

Next Generation Sequencing

Schneller, kleiner, preisgünstiger

Die DNA-Sequenzierung gehört heute zu den wichtigsten Basistechnologien der Lebenswissenschaften und Medizin. Systeme für das besonders schnelle und zunehmend preisgünstigere Next Generation Sequencing sind inzwischen auch als Tischgeräte verfügbar.

Vor über 30 Jahren präsentierte der britische Biochemiker und zweifache Nobelpreisträger Frederick Sanger die komplette DNA-Sequenz eines Phagengenoms, die er – Base für Base – mit einer damals revolutionären Kettenabbruchmethode herausgefunden hatte.

Sequenzierautomaten der heutigen Generation nutzen ein ganz anderes Verfahren: Beim sogenannten *Next Generation Sequencing* (NGS) wird eine große Zahl von Fragmenten gleichzeitig in einem Lauf gelesen. Dafür müssen die DNA-Stränge zuerst an eine Matrix, zum Beispiel an mikroskopisch kleine Beads, binden. Anschließend werden bestimmte Fragmente mittels PCR (*Polymerase Chain Reaction*) vervielfältigt; dieser Zwischenschritt stellt sicher, dass von jeder einzelnen Sequenz ge-

nügend viele Kopien vorliegen. So können auch seltene Genvarianten bestimmt oder Erreger (Bakterien, Viren, Pilze) entdeckt werden, die in der Probe nur in geringer Zahl vorliegen. Bei der klassischen Methode nach Sanger würden solche seltenen Sequenzen im Grundrauschen untergehen.

Bioinformatikprogramme setzen dann aus den Buchstabenfolgen der Schnipsel mit aufwendigen Algorithmen und Datenbankvergleichen den genetischen „Text“ zusammen. Mit den neuesten Systemen kann man Tausende von Basen pro Sekunde identifizieren. Das Ziel ist letztlich die Sequenzierung großer Genome innerhalb eines Tages für unter 1.000 Euro; damit rückt der Einsatz für die Diagnostik, zum Beispiel in der Humangenetik oder Onkologie, näher (s. S. 224).

Die derzeit auf dem Markt befindlichen NGS-Lösungen unterscheiden sich hauptsächlich in der verwendeten Sequenzieretechnik und den erreichbaren Leselängen (*Reads*). Für die medizinische Diagnostik kommt es besonders auf die Länge der Reads an, um auch über größere Bereiche identische Fragmente sicher zu unterscheiden, weit voneinander entfernte Genvariationen funktionell miteinander zu verknüpfen oder hochvariable Abschnitte zu überbrücken – beispielsweise in Virusgenomen oder HLA-Genen. Mittlerweile sind relativ preisgünstige NGS-Benchtop-Lösungen auf dem Markt, von denen insbesondere kleinere Labore profitieren. 🌸

Frederike Buhse, Wissenschaftsjournalistin
buhse@die-fachwerkstatt.de

Functional Genomics & Proteomics

Applications, Molecular Diagnostics & Next Generation Sequencing

**2.-3. Februar 2012
DECHEMA-Haus, Frankfurt am Main**



Die Funktionale Genomik und Proteomik ist einer der dynamischsten Teilbereiche der Lebenswissenschaften. Die zweitägige Veranstaltung beleuchtet aktuelle Trends mit Fokus auf medizinische Diagnostik, Biomarker-Validierung und Target-Analyse. Als Keynote-Sprecher

beschreibt Jörn Walter, Saarbrücken, die Dynamik von „epigenetischen Landschaften“ bei der embryonalen Entwicklung und der Entstehung von Krankheiten; Ivo Gut, Barcelona, gibt einen Überblick zur hochauflösenden Genomanalyse bei Malignomen.

Ausgewiesene Experten analysieren in einer Podiumsdiskussion die Frage: *Systems Biology – Fact or Fiction?* Hat die Systembiologie tatsächlich durch Modellierung komplexer zellulärer Prozesse zum tieferen Verständnis der lebenden Zelle beigetragen?

Die Posterausstellung verspricht einen Blick in die Werkstatt der Wissenschaftler; Last-Minute-Poster können noch bis zum 11. Januar 2012 eingereicht werden. Das wissenschaftliche Programm wird durch eine begleitende Fachausstellung renommierter Hersteller ergänzt.

Weitere Infos: Dr. Karin Tiemann, Tel. 069/7564349.



DECHEMA
Biotechnologie

www.dechema.de/genomics12