

Die Bedeutung der Epigenetik für Entwicklungsprozesse in der Tierwelt und in der Herzmedizin am Beispiel der Bienenlarve und der Herzschwäche

Das Wort Epigenetik ist vom griechischen *epigenesis* abgeleitet und bedeutet sinngemäß „nachträgliche Entstehung“. Anhand der Bienenlarve lässt sich dies eindrucksvoll verdeutlichen: Genetisch – d. h. in der Abfolge der DNA-Basen des Erbguts – sind die Arbeiterbiene und die Bienenkönigin nahezu identisch. Durch einen Umweltfaktor, und zwar durch verlängerte Fütterung mit *Gelée Royal*, werden bestimmte Enzyme gehemmt und dadurch weniger Methylierungsgruppen (-CH₃) an die DNA angefügt. Hierdurch werden die zugehörigen Genabschnitte aktiviert. Alleine durch diesen Prozess kommt es zu einer erstaunlichen Gestaltwandelung und somit zur Programmierung des Lebenszyklus der Biene: Die genetisch identische Larve wird durch DNA-Methylierung (-CH₃) zur Arbeiterbiene bzw. durch Hemmung der Methylierung zur Bienenkönigin.

Ob ähnliche Veränderungen der DNA-Methylierung wie bei den Bienen auch bei humanen Herzerkrankungen auftreten, diese Frage hat sich PD Meder gestellt. Denn für bestimmte Erkrankungen wie Krebs spielen dieselben Mechanismen eine bedeutende Rolle. Durch den Einsatz modernster Technologien konnten er und sein Team weltweit zum ersten Mal DNA-Methylierung, DNA-Basencode und RNA-Entstehung in Blut und Herzgewebe von Patienten mit Herzschwäche untersuchen. „Die Ergebnisse eröffnen eine komplett neuartige Sichtweise auf ein bisher bei Herzerkrankungen kaum erforschtes Gebiet“, so PD Meder.

