



Gesellschaft für Genetik

Präsident: Prof. Dr. Frank Kempken
Christian-Albrechts-Universität zu Kiel
Abt. Botanische Genetik und Molekularbiologie
Olshausenstraße 40
24098 Kiel
Tel: 0431-880 4274, Fax: 0431-880 4248
fkempken@bot.uni-kiel.de

Vizepräsidenten:
Prof. Dr. Ann Ehrenhofer-Murray
Humboldt-Universität zu Berlin
Institut für Biologie
Philippstr. 13
Rhoda-Erdmann-Haus
10099 Berlin
Tel: 030-2093 49630
ann.ehrenhofer-murray@hu-berlin.de

Prof. Dr. Reinhard Köster
Technische Universität Braunschweig
Zoologisches Institut
Spielmannstraße 7
38106 Braunschweig
Tel: 0531-391 3230, Fax: 0531-391 3222
r.koester@tu-bs.de

Schatzmeister: Prof. Dr. Johannes Beckers, EMBA
Helmholtz-Zentrum München GmbH
Institut für Experimentelle Genetik
Ingolstädter Landstr. 1
85764 Neuherberg
Tel: 089-3187 3513
beckers@helmholtz-muenchen.de

Schriftführerin: Dr. Christina Rathke
Philipps-Universität Marburg
Fachbereich Biologie
AG Entwicklungsbiologie der Tiere
Karl-von-Frisch-Straße 8
35043 Marburg
Tel: 06421-28 23474, Fax: 06421-28 21538
rathke-gfg@web.de

Der Beirat:
Prof. Dr. Gerhard H. Braus
Georg-August-Universität Göttingen
Abteilung Molekulare Mikrobiologie und Genetik
Grisebachstraße 8
37077 Göttingen
Tel: 0551-39 33771, Fax: 0551-39 33330
gbraus@gwdg.de

Prof. Dr. Christian Hammann
Jacobs University Bremen gGmbH
Campus Ring 1
28759 Bremen
Tel: 0421-200 3247, Fax: 0421-200 3249
c.hammann@jacobs-university.de

Prof. Dr. Wolfgang Nellen
Universität Kassel
Abteilung Genetik
Heinrich-Plett-Straße 40
34132 Kassel
Tel: 0561-804 4805, Fax: 0561-804 4800
nellen@uni-kassel.de

Prof. Dr. Leonie Ringrose
Humboldt-Universität zu Berlin
IRI für Lebenswissenschaften
Philippstr. 13
10115 Berlin
Tel: 030-2093 8165
leonie.ringrose@iri-lifesciences.de

Prof. Dr. Angelika Schnieke
TU München-Wissenschaftszentrum Weihenstephan
Biotechnologie der Nutztiere
Liesel-Beckmann-Str. 1
85350 Freising-Weihenstephan
Tel: 08161-71 2004, Fax: 08161-71 2108
schnieke@wzw.tum.de

Mitgliedsbeiträge:
Vollmitglieder 70,- €
Einzelpersonen mit Partner 80,- €
Studierende/Arbeitssuchende 25,- €
(Nachweis erforderlich)
Pensionäre (Nachweis erforderlich) 45,- €

Bankverbindung:
Gesellschaft für Genetik eV
Hypovereinsbank
IBAN DE10700202700015357971
BIC HYVEDE33XXX

CfG-Homepage:
www.gfgenetik.de/www.gfgenetik.com

150 Jahre „Versuche über Pflanzen-Hybriden“ von Johann Gregor Mendel

(J. G. Mendel-Tag an der Carl von Ossietzky Universität
Oldenburg)

■ Im Jahre 1866 erschien die wegweisende Publikation von J. G. Mendel (1822–1884) über seine Erbsenkreuzungen, die ihn zu den heute in der Genetik als Mendelsche Regeln bezeichneten Erkenntnissen führten. Damit war die Wissenschaft der Genetik gegründet. Historisch gesehen war seine Entdeckung, dass elterliche Merkmale über „Elemente“ (heute: Gene) unvermeidlich und statistisch vorhersagbar auf Nachkommen übergehen, verfrüht. Als dieses Wissen erst mehr als drei Jahrzehnte später um 1900 die wissenschaftliche Welt erreichte, hatte dies einen immensen Einfluss auf Wissenschaft und Gesellschaft. Sehr bald wurde die landwirtschaftliche Züchtung von Pflanzen und Tieren auf ein planvolles Produktionsniveau gehoben. Die medizinische Bewertung von familiären (Erb-) Krankheiten änderte sich und neue gesellschaftliche und politische Strömungen setzten international ein. Die Mechanismen evolutionärer Prozesse wurden erkennbar und die Entstehung der molekularen Zellbiologie begann.

Um das 150-jährige Jubiläum der Mendelschen Entdeckung zu würdigen, wurde am 15.6.2016 an der C.v.O. Universität Oldenburg ein kompaktes Symposium mit vier Hauptrednern (Abb. 1) veranstaltet. In diesem wurde anhand laufender Forschungen Mendels Entdeckung historisch neu beleuchtet und gegenwärtige Konzepte der Genetik, insbesondere in der Pflanzenzüchtung, der Nicht-Mendelschen Genetik (Epigenetik), der Tumorforschung und der personalisierten Medizin, vorgestellt.

Nach der Eröffnung des Mendel-Tages durch den Organisator (Prof. Dr. Wilfried Wackernagel) wurden die Gäste von Prof. Dr. Gregor Theilmeier (Dekan der Fakultät für Medizin und Gesundheitswissenschaften) und von Prof. Dr. Christian Hammann (Dept. Life Sciences and Chemistry, Jacobs Universität Bremen; Beiratsmitglied der Gesellschaft für Genetik) begrüßt.

Nach der in Lehrbüchern der Genetik und in Schulbüchern und Lexika verbreiteten Ansicht wurden Mendels Befunde „im Jahr 1900 gleichzeitig und unabhängig wiederentdeckt“ von den drei Botanikern Hugo de Vries (Niederlande, 1848–1935), Carl Correns (Deutschland, 1864–1933) und Erich von

Tschermak-Seysenegg (Österreich, 1871–1962). Als erster Hauptredner beschrieb Prof. Dr. Uwe Hoßfeld (Universität Jena) in seinem Vortrag (J. G. Mendel, der „Tschechische Darwin“? – Altes und Neues aus der Mendelforschung), dass die wissenschaftshistorische Forschung, beginnend in den 1950er Jahren, die verbreitete Darstellung der „Wiederentdeckung“ nach der Analyse von Quellen und den Forschungsprofilen der drei Wissenschaftler zunehmend in Frage stellt. Tatsächlich wurde Erich von Tschermak-Seysenegg später der Rang eines „Wiederentdeckers“ abgesprochen, weil er aus seinen Erbsenkreuzungen keine generellen Schlussfolgerungen zog und die Ergebnisse nicht in einem angemessenen Rahmen und zutreffenden Bezug zu Mendels Werk darstellen konnte. Als neuen und zusätzlichen Aspekt legte Prof. Hoßfeld dar, dass nach Auswertung von Briefen der ältere Bruder von Erich Tschermak-Seysenegg, der Physiologe Prof. Armin von Tschermak-Seysenegg (Universität Halle, später Universität Prag), maßgeblich als treibende Kraft hinter Erichs Aktivitäten stand, in dem er z. B. seine Forschung plante, experimentelle Ratschläge gab, bei Berechnungen half und seine Manuskripte korrigierte. Die Quellen belegen, dass die „Wiederentdeckung“ weniger unabhängig erfolgte als allgemein angenommen wird, da die beiden Brüder von den Aktivitäten von de Vries und Correns als Konkurrenten wussten. Obendrein kannte Armin das Werk von Mendel sehr wohl und Erich war der letzte der drei Botaniker, der mit Kreuzungsversuchen begann. Der Mythos von den „drei gleichzeitigen und unabhängigen Wiederentdeckern“ wurde nach Quellenlage vom älteren der beiden Brüder über Jahrzehnte in zahlreichen Publikationen aufgebaut und am Leben erhalten, auch in einem Rundfunkvortrag am 6. August 1939, wahrscheinlich, um die akademische Laufbahn seines jüngeren Bruders zu unterstützen.

Die „Wiederentdeckung“ von Mendels bahnbrechendem Werk wandelte die Pflanzenzüchtung von einem früher eher intuitiven Bemühen in eine moderne, wissenschaftsbasierte Technologie, die dramatische Ertragssteigerungen bewirkte. Dies kulminierte in der „Grünen Revolution“ der 1960er Jahre.

Prof. Dr. Hans-Jörg Jacobsen (Universität Hannover) erläuterte in seinem Vortrag (Grüne Gentechnik gibt es seit über 30 Jahren: was haben wir erreicht und wo hakt es?), dass aber zum Ende der 1970er Jahre klar wurde, dass angesichts der notwendigen Kreuzbarkeit der Ausgangslinien und einem nur begrenzten Genpool der landwirtschaftlichen Pflanzen, die Grenzen der konventionellen Kreuzungen erreicht waren. Auch die eher spärlichen Resultate von drei Jahrzehnten der Mutationszüchtung machten deutlich, dass die Pflanzenzucht neue Werkzeuge benötigte, um die Weltbevölkerung nachhaltig zu ernähren, d. h. mit Einsatz von weniger Pflanzenschutzmitteln, Dünger und Wasser. So war die molekulare Aufklärung des horizontalen Gentransfers von *Agrobacterium tumefaciens* auf Pflanzenzellen, maßgeblich in den 1980er Jahren am Max-Planck-Institut in Köln, eine weitere bahnbrechende Entdeckung für die Pflanzenzucht. Mit speziellen Agrobakterien wurde es möglich, in die Zellen einer Pflanze Gene aus einer nicht mit ihr kreuzbaren Pflanze oder aus anderen Organismengruppen einzuführen, so dass gentechnisch veränderte Organismen (GVOs) entstanden. Insbesondere Resistenz- und Qualitätseigenschaften wurden in zahlreichen Agrarpflanzen verbessert, die heute weltweit auf einem Großteil der Landwirtschaftsfläche wachsen. Seit kurzem ist anhand der Genomanalyse der klassischen Süßkartoffel wissenschaftlich erwiesen, dass horizontaler Gentransfer durch *Agrobacterium* ein natürlicher Prozess ist und seit jeher zur Evolution beiträgt. Um so erstaunlicher ist es, dass Nicht-Regierungsorganisationen (NROs) so feindlich gegen GMOs vorgehen. Die meisten der transgenen Pflanzen sind insekten- oder herbizidtolerant und haben weltweit zur Verringerung des Einsatzes von Agrarchemikalien beigetragen. Pflanzen mit vermindertem Wasserbedarf oder erhöhter Salztoleranz (für künstlich bewässerte Äcker) werden bereits in den USA und Kanada erprobt. In Deutschland warten entsprechende Pflanzen wahrscheinlich vergeblich auf Erprobung. Der schlimmste Fall ist der des „Golden Rice“, ein transgener Reis mit erhöhtem Gehalt an Provitamin A zur Bekämpfung des Vitamin A Mangels, der vor allem bei Kindern in Entwicklungsländern jährlich in hunderttausenden Fällen zur Erblindung und zum Tod führt. Die Anti-GMOs-NROs behindern die Nutzung dieses Produktes (www.goldenrice.org) mit oft falschen und irreführenden Argumenten, um so einen Erfolg dieses GMO zu verhindern.



Akteure des Mendel-Tages (v.l.n.r.): Prof. Dr. Benedikt Brors, Prof. Dr. Uwe Hoßfeld, Prof. Dr. Christoph Plass, Prof. Dr. Hans-Jörg Jacobsen, Prof. Dr. Christian Hammann, Prof. Dr. Wilfried Wackernagel

Die Genetik hat sich auch auf dem Gebiet der Nicht-Mendelschen Genetik entwickelt. Ein besonderes Beispiel sind epigenetische Modifikationen, die nicht die Nukleotidsequenz des Genoms verändern, aber dennoch starken Einfluss auf die Expressionsmuster von Genen haben. Diese Expressionsmuster sind bei normaler Entwicklung der Zellen strikt reguliert, bleiben konstant während mitotischer Zellteilungen erhalten und sind spezifisch für jeden Zelltyp. In Krebszellen dagegen sind die Muster gestört. Tatsächlich liegen die Enzyme, die epigenetische Modifikationen wie DNA-Methylierungen herbeiführen und auch wieder entfernen können, als Folge von Mutationen in Krebszellen oft verändert vor, erläuterte Prof. Dr. Christoph Plass (Deutsches Krebsforschungszentrum Heidelberg) in seinem Vortrag (Epigenetik und Krebs: vom Ein- und Ausschalten der Gene und der Bedeutung der Ursprungszelle). Die Suche nach der Zelle des Ursprungs eines Tumors war einer der Schwerpunkte seines Vortrages. Neuere Forschungen zeigen, dass die Bestimmung des Gesamt-Methylierungsmusters (Methylom) die Klassifizierung von Tumoren enorm erleichtert. Krebsuntergruppen können durch das spezifische Methylierungsmuster der Ausgangszelle des Tumors, das im Tumorgenom bewahrt bleibt, besser definiert werden. Die Untergruppen weisen unterschiedliche Defekte auf und zeigen deshalb auch oft unterschiedliche Reaktionen auf Therapieansätze. Die Chronische Lymphatische Leukämie (CLL) in ihren unter-

schiedlichen Ausprägungen entsteht typischerweise aus einer zellulären Entwicklungslinie, in der sich naive B-Zellen unter massiver epigenetischer Reprogrammierung zu reifen B-Zellen entwickeln. Das Methylom der Tumorzellen bei CLL entspricht tatsächlich demjenigen der Entwicklungsstufe auf dem Weg zur B-Zellreifung, aus der sich die Tumorzellen herleiten. CLL Untergruppen, die aus Zellen früh in der B-Zellreifung stammen, führen zu viel aggressiverer Leukämie als solche aus späteren Entwicklungsstufen. Es wird ein wichtiges Ziel zukünftiger Forschung sein, die molekularen Ursachen für epigenetische Funktionsstörungen zu finden. Ebenso ist es wünschenswert, epigenetische Biomarker zu entwickeln, um die Wirkung von Therapien vorab prognostizieren zu können. Wenn man den Ablauf der fehlerhaften epigenetischen Maschinerie in Krebszellen besser versteht, lassen sich leichter synergistische Kombinationen von Medikamenten identifizieren.

Informationen über Mutationen und genetische Varianten in Gesamt-Genomen von Organismen kann man heute dank moderner Sequenzierungsmethoden ohne großen Aufwand erhalten. Dies gilt auch für das menschliche Genom. Die resultierenden Daten werden zunehmend für medizinische Behandlungen verwendet, die maßgeschneidert für die genetische Konstitution eines Individuums sind, erläuterte Prof. Dr. Benedikt Brors (Deutsches Krebsforschungszentrum Heidelberg) in seinem Vortrag (Personalisierte

Medizin und Genom-Medizin: wo stehen wir, was ist möglich?). Für diese Art der Behandlung wurde der Begriff „Personalisierte Medizin“ geprägt. Dieser sei aber irreführend, da er die Person des Patienten quasi auf seine Nukleotidsequenz reduziert und man gerechterweise sagen muss, dass Ärzte sich seit jeher „persönlich“, d. h. individuell um ihre

Patienten bemühen. Bei der Verwendung von Genomdaten sei der Begriff „Präzisionsmedizin“ besser. Die Kenntnis von Genomdaten hat zu einer außerordentlichen Verbesserung in vielen medizinischen Bereichen geführt. So wurde die Behandlung seltener Krankheiten (es gibt ca. 8000), von denen die meisten erblich sind und sich entsprechend der

Mendelschen Regeln verhalten, weil sie wahrscheinlich monogenetisch sind, deutlich verbessert. Heute versucht man die Ursache der Krankheiten zu finden, indem man eine Kombination von Genomanalyse, Ermittlung von Allelhäufigkeiten in Populationen und Hypothesen über den betroffenen Biosyntheseweg bei der Pathogenese anwendet. In etwa 40 – 60% der untersuchten Fälle kann die Ursache identifiziert und oft eine Therapie eingeleitet werden. Auch bei der Krebstherapie ist die Genomanalyse von Hilfe, weil Krebs fast immer aus somatischen Mutationen in Onkogenen oder Tumorsuppressor-Genen resultiert. Die Ergebnisse ermöglichen oder erleichtern die Wahl einer geeigneten Therapie. Die Erfahrungen am Krebsforschungszentrum mit mehreren hundert Fällen fortgeschrittener Tumore zeigten, dass häufig eine verbesserte Diagnose (8%) möglich war und eine gezieltere Behandlung mit zugelassenen Therapeutika (60%). Zukünftige Forschung in der Genom-Medizin wird sich auch auf die Identifizierung genetischer Prädispositionen von Individuen und die Analyse komplexer genetischer Wechselwirkungen als Krankheitsursache erstrecken.

Im Anschluss an die Vorträge gab es großen Beifall für die ausgezeichneten Referenten. Die Zuhörer, zwar in geringerer Zahl als erwartet, nutzten das Forum zu lebhaften und vertiefenden Diskussionen.

Als Mendels genetischer Weckruf vor 150 Jahren lange Zeit ungehört verhallte, soll er gesagt haben: „Meine Zeit wird noch kommen“. Der J. G. Mendel-Tag machte deutlich, dass sich die Genetik seit jener Zeit zu einer immensen Kraft in der Biologie und den angrenzenden Wissenschaften entwickelt hat und eine eindrucksvolle Rolle in Wissenschaft und Alltag spielt.

Der Mendel-Tag wurde unterstützt von der Carl von Ossietzky Universität Oldenburg und der Gesellschaft für Genetik. ■

AUSSCHREIBUNG

Elisabeth-Gateff-Preis

Doktorand(inn)enpreis der GfG: Bewerbungen ab sofort ganzjährig möglich!

Die Gesellschaft für Genetik vergibt einmal pro Jahr den mit € 3000 dotierten Elisabeth-Gateff-Preis für herausragende Promotionsarbeiten.

Interessierte Wissenschaftler(innen) mit herausragenden Promotionsarbeiten können sich bis zu einem Jahr nach der Promotion direkt bewerben oder von dritter Seite vorgeschlagen werden.

Entweder der(die) Bewerber(in) oder der/die Vorschlagende muss Mitglied der Gesellschaft für Genetik sein.

Die Arbeit, die in deutscher oder englischer Sprache abgefasst sein kann, muss auf einem Gebiet der Genetik angesiedelt und zum überwiegenden Teil in Deutschland oder von einer deutschen Doktorandin bzw. einem deutschen Doktoranden im Ausland angefertigt sein.

Die eingereichten Arbeiten werden von einer Jury bestehend aus Vorstands- und Beiratsmitgliedern der Gesellschaft für Genetik bewertet.

Die Verleihung des Preises erfolgt jeweils im Rahmen der Jahrestagung der Gesellschaft für Genetik bei der der/die Preisträger/in die Promotionsarbeit in einem Vortrag vorstellen wird.

Die Bewerbungen bzw. Vorschläge können jederzeit beim Präsidenten der Gesellschaft für Genetik eingereicht werden (jährlicher Stichtag **15. Mai**):

Prof. Dr. Frank Kempken

Christian-Albrechts-Universität zu Kiel
Abteilung Botanische Genetik und Molekularbiologie
Olshausenstraße 40
24098 Kiel
E-Mail: fkempken@bot.uni-kiel.de

Die Bewerbungen/Vorschläge müssen in elektronischer Form eingereicht werden und die Dissertationsschrift, eine Zusammenfassung mit Erläuterungen zur Bedeutung der Arbeit sowie eine Publikationsliste und einen Lebenslauf enthalten.



Prof. Dr. Dr. h.c. Wilfried Wackernagel