zur Rolle der Epigenetik sowie epigenetische Mechanismen in Entwicklung und Differenzierung behandelt.

Seite 3

Zu Beginn eine kleine Einführung: Epigenetik versus Genetik, Begriffsdefinitionen und grundlegende Mechanismen werden vorgestellt.

Seite 4

Aus dem Griechischen übersetzt bedeutet Epigenetik so viel wie „über“ oder „oberhalb“ der Genetik. Historisch gesehen definierte der britische Entwicklungsgenetiker Conrad Waddington „Epigenetik“-aus den zwei Begriffen Epigenese und Genetik entstanden- in den 1940er Jahren als „Zweig der Biologie, der die kausalen Wechselwirkungen zwischen Genen und ihren Produkten untersucht, welche den Phänotyp hervorbringen“.

Heutzutage gibt es zahlreiche Definitionen der Epigenetik. Der bekannte deutsche Epigenetiker Thomas Jenuwein bezeichnet Epigenetik als „Weitergabe erworbener Information ohne Veränderung der DNA-Sequenz.“ Das Wissenschaftsmagazin Spektrum definiert Epigenetik mit folgenden Worten: „Unter Epigenetik versteht man molekulare Mechanismen, die zu einem stärkeren oder schwächeren Ablesen von Genen führen, ohne dass die dort gespeicherte Information verändert wird.“.

Eine allgemein akzeptierte Definition von Epigenetik lautet auch: „Studium der erblichen Veränderungen in der Genomfunktion, die ohne eine Änderung der DNA-Sequenz auftreten“.

Seite 5

Um das Thema Epigenetik verstehen zu können, muss man sich zuerst die Fakten zum menschlichen Genom in Erinnerung rufen. Der Mensch besitzt in jeder Zelle seines Körpers rund 3 Milliarden DNA-Basenpaare, die – in diploiden Zellen, das heißt in allen Körperzellen außer den Keimzellen – auf je 23 Chromosomenpaare verteilt sind. Die Keimzellen (Spermium, Eizelle) enthalten nur einen einfachen Chromosomensatz und somit 23 Chromosomen. Aktuell geht man von ungefähr „nur“ 20.000 Protein-kodierenden Genen aus, die auf diesen 23 Chromosomen insgesamt kodiert sind.

Würde man die DNA aller 46 Chromosomen einer menschlichen Zelle aneinander reihen, ergäbe das einen Faden von 2 Metern Länge. Dabei entsprächen nur 2-3%, also etwa 4-6 cm, Genen, die für Proteine kodieren. Der nicht-kodierende Rest wurde früher oft als „Junk-DNA“, also Abfall, bezeichnet. Diesen Begriff hat man heute bereits revidiert und ist sehr vorsichtig geworden, ihn zu verwenden. Denn man weiß heute: Auch in der Junk-DNA ist viel wertvolle Information enthalten. So wird eine Vielzahl an RNAs von DNA abgelesen, die nicht in protein-codierenden Regionen liegt, und diese RNAs besitzen entscheidende regulatorische Funktionen.

Heute schätzt man, dass der Mensch etwa aus 10 bis 100 Billionen Zellen besteht, die sich ungefähr 200 verschiedenen Zelltypen zuordnen lassen. Da sich in jeder Zelle des menschlichen Körpers jedoch dieselbe genetische Information in Form von DNA befindet, kommt nun die Ebene der Epigenetik ins Spiel. Die Epigenetik bestimmt, wann welche Gene in den jeweiligen Zelltypen exprimiert werden. So unterscheiden sich die rund 200 verschiedenen Zelltypen des menschlichen Körpers in ihrem Genexpressionsprofil voneinander.

Die Epigenetik macht es also möglich, dass der Mensch trotz verhältnismäßig weniger Gene eine Große Variabilität im Bezug auf seine Genprodukte erhält.

Seite 6

Im Zusammenhang mit Epigenetik ist es wichtig, einige grundlegende Begriffe zu kennen. Als Chromatin wird „das Material, aus dem die Chromosomen sind“ bezeichnet – ein Komplex aus DNA und speziellen Proteinen. Bei den speziellen Proteinen des Chromatins handelt es sich vor allem um Histone. Ihre Aufgabe ist es, die DNA mehr oder weniger dicht zu verpacken und so das Ablesen der Gene zu regulieren. Der DNA-Faden einer einzigen Zelle hat- wie bereits erwähnt- eine Länge von 2 Metern. Aufgewickelt um die Histone, spezielle Verpackungsproteine, die Oktamere aus je 8 Histonproteinen bilden, kann die DNA aber so klein verpackt werden, dass sie Platz in einer Zelle mit 6µm Durchmesser findet. Ein Nukleosom bezeichnet eine Einheit aus einem Histon-Oktamer und der darum herum gewickelten DNA. Im Zusammenhang mit Epigenetik ist es wichtig, einige grundlegende Begriffe zu kennen. Als Chromatin wird „das Material, aus dem die Chromosomen sind“ bezeichnet – ein Komplex aus DNA und speziellen Proteinen.

Seite 7

Je nach Verpackungsgrad und Zugänglichkeit spricht man bei der DNA von Heterochromatin oder Euchromatin: Heterochromatin ist dicht gepacktes Chromatin mit geringer Transkription und findet sich hauptsächlich in DNA-Bereichen ohne Gene. Beim Euchromatin hingegen liegt das Chromatin in aufgelockerter Form vor und ist für Proteine – wie zum Beispiel die Transkriptions-Maschinerie der Zelle – leichter zugänglich. Euchromatin korreliert meist mit aktiven Genen und Transkription.

Das Epigenom bezeichnet- im Gegensatz zum Genom - alle epigenetischen Strukturen des Chromatins einer Zelle, also die Informationsebene „über“ der DNA. Das Epigenom ist dafür verantwortlich, ob Gene aktiv sind oder nicht. Es bestimmt so auch die Identität einer Zelle und ist ein Gedächtnis für äußere Einflüsse, wie später noch erläutert wird.

Seite 8

Um die Unterschiede zwischen Genetik/Genom und Epigenetik/Epigenom noch einmal zu verdeutlichen, sind hier die wichtigsten Eigenschaften kurz zusammengefasst und gegenübergestellt.

Das Genom beinhaltet die komplette genetische Information in Form von Basen, also der Desoxyribonukleinsäure, während das Epigenom die Ebene „darüber“ bezeichnet, also alle biochemischen Modifikation an Basen der DNA oder an den Aminosäuren der umliegenden Proteine (Histone).

Eine Veränderung im genetischen Code selbst, also eine Mutation, hingegen verändert die Basenabfolge. Epigenetische Veränderungen haben im Gegensatz dazu keine Auswirkungen auf die Basenfolge der DNA, sondern verändern die „Lesbarkeit“ der genetischen Information, also wie stark oder schwach ein Gen abgelesen und dann in weiterer Folge in Protein übersetzt werden kann.

Ein weiterer wichtiger Unterschied zwischen Genetik und Epigenetik ist der, dass Mutationen irreversibel sind, während epigenetische Modifikationen per se reversibel, also umkehrbar, sind- sie können angefügt, aber auch wieder entfernt werden. Epigenetik stellt eine zusätzliche Information zu der genetischen Information der Basenabfolge dar.

Seite 9

Es gibt verschiedene Arten epigenetischer Modifikationen, von denen die zwei Haupttypen auf den folgenden Folien vorgestellt werden. Einerseits kann die DNA verändert werden – bei der DNA-Methylierung wird sie mit Methylgruppen versehen, und dies spezifisch an der Base Cytosin. Andererseits können die Histone, also die Proteine, um die die DNA herumgewickelt ist, verändert (modifiziert) werden, indem verschiedene chemische Gruppen angehängt werden.

Zur kurzen Erinnerung: Aminosäuren sind die Bausteine, aus denen Proteinen aufgebaut sind. Epigenetische Markierungen werden vor allem an den Aminosäuren Serin und Lysin angebracht.

Seite 10

Bevor wir uns mit epigenetischen Modifikationen beschäftigen, hier zur Wiederholung noch einmal der Aufbau der DNA. Der Begriff DNA steht für Desoxyribonukleinsäure (Säure= engl. Acid). DNA kommt als doppelsträngiges Molekül vor und bildet eine Doppelhelix.

Die DNA besteht aus einer Desoxyribose, also einem Zucker, der gemeinsam mit Phosphatresten das Rückgrat einer strickleiterförmigen Struktur bildet. Die „Stufen“ der Strickleiter sind die Basen, von denen vier verschiedene in der DNA vorkommen: Adenin, Thymin, Guanin und Cytosin. Jeweils zwei davon können miteinander paaren (Adenin und Thymin, Guanin und Cytosin).

Seite 11

Bei der Methylierung von DNA - einer Art der epigenetischen Modifikation- wird eine Methylgruppe an das 5'-Kohlenstoff-Atom eines Cytosins in der Basenabfolge der DNA angehängt. Eine Methylgruppe ist eine Kohlenwasserstoffverbindung, die sich aus einem Kohlenstoffatom (C) und 3 Wasserstoffatomen (H) zusammensetzt. Dies passiert mit Hilfe von speziellen Proteinen, den so genannten DNA-Methyltransferasen, die die Methylgruppe von einem Substrat auf die DNA übertragen.

Die genetische Information wird an Stellen mit methylierter DNA meist nicht abgelesen, während Gene an Stellen, wo die DNA unmethyliert ist, abgelesen werden können. Methylierung von DNA ist somit assoziiert mit „stillgelegten“ Genen.

Seite 12

Die wichtigsten beiden Arten der Histon-Modifikationen stellen die Methylierung und die Acetylierung dar. Die Gene auf der DNA können nur dann abgelesen werden, wenn sich das Chromatin in einer geöffneten Form befindet. Bei geschlossenem Chromatin ist der Zugang zur DNA begrenzt, und Gene können nicht abgelesen werden.

Werden bestimmte Aminosäuren der Histone methyliert, kommt es zu einer engeren Verpackung der DNA, und so können bestimmte Proteine, die für das Ablesen der Gene nötig sind (Transkriptionsfaktoren), nicht mehr gut an die DNA binden. Folglich werden die Gene an diesen Stellen im Genom nicht abgelesen.

Genau umgekehrt ist es hingegen bei der Acetylierung von Aminosäuren der Histonen. Diese Veränderung (Modifikation) führt zu einer losen Verpackung der DNA, so dass Transkriptionsfaktoren gut binden und Gene abgelesen werden können.

Seite 13

Es sind noch drei weitere Arten der Histon-Modifikation bekannt: Phosphorylierung, Ubiquitinierung und Sumoylierung. Die Phosphorylierung (Anhängen von Phosphatgruppen an bestimmte Aminosäuren der Histone) führt zumeist zu einer Aktivierung der Transkription, also einem Ablesen der Gene. Das Anhängen eines Ubiquitin-Moleküls (eines kleinen Proteins) führt -abhängig vom Ort der Modifikation- entweder zu einem Ablesen oder Stilllegen der genetischen Information. Die Sumoylierung (das Anhängen eines Proteins namens SUMO) verhindert das Ablesen von Genen.

Seite 14

Hier noch einmal eine Übersicht über bestimmte Modifikationen an Histonen, die sich entweder aktivierend oder reprimierend auf die Genaktivität auswirken. Die Abkürzungen H2A, H2B, H3 und H4 stehen für verschiedene Typen von Histonproteinen.

Seite 15

Es gibt verschiedene Proteine, die in der Epigenetik wichtige Rollen spielen. Zum einen die Proteine, die die epigenetischen Modifikationen an der DNA oder an den Histonen anbringen. Dann auch Proteine, die Modifikationen in weiterer Folge lesen, interpretieren und weitere Schritte einleiten. Und dann auch solche, die Modifikationen wieder entfernen. Ihren Aufgaben entsprechend werden diese Proteine in drei Klassen eingeteilt: Writers, Readers und Erasers.

Writers sind Proteine, die spezifisch bestimmte Modifikationen an der DNA oder an den Aminosäuren der Histone anbringen. Zu den Writers, die die DNA verändern, gehören die DNA-Methyltransferasen, welche an der Base Cytosin der DNA Methylgruppen anhängen. B

Bei den Writers, die Modifikationen von Histonen vornehmen, sind folgende Proteine hervorzuheben: Kinasen hängen Phosphatgruppen an bestimmte Aminosäuren der Histone an, Acetyltransferasen befestigen Acetylgruppen spezifisch an Aminosäuren, und Methyltransferasen fügen Methylgruppen an Aminosäuren der Histone an.

Seite 16

Als "Readers" bezeichnet man Proteine, die epigenetische Modifikationen oder Kombinationen von verschiedenen Modifikationen am Chromatin erkennen (detektieren) können und dann daran binden. Oft rekrutieren sie anschließend andere Proteine an diese Stelle, um weitere Modifikationen durchzuführen und so das Chromatin z.B. noch weiter zu kompaktieren. Es gibt unzählige verschiedene Reader- Proteine, die zahlreiche Funktionen erfüllen können. Teilweise kommen Reader-Domänen auch als Teil von Writers oder Erasers vor.

<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC4380191/>

“Readers, writers and erasers: Chromatin as the Whiteboard of Heart Disease”, Thomas G. Gillette and Joseph A. Hill, Circulation Research, March 2015

Seite 17

Erasers nennt man Proteine, die spezifisch bestimmte Modifikationen an der DNA oder an den Aminosäuren der Histone wieder entfernen können. Das ist ein wichtiger Aspekt der Epigenetik, denn epigenetische Veränderungen sind reversibel. Aktive Demethylierung von DNA war lange Zeit umstritten. Heute weiß man aber, dass es Enzyme gibt, die Methylgruppen in mehreren Schritten wieder von Cytosinen entfernen können.

Um chemische Gruppen von den Aminosäuren der Histone zu entfernen, gibt es Phosphatasen, die Phosphatreste abspalten. Deacetylasen entfernen Acetylgruppen, und Demethylasen entfernen Methylgruppen.

<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC4400391/>

“DNA Methylation, Its Mediators and Genome Integrity”, International Journal of Biological Sciences, April 2015

Seite 18

In den folgenden Folien wird die Rolle der Epigenetik in Hinblick auf Entwicklung und Differenzierung, Krankheit und Ernährung kurz erläutert.

Seite 19

Die Epigenetik spielt eine wichtige Rolle bei Entwicklung und Differenzierung. Nur durch einen der DNA übergeordneten Regulations-Mechanismus kann ein ganzer Organismus aus einer befruchteten Eizelle entstehen.

Tatsache ist, dass jede einzelne Zelle eines Individuums aus identischer DNA besteht. Um die Identität und Funktion einer Zelle festzulegen, müssen in so genannten Vorläuferzellen bestimmte Gene aktiviert oder reprimiert (unterdrückt) werden, dann kommt es zur Differenzierung. Pflanzliche und tierische Zellen „erinnern“ sich dabei an ihren Status, man spricht vom „epigenetischen zellulären Gedächtnis“: Der Determinationszustand von Zellen ist über Zellteilungen hinweg auf Tochterzellen übertragbar.

Seite 20

Aus der befruchteten Eizelle (Oocyte) entsteht durch progressive Entwicklung ein gesamter Organismus. Dabei findet so genanntes epigenetisches Reprogrammieren statt:

Die befruchtete Oocyte (Eizelle) ist totipotent (=omnipotent) und kann somit alle Zelltypen des Körpers und auch extraembryonisches Gewebe hervorbringen. Nach ein paar Zellteilungen verliert die Oocyte diese Fähigkeit, und es entstehen so genannte embryonische Stammzellen (ES-Zellen), die pluripotent sind. Aus ihnen kann auch noch eine Vielzahl an verschiedenen Körperzellen entstehen, aber kein extraembryonisches Gewebe mehr. Im weiteren Verlauf der Entwicklung und Differenzierung entstehen so genannte adulte Stammzellen. Diese sind multipotent, aus ihnen kann eine limitierte Anzahl an Zelltypen entstehen. Damit diese progressive Entwicklung von der befruchteten Eizelle bis zu einem erwachsenen Organismus erfolgen kann, ist die epigenetische Kontrolle der Genaktivität äußerst wichtig. Nur wenn bestimmte Gene in den richtigen Zellen zur richtigen Zeit abgelesen bzw. stillgelegt werden, kann ein gesunder Organismus entstehen.

Seite 21

Einen anschaulichen Vergleich zu den epigenetischen Abfolgen in einem Organismus liefert Thomas Jenuwein, Direktor und Forschungsgruppenleiter am Max-Planck-Institut für Immunbiologie und Epigenetik in Freiburg und Epigenetiker der ersten Stunde: „Nachdem ein Buch geschrieben ist, ist der Text (die Gene oder die in der DNA gespeicherte Information) in allen an den interessierten Leserkreis verteilten Kopien der gleiche. Jedoch wird jeder einzelne Leser des Buchs die Geschichte auf etwas unterschiedliche Weise interpretieren, mit sich im Laufe der Kapitel unterschiedlich entwickelnden Gefühlen und Erwartungen. In sehr ähnlicher Weise ermöglicht die Epigenetik verschiedene Interpretationen einer festen Vorlage (das Buch oder der genetische Code), was je nach den variablen Bedingungen, unter denen die Vorlage betrachtet wird, zu unterschiedlichen Lesarten führt.“

Seite 22

Manche Krankheiten konnten bereits mit bestimmten epigenetischen Mustern in Zusammenhang gebracht werden. Generell geht man heute davon aus, dass Ernährung, Umwelt und Stress oft entscheidend dafür sind, wann Krankheiten ausbrechen und wie schwer sie sind.

Bei Krebs wird die Aktivität von Schutzgenen, so genannten Tumor-Suppressor-Genen, durch Veränderungen im Chromatin unterdrückt. Da diese Schutzgene nun nicht mehr wirksam sind, können Krebszellen ungehindert wachsen.

Für chronische Leberleiden, rheumatoide Arthritis oder Depressionen konnte folgendes gezeigt werden: eine zu geringe Menge eines wichtigen Coenzym für DNA-Methylierung liegt vor, und bestimmte Gene können so nicht methyliert und damit abgeschaltet werden. Methylspendende Nahrungsbestandteile wie Folsäure und Biotin zum Beispiel könnten hier dem Erkrankungsrisiko oder der Krankheitsaktivität entgegenwirken.

Heute gibt es bereits erste Therapieansätze mit epigenetischen Wirkstoffen, um chronische Entzündungen abzuschwächen, Tumore schrumpfen zu lassen oder neurodegenerative Erkrankungen zu behandeln, erklärt Thomas Jenuwein in einem Interview: <https://www.apotheken-umschau.de/Medizin/Epigenetik-Wie-die-Umwelt-unsere-Gene-beeinflusst-521741.html>

Seite 23

Heute weiß man, dass Reize aus der Umwelt – wie beispielsweise Ernährung oder Stress- Auswirkungen auf die epigenetischen Modifikationen eines Organismus haben können. So kann zum Beispiel die Art der Ernährung bestimmte Modifikationen begünstigen. Für den Einfluss der Ernährung gibt es mittlerweile etliche gut dokumentierte Beispiele.

Oft wird in diesem Zusammenhang der Hunger-Winter in den Niederlanden (Dutch hunger winter) in den Jahren 1944-1945 genannt. Damals herrschte eine große Hungersnot. Die Kinder der Frauen, die in diesen harten Zeiten schwanger wurden, sind mittlerweile über sechzig Jahre alt. Wie Untersuchungen zeigen, leiden diese stärker unter chronischen Erkrankungen wie Diabetes, Herz-/Kreislaufkrankungen und Fettleibigkeit als ihre Geschwister, die in besseren Zeiten auf die Welt kamen. Somit hat das Hungern noch im Mutterleib das Leben der Betroffenen bis ins hohe Alter beeinflusst. Erklärt wird dieses Phänomen heute durch epigenetische Anpassungen im Fötus. Einige der epigenetischen Veränderungen dürften sogar über eine Generation hinweg an die Enkelkinder weitergegeben worden sein, wird in dieser Publikation beschrieben:

Painter R et al. (2008): Transgenerational effects of prenatal exposure to the Dutch famine on neonatal adiposity and health in later life. BJOG: An International Journal of Obstetrics & Gynaecology 115: 1243-1249. doi:10.1111/j.1471-0528.2008.01822.x

Eine Veränderung des Insulinmetabolismus dürfte in Zusammenhang mit den Hunger-induzierten Veränderungen stehen: das Gen für den Insulin-artigen Wachstumsfaktor II weist bei Betroffenen weniger starke Methylierung auf als bei nicht betroffenen Geschwistern:

Heijmans BT et al. (2008) Persistent epigenetic differences associated with prenatal exposure to famine in humans. Proceedings of the National Academy of Sciences of the USA 105: 17046-17049. doi:10.1073/pnas.0806560105

Seite 24

Auch bei Honigbienen spielt die Ernährung – und nicht die DNA der Tiere - eine entscheidende Rolle: einzig und allein das Futter bestimmt, ob sich aus einer Larve eine Königin oder eine Arbeiterbiene entwickelt. Die zukünftigen Königinnen bekommen Gelee royal gefüttert. Dadurch wird das Ablesen der Gene so abgeändert, dass eine Königin entsteht.

Auch die Agouti-Mäuse sind ein bekanntes Beispiel für den Einfluss der Ernährung auf Genexpression. Mäuse mit einem aktiven Agouti-Gen zeichnen sich durch gelbes Fell und eine Neigung zur Fettleibigkeit aus. Durch DNA-Methylierung kann dieses Gen inaktiviert werden. Wird eine trächtige Agouti-Maus mit Nahrungszusätzen gefüttert, die eine Abspaltung von Methylgruppen bewirken (z.B. Folsäure oder Cholin), werden diese auf die Agouti-Gene der Nachkommen übertragen, und diese werden methyliert. Das hat die Inaktivität der Gene zur Folge, und die Nachkommen verlieren die phänotypische Ausprägung des Agouti-Gens: sie haben braunes Fell und zeigen keine verstärkte Neigung zur Fettleibigkeit.

Seite 25

Hier noch einige Beispiele für Nahrungsmittel bzw. Nahrungsergänzungsmittel, von denen man annimmt, dass sie epigenetische Veränderungen bewirken. Schwangeren Frauen und solchen, die eine Schwangerschaft planen, wird heute die Einnahme von Folsäure angeraten. Somit soll Entwicklungsstörungen wie der Spina bifida („offener Rücken“) oder anderen Defekten des Neuralrohres vorgebeugt werden, die mit einem Folsäuremangel während der Schwangerschaft in Verbindung gebracht werden. Gute Informationen zu diesem Thema gibt es unter diesem Link:

Hayes E, Maul H, Freerksen N (2009) Folsäure: warum Schülerinnen und Schüler wissen sollten, was es mit Folsäure auf sich hat. Science in School 13: 59-64.

Auch bei Erwachsenen dürfte es – auch aus epigenetischer Sicht – wichtig sein, wie sie sich ernähren. Bestimmte Nahrungsmittel haben potentiell epigenetische Wirkung. Beispiele dafür sind: Nahrungsmittel mit viel Folsäure- wie beispielsweise Avocado oder Bananen- und mit viel Biotin sind „Methylspender“. Auch grüner Tee und Curcumin sollen epigenetische Wirkung haben – noch viele mehr sind in der Literatur zu finden. Zumindest bei in vitro-Experimenten in Zellkultur konnten epigenetische Effekte bestimmter Stoffe bereits gezeigt werden:

Gerhauser C (2013) Cancer chemoprevention and nutri-epigenetics: state of the art and future challenges. Topics in Current Chemistry 329: 73-132. doi:10.1007/128_2012_360

Fraglich ist, ob dieselben Auswirkungen auch auf den Menschen zutreffen. Was aus epidemiologischen Studien allerdings schon bekannt ist: Bestimmte Bevölkerungsgruppen, die große Mengen dieser Lebensmittel konsumieren, dürften weniger anfällig für bestimmte Krankheiten sein:

Siddiqui IA et al. (2007) Tea beverage in chemoprevention and chemotherapy of prostate cancer. Acta Pharmacol Sinica 28(9): 1392-1408. doi:10.1111/j.1745-7254.2007.00693.x (Siddiqui et al., 2007).

Eine Schwierigkeit bei den Untersuchungen in diese Richtung stellt die Tatsache dar, dass die Stoffe nicht nur epigenetische Effekte haben, sondern auch Einfluss auf andere biologische Funktionen im Körper haben. Außerdem wissen wir noch nicht genau, wie stark manche Stoffe im Verdauungstrakt abgebaut werden und wie viele aktiven Komponenten dann überhaupt noch wirken können.

Seite 26-29

Wir wünschen einen spannenden Unterricht zum Thema Epigenetik!

Wir bedanken uns recht herzlich bei Ass.-Prof. Priv.-Doz. Mag. Dr. Gerda Egger, Medizinische Universität Wien, Department of Pathology, für die Unterstützung beim Erstellen dieser Unterlagen!

Das Erstellen der Unterlagen erfolgte im Rahmen eines durch das Bundesministerium für Wissenschaft, Forschung und Wirtschaft finanzierten Projekts.

Nutzungsbedingungen für den Foliensatz „EPIGENETIK- Grundlagen, Bedeutung und aktuelle Forschung“: cc/: by-nc-sa