GENETIK UND GENOMIK

Redakteur: Csaba Szalai, PhD, DSc, Universitätsprofessor

Autoren:

Kapitel 1: Valéria László Kapitel 2, 3, 4, 6, 7: Sára Tóth Kapitel 5: Erna Pap Kapitel 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14: Csaba Szalai Kapitel 15: András Falus und Ferenc Oberfrank

Übersetzung aus dem Ungarischen:

Kapitel 1, 2, 3, 4, 6, 7, 15: Kata Szabó-Taylor Kapitel 5: Erna Pap Kapitel 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14: Csaba Szalai

Stichworte:

Mitose, Meiose, Mutationen, Polymorphismen, Zytogenetik, Epigenetik, Mendel-Erbgänge, Entwicklungsgenetik, Genetik des Geschlechts, Stammzellbiologie, Onkogenetik, Immungenetik, Humangenomik, komplexe Erkrankungen, genomische Methoden, Populationsgenetik, Evolutionsgenetik, Gen-Umwelt Interaktion, Pharmakogenomik, Nutrigenetik, Systembiologie, Bioethik

Zusammenfassung

Dieses Buch umfasst das Material der Vorlesungen und zum Teil der Seminaren des Fachs "Genetik und Genomik" für Studenten der Allgemeinmedizin, Zahnheilkunde und Pharmazie. dem Material des Genetikunterrichts in der Mittelschule molekulargenetischen Kenntnissen gelernt im Biochemieunterricht, dieses Buch erörtert in Einzelheiten die für die Medizin relevantesten Teile der Humangenetik. Die fünfzehn Kapitel behandeln zum Teil medizinische Genetik, aber auch die Übertragung der genetischen Information, Zytogenetik, Epigenetik, Entwicklungsgenetik, Onkogenetik, Immungenetik, Populationsgenetik, Evolutionsgenetik, darüber hinaus werden die Grundlagen der aus der Humangenetik entstandenen neuen Wissenschaft, der Humangenomik und die Anwendung deren bei z.B. der Untersuchung von komplexen Erkrankungen, Pharmakogenomik, Nutrigenomik und der Untersuchung von Gen-Umwelt Interaktionen, ausführlich diskutiert. Da die Genomik zu den systembiologischen Wissenschaften gehört, schildert ein Kapitel die Grundlagen der Systembiologie aus medizinischer, krankheitsorientierter Hinsicht. Die Ergebnisse der modernen Humangenetik und Genomik ergeben eine Reihe von gesellschaftlichen, rechtlichen und ethischen Problemen. Ein Kapitel erörtert diese Probleme. Am Ende aller Kapitel befinden sich Fragen, mit deren Hilfe deren die Leser überprüfen können. ob sie die vom gegebenen Kapitel vermittelten Kenntnisse verstanden, verarbeitet haben. Da es sich hier um ein e-Buch handelt, wurden bestimmte Begriffe nicht in Einzelheiten beschrieben, sondern sind sie 'Wikipedia'-artig durch Hyperlinks mit ausführlicheren Materialen an das World Wide Web verknüpft. Wir empfehlen dieses Buch nicht nur Universitätsstudenten, sondern auch allen, die ihre medizinisch-genetischen und genomischen Kenntnisse auf dem neuesten Stand halten möchten.

Budapesti Műszaki és Gazdaságtudományi Egyetem

Typotex Kiadó





2013

COPYRIGHT: © Falus András, László Valéria, Oberfrank Ferenc, Pap Erna, Dr. Szalai Csaba, Tóth Sára, Budapesti Műszaki és Gazdaságtudományi Egyetem

Creative Commons NonCommercial-NoDerivs 3.0 (CC BY-NC-ND 3.0)

Diese Arbeit kann für nicht-kommerzielle Zwecke durch Angabe des Namens des Urhebers ohne Einschränkung vervielfältigt, verbreitet, veröffentlicht werden, aber es kann nicht geändert werden.

Lektor: Viktor Molnár, MD, Leiter von Csertex Forschungslaboratorium

ISBN 978 963 279 188 3

Hergestellt im Verlag Typotex, Budapest

Verantwortlicher Herausgeber: Direktorin Zsuzsa Votisky

Diese Arbeit wurde im Rahmen des folgenden Projektes: TÁMOP-4.1.2/A/1-11/1-2011-0079, "Konzorcium a biotechnológia és bioinformatika aktív tanulásáért" erstellt.



Inhaltsverzeichnis

1. Übertragung der genetischen Information	9
1.1. Der Zellzyklus und die Regulation des Zellzyklus	
1.1.1. G_0 - G_1 Übergang (Transition)	
1.1.2. G ₁ –S Übergang, S- Phase	
1.1.3. G ₂ –M Übergang (Transition)	
1.1.4. M-Phase	
1.1.4.1. Die Gestaltung des Chromosoms	15
1.1.4.2. Die Auflösung und Neubildung der Kernhülle	
1.1.4.3. Aufbau des Spindelapparats und dessen Rolle in der Mitose	
1.1.4.4. Die Metaphase-Anaphase Transition	
1.1.5. Die wichtigsten Vorgänge der Zytokinese	
1.1.6. Kontrollpunkte	
1.2. Die Meiose	
1.2.1. Die Phasen der Meiose	24
1.2.2. Oogenese	28
1.2.3. Spermatogenese	
1.2.4. Regulation der Meiose	30
1.3. Fragen	31
2. Mutationen und Polymorphismen	
2.1. Gruppierung der Mutationen	
2.2. Genmutationen	
2.3. DNA-Reparatur (repair)	40
2.4. Mutagenitätstests	43
2.5. Fragen	44
3. Zytogenetik. Chromosomenmutationen	45
3.1. Chromosomenmutationen oder strukturelle Chromosomenaberrationen	46
3.1.1. Deletionen	46
3.1.2. Duplikation	
3.1.3. Translokationen	48
3.1.3.1. Reziproke Translokation	
3.1.4. Inversionen	
3.1.5. Ringchromosom (zirkuläres Chromosom, Chromosomenring)	50
3.1.6 Isochromosom	
3.1.7. Dizentrische Chromosomen	
3.1.8. Azentrisches Fragment	
3.2. Numerische Chromosomenaberrationen	
3.2.1. Euploide Chromosomenmutationen	
3.2.2. Aneuploide Chromosomenaberrationen	
3.2.3. Die häufigsten numerischen Chromosomenaberrationen	
3.2.3.1. Trisomie 21	57

3.2.4. Numerische Chromosomenaberrationen der Geschlechtschromosome (Gonosomen)	3.2.3.2. Trisomie 13	57
Gonosomen	3.2.3.3. Trisomie 18	57
3.2.4.1. Turner-Syndrom 3.2.4.2. Klinefelter-Syndrom 3.2.4.3. Triplo X-Syndrom 3.2.4.4. Diplo-Y-Syndrom, Supermaskulinitäts-Syndrom oder Jacobs-Syndron 3.2.4.4. Diplo-Y-Syndrom, Supermaskulinitäts-Syndrom oder Jacobs-Syndron 3.3. Uniparentale Disomie (UPD) 3.4. Mixoploide Mutationen 3.4.1. Mosaizismus 6.3.5. Fragen 6.3.5. Fragen 6.4. Epigenetik 6.4.1. Epigenetik 6.4.1. Epigenetische Änderungen – Molekulare Veränderungen 6.4.1.1. DNA-Methylierung 6.4.1.2. CpG, als Mutationsheißpunkt 6.4.1.3. Histonmodifikationen 6.4.2. Nicht-Kodierende RNA 6.4.3. Epigenetische Phänomene 6.4.3.1. V-Inaktivierung 6.4.3.2. Genomische Prägung 6.4.3.2.1. Imprinting-bedingte Krankheiten 6.4.3.2.2. Zweck der genomischen Prägung 6.4.5. Fragen 7.5. Mendel-Erbgänge: autosomal Erbgänge 7.5.1. Einführung 7.5.2. Allgemeine genetische Begriffe, Definitionen 7.5.3. Begriffe/Phänomene, die den klassischen monogenen Erbgang beeinflussen 7.5.4. Autosomal dominante Vererbung 7.5.4. Autosomal dominanten Vererbung 8.5.4.1. Huntington Chorea	3.2.4. Numerische Chromosomenaberrationen der Geschlechtschrom	osomen
3.2.4.1. Turner-Syndrom 3.2.4.2. Klinefelter-Syndrom 3.2.4.3. Triplo X-Syndrom 3.2.4.4. Diplo-Y-Syndrom, Supermaskulinitäts-Syndrom oder Jacobs-Syndron 3.2.4.4. Diplo-Y-Syndrom, Supermaskulinitäts-Syndrom oder Jacobs-Syndron 3.3. Uniparentale Disomie (UPD) 3.4. Mixoploide Mutationen 3.4.1. Mosaizismus 6.3.5. Fragen 6.3.5. Fragen 6.4. Epigenetik 6.4.1. Epigenetik 6.4.1. Epigenetische Änderungen – Molekulare Veränderungen 6.4.1.1. DNA-Methylierung 6.4.1.2. CpG, als Mutationsheißpunkt 6.4.1.3. Histonmodifikationen 6.4.2. Nicht-Kodierende RNA 6.4.3. Epigenetische Phänomene 6.4.3.1. V-Inaktivierung 6.4.3.2. Genomische Prägung 6.4.3.2.1. Imprinting-bedingte Krankheiten 6.4.3.2.2. Zweck der genomischen Prägung 6.4.5. Fragen 7.5. Mendel-Erbgänge: autosomal Erbgänge 7.5.1. Einführung 7.5.2. Allgemeine genetische Begriffe, Definitionen 7.5.3. Begriffe/Phänomene, die den klassischen monogenen Erbgang beeinflussen 7.5.4. Autosomal dominante Vererbung 7.5.4. Autosomal dominanten Vererbung 8.5.4.1. Huntington Chorea	(Gonosomen)	58
3.2.4.3. Triplo X-Syndrom 3.2.4.4. Diplo-Y-Syndrom, Supermaskulinitäts-Syndrom oder Jacobs-Syndrom 3.2.4.4. Diplo-Y-Syndrom, Supermaskulinitäts-Syndrom oder Jacobs-Syndrom 3.2.4.4. Diplo-Y-Syndrom (UPD) 5.3.4. Mixoploide Mutationen 6.3.4.1. Mosaizismus 6.3.5. Fragen 6.3.5. Fragen 6.3.5. Fragen 6.4.1. Epigenetische Änderungen – Molekulare Veränderungen 6.4.1.1. DNA-Methylierung 6.4.1.2. CpG, als Mutationsheißpunkt 6.4.1.3. Histonmodifikationen 6.4.1.3. Histonmodifikationen 6.4.3. Epigenetische Phänomene 6.4.3. Epigenetische Phänomene 6.4.3. Epigenetische Phänomene 6.4.3. L'Inaktivierung 6.4.3.2. Genomische Prägung 6.4.3.2. Imprinting-bedingte Krankheiten 6.4.3.2. Zweck der genomischen Prägung 6.4.4. Die Bedeutung der epigenetischen Wirkungen 6.4.5. Fragen 7.5. Mendel-Erbgänge: autosomal Erbgänge 7.5. Iniführung 7.5.1. Einführung 7.5.1. Einführung 7.5.3. Begriffe/Phänomene, die den klassischen monogenen Erbgang beeinflussen 7.5.4. Autosomal dominante Vererbung 7.5.4. Autosomal dominante Vererbung 8.5.4.1. Die allgemeine Charakterisierung der autosomal dominanten Vererburg (AD) 8.5.4.2. Krankheiten: verursacht durch Genmutationen von strukturelle Proteinen 8.5.4.3. Krankheiten: verursacht durch Genmutationen von Rezeptoren 8.5.4.3. Krankheiten: verursacht durch Genmutationen von Rezeptoren 8.5.4.3. Achondroplasie 8.5.4.3. Polycystische Nieren 8.5.4.3. Polycystische Nieren 8.5.4.4. Mutation eines Gens, das für ein Protein mit bis jetzt unbekannter Funktio kodiert 5.4.4.1. Huntington Chorea 8.5.4.4.1.	3.2.4.1. Turner-Syndrom	58
3.2.4.4. Diplo-Y-Syndrom, Supermaskulinitäts-Syndrom oder Jacobs-Syndrom 3.3. Uniparentale Disomie (UPD) 3.4. Mixoploide Mutationen 3.4.1. Mosaizismus 3.4.2. Chimärismus 3.5. Fragen 4.5. Epigenetik 4.1. Epigenetische Änderungen – Molekulare Veränderungen 4.1.1. DNA-Methylierung 4.1.2. CpG, als Mutationsheißpunkt 4.1.3. Histonmodifikationen 4.2. Nicht-Kodierende RNA 4.3. Epigenetische Phänomene 4.3.1. X-Inaktivierung 4.3.2. Genomische Prägung 4.3.2.1. Imprinting-bedingte Krankheiten 4.3.2.2. Zweck der genomischen Prägung 4.4. Die Bedeutung der epigenetischen Wirkungen 4.5 Fragen 5. Mendel-Erbgänge: autosomal Erbgänge 7. S. Mendel-Erbgänge: autosomal Erbgänge 7. S. Allgemeine genetische Begriffe, Definitionen 7. S. Begriffe/Phänomene, die den klassischen monogenen Erbgang beeinflussen 7. S. A. Autosomal dominante Vererbung 8. S. A. 1. Die allgemeine Charakterisierung der autosomal dominanten Vererbur (AD) 8. S. A. 2. Krankheiten: verursacht durch Genmutationen von strukturelle Proteinen 8. S. A. 2. Osteogenesis imperfecta 8. S. A. 3. Krankheiten: verursacht durch Genmutationen von Rezeptoren 8. S. A. 3. Polycystische Nieren 8. S. A. 3. Polycystische Nieren 8. S. A. 3. Polycystische Nieren 8. S. A. 4. Mutation eines Gens, das für ein Protein mit bis jetzt unbekannter Funktio kodiert 8. S. A. 4. Huntington Chorea	3.2.4.2. Klinefelter-Syndrom	58
3.3. Uniparentale Disomie (UPD)	3.2.4.3. Triplo X-Syndrom	59
3.3. Uniparentale Disomie (UPD) 5 3.4. Mixoploide Mutationen 6 3.4.1. Mosaizismus 6 3.5. Fragen 6 4. Epigenetik 6 4.1. Epigenetische Änderungen – Molekulare Veränderungen 6 4.1.1. DNA-Methylierung 6 4.1.2. CpG, als Mutationsheißpunkt 6 4.1.3. Histonmodifikationen 6 4.2. Nicht-Kodierende RNA 6 4.3. Epigenetische Phänomene 6 4.3.1. X-Inaktivierung 6 4.3.2. Genomische Prägung 6 4.3.2.1. Imprinting-bedingte Krankheiten 6 4.3.2.2. Zweck der genomischen Prägung 6 4.4. Die Bedeutung der epigenetischen Wirkungen 6 4.5. Fragen 7 5. Mendel-Erbgänge: autosomal Erbgänge 7 5.1. Einführung 7 5.2. Allgemeine genetische Begriffe, Definitionen 7 5.3. Begriffe/Phänomene, die den klassischen monogenen Erbgang beeinflussen 7 5.4. Autosomal dominante Vererbung 8 5.4.1. Die allgemeine Charakterisierung der autosomal dominanten Vererbur (AD) 8 5.4.2.1. Krankheiten: verursacht durch Genmutationen vo	3.2.4.4. Diplo-Y-Syndrom, Supermaskulinitäts-Syndrom oder Jacobs-S	yndrom
3.4. Mixoploide Mutationen		
3.4.1. Mosaizismus 6 3.4.2. Chimärismus 6 3.5. Fragen 6 4. Epigenetik 6 4.1. Epigenetische Änderungen – Molekulare Veränderungen 6 4.1.1. DNA-Methylierung 6 4.1.2. CpG, als Mutationsheißpunkt 6 4.1.3. Histonmodifikationen 6 4.2. Nicht-Kodierende RNA 6 4.3. Epigenetische Phänomene 6 4.3.1. X-Inaktivierung 6 4.3.2. Genomische Prägung 6 4.3.2.1. Imprinting-bedingte Krankheiten 6 4.3.2.2. Zweck der genomischen Prägung 6 4.4. Die Bedeutung der epigenetischen Wirkungen 6 4.5 Fragen 7 5. Mendel-Erbgänge: autosomal Erbgänge 7 5. Linführung 7 5. Allgemeine genetische Begriffe, Definitionen 7 5.3. Begriffe/Phänomene, die den klassischen monogenen Erbgang beeinflussen 7 5.4. Autosomal dominante Vererbung 8 5.4.1. Die allgemeine Charakterisierung der autosomal dominanten Vererbur 8 5.4.2. Krankheiten: verursacht durch Genmutationen von strukturelle Proteinen 8 5.4.2. Krankheiten: verursa	•	
3.4.2. Chimärismus 6 3.5. Fragen 6 4. Epigenetik 6 4.1. Epigenetische Änderungen – Molekulare Veränderungen 6 4.1.1. DNA-Methylierung 6 4.1.2. CpG, als Mutationsheißpunkt 6 4.1.3. Histonmodifikationen 6 4.2. Nicht-Kodierende RNA 6 4.3. Epigenetische Phänomene 6 4.3.1. X-Inaktivierung 6 4.3.2. Genomische Prägung 6 4.3.2.1. Imprinting-bedingte Krankheiten 6 4.3.2.2. Zweck der genomischen Prägung 6 4.4. Die Bedeutung der epigenetischen Wirkungen 6 4.5 Fragen 7 5. Mendel-Erbgänge: autosomal Erbgänge 7 5.1. Einführung 7 5.2. Allgemeine genetische Begriffe, Definitionen 7 5.3. Begriffe/Phänomene, die den klassischen monogenen Erbgang beeinflussen 7 5.4. Autosomal dominante Vererbung 8 5.4.1. Die allgemeine Charakterisierung der autosomal dominanten Vererburg 8 5.4.2. Krankheiten: verursacht durch Genmutationen von strukturelle Proteinen 8 5.4.2.1. Marfan Syndrom 8 5.4.2.2. Osteogen	•	
3.5. Fragen		
4.1. Epigenetik		
4.1. Epigenetische Änderungen – Molekulare Veränderungen 6.4.1.1. DNA-Methylierung 6.4.1.2. CpG, als Mutationsheißpunkt 6.4.1.3. Histonmodifikationen 6.4.2. Nicht-Kodierende RNA 6.4.3. Epigenetische Phänomene 6.4.3. Epigenetische Phänomene 6.4.3. X-Inaktivierung 6.4.3. Genomische Prägung 6.4.3. Genomische Prägung 6.4.3. Imprinting-bedingte Krankheiten 6.4.3. Epigenetische Prägung 6.4.4. Die Bedeutung der epigenetischen Wirkungen 6.4.5. Fragen 7.5. Fragen 7.5. Mendel-Erbgänge: autosomal Erbgänge 7.5. Linführung 7.5. Allgemeine genetische Begriffe, Definitionen 7.5. Begriffe/Phänomene, die den klassischen monogenen Erbgang beeinflussen 7.5. Autosomal dominante Vererbung 8.5.4.1. Die allgemeine Charakterisierung der autosomal dominanten Vererbur (AD) 8.5.4.2. Krankheiten: verursacht durch Genmutationen von strukturelle Proteinen 8.5.4.2.1. Marfan Syndrom 8.5.4.2.2. Osteogenesis imperfecta 8.5.4.3. Krankheiten: verursacht durch Genmutationen von Rezeptoren 8.5.4.3.1. Achondroplasie 8.5.4.3.2. Familiäre Hiperkolesterinemie 8.5.4.3.3. Polycystische Nieren 8.5.4.4. Mutation eines Gens, das für ein Protein mit bis jetzt unbekannter Funktio kodiert 8.5.4.4.1. Huntington Chorea 8.5.4.4.1. Hunting		
4.1.1. DNA-Methylierung 6.4.1.2. CpG, als Mutationsheißpunkt 6.4.1.3. Histonmodifikationen 6.4.2. Nicht-Kodierende RNA 6.4.3. Epigenetische Phänomene 6.4.3. Epigenetische Phänomene 6.4.3. X-Inaktivierung 6.4.3. Genomische Prägung 6.4.3. Genomische Prägung 6.4.3. Imprinting-bedingte Krankheiten 6.4.3. Epigenetische Prägung 6.4.3. Imprinting-bedingte Krankheiten 6.4.3. Genomische Prägung 6.4.4. Die Bedeutung der epigenetischen Wirkungen 6.4.5. Fragen 7.5. Mendel-Erbgänge: autosomal Erbgänge 7.5. I. Einführung 7.5. Allgemeine genetische Begriffe, Definitionen 7.5. Begriffe/Phänomene, die den klassischen monogenen Erbgang beeinflussen 7.5.4. Autosomal dominante Vererbung 8.5.4.1. Die allgemeine Charakterisierung der autosomal dominanten Vererbur (AD) 8.5.4.2. Krankheiten: verursacht durch Genmutationen von strukturelle Proteinen 8.5.4.2.1. Marfan Syndrom 8.5.4.2.2. Osteogenesis imperfecta 8.5.4.3. Krankheiten: verursacht durch Genmutationen von Rezeptoren 8.5.4.3.1. Achondroplasie 8.5.4.3.2. Familiäre Hiperkolesterinemie 8.5.4.3.3. Polycystische Nieren 8.5.4.4. Mutation eines Gens, das für ein Protein mit bis jetzt unbekannter Funktio kodiert 8.5.4.4.1. Huntington Chorea 8.5.4.4.1. Huntingt		
4.1.2. CpG, als Mutationsheißpunkt		
4.1.3. Histonmodifikationen		
4.2. Nicht-Kodierende RNA		
4.3. Epigenetische Phänomene		
4.3.1. X-Inaktivierung		
4.3.2. Genomische Prägung		
4.3.2.1. Imprinting-bedingte Krankheiten	S Contract of the contract of	
4.3.2.2. Zweck der genomischen Prägung 6 4.4. Die Bedeutung der epigenetischen Wirkungen 7 5.1. Fragen 7 5. Mendel-Erbgänge: autosomal Erbgänge 7 5.1. Einführung 7 5.2. Allgemeine genetische Begriffe, Definitionen 7 5.3. Begriffe/Phänomene, die den klassischen monogenen Erbgang beeinflussen 7 5.4. Autosomal dominante Vererbung 8 5.4.1. Die allgemeine Charakterisierung der autosomal dominanten Vererburg (AD) 8 5.4.2. Krankheiten: verursacht durch Genmutationen von strukturelle Proteinen 8 5.4.2.1. Marfan Syndrom 8 5.4.2.2. Osteogenesis imperfecta 8 5.4.3.1. Achondroplasie 8 5.4.3.2. Familiäre Hiperkolesterinemie 8 5.4.3.3. Polycystische Nieren 8 5.4.4.4. Mutation eines Gens, das für ein Protein mit bis jetzt unbekannter Funktiok kodiert 8 5.4.4.1. Huntington Chorea 8		
4.4. Die Bedeutung der epigenetischen Wirkungen		
4.5 Fragen		
5. Mendel-Erbgänge: autosomal Erbgänge		
5.1. Einführung		
5.2. Allgemeine genetische Begriffe, Definitionen		
5.3. Begriffe/Phänomene, die den klassischen monogenen Erbgang beeinflussen 7 5.4. Autosomal dominante Vererbung	S .	
5.4. Autosomal dominante Vererbung		
5.4.1. Die allgemeine Charakterisierung der autosomal dominanten Vererbur (AD)		
(AD)		
5.4.2. Krankheiten: verursacht durch Genmutationen von strukturelle Proteinen 8 5.4.2.1. Marfan Syndrom 8 5.4.2.2. Osteogenesis imperfecta 8 5.4.3. Krankheiten: verursacht durch Genmutationen von Rezeptoren 8 5.4.3.1. Achondroplasie 8 5.4.3.2. Familiäre Hiperkolesterinemie 8 5.4.3.3. Polycystische Nieren 8 5.4.4. Mutation eines Gens, das für ein Protein mit bis jetzt unbekannter Funktiokodiert 8 5.4.4.1. Huntington Chorea 8		_
Proteinen 8 5.4.2.1. Marfan Syndrom 8 5.4.2.2. Osteogenesis imperfecta 8 5.4.3. Krankheiten: verursacht durch Genmutationen von Rezeptoren 8 5.4.3.1. Achondroplasie 8 5.4.3.2. Familiäre Hiperkolesterinemie 8 5.4.3.3. Polycystische Nieren 8 5.4.4. Mutation eines Gens, das für ein Protein mit bis jetzt unbekannter Funktiokodiert 8 5.4.4.1. Huntington Chorea 8		
5.4.2.1. Marfan Syndrom		
5.4.2.2. Osteogenesis imperfecta		
5.4.3. Krankheiten: verursacht durch Genmutationen von Rezeptoren		
5.4.3.1. Achondroplasie		
5.4.3.2. Familiäre Hiperkolesterinemie	•	
5.4.3.3. Polycystische Nieren	<u>-</u>	
5.4.4. Mutation eines Gens, das für ein Protein mit bis jetzt unbekannter Funktion kodiert		
kodiert8 5.4.4.1. Huntington Chorea8		
5.4.4.1. Huntington Chorea8	·	
J.T.J. Mulation uci i rotoonkogene	5.4.5. Mutation der Protoonkogene	
5.4.6. Pharmakogenetische Erkrankungen8		
5.4.6.1. Porfiria8		
5.4.6.1. Malignus hypertermia8		

5.5. Autosomal rezessive Vererbung	84
5.5.1. Die allgemeine Charakterisierung der autosomal rezessiven	Vererbung
(AR)	84
5.5.2. Stoffwechseldefekte - Enzymopathien	85
5.5.2.1 Phenylketonurie (PKU)	85
5.5.2.3. Klassischer Albinismus	
5.5.2.3. Kongenitale adrenale Hyperplasie (CAH)	86
5.5.2.4. Xeroderma pigmentosum	
5.5.3. Mukoviscidose	
5.5.4. Hämoglobinopathien	87
5.5.4.1. Sichelzellanämie	
5.5.4.2. Thalassemien	
5.6. Gene und Tumoren	
5.7. Gene und Medikamente	
5.8. Konklusion	
5.9. Fragen	
6. Die Rolle des Geschlechts bei der Vererbung	
6.1. X-Chromosomaler Erbgang	
6.1.1. X-Cromosomal Dominanter (XD) Erbgang	
6.1.2. X-chromosomal rezessiver Erbgang (XR)	
6.2. Y-Chromosomaler (Holandrischer) Erbgang	
6.3. Vom Geschlecht beeinflusster Erbgang	
6.4. Geschlechtslimitierter Erbgang	
6.5. Genomische Prägung	95
6.6. Zytoplasmatischer Erbgang	
6.6.1. Mitochondriale Vererbung	
6.7. X-Inaktivierung	
6.8. Fragen	
7. Die Genetik von biologischen Prozessen	
7.1. Entwicklungsgenetik	
7.1.1. Morphogene	
7.1.2. Homöotische Gene	
7.2. Genetik des Geschlechts	
7.2.1. Differenzierung des männlichen Geschlechts bei Säugern	
7.2.2. Differenzierung des weiblichen Geschlechts bei Säugern	
7.3. Stammzellbiologie	
7.4. Onkogenetik	
7.4.1. Onkogene	
7.4.2. Tumorsuppressoren	
7.4.3. Anti-Apoptotische Gene	
7.4.4. Telomerase	
7.5. Immungenetik	
7.6. Fragen	
8. Einführung in die Humangenomik. Das menschliche Genom	
8.1. Die Genomik	
8.2. Das Humangenomprojekt (HGP)	
8.3. DNA Sequenzierung	
8.4. Ergebnisse von HGP	
8.5. Variationen im Genom	122

8.6. Junk DNA im menschlichen Genom	125
8.7. Vergleichende Genomik	127
8.8. Literatur	127
8.9. Fragen	128
9. Der genomische Hintergrund der komplexen Erkrankungen	130
9.1. Allgemeine Merkmale der komplexen Erkrankungen	
9.2. Umweltfaktoren	
9.3. Warum ist es wichtig den genomischen Hintergrund der komplexen	
Erkrankungen zu untersuchen?	131
9.4. Qualitative und quantitative multifaktorielle Merkmale	132
9.5. Erblichkeit der komplexen Erkrankungen und Merkmale	
9.6. Berechnung der Erblichkeit	
9.7. Schwierigkeiten mit den Untersuchungen des genomischen Hintergrundes	
den komplexen Erkrankungen	
9.8. Missing heritability	
9.9. Schwierigkeiten mit den seltenen Varianten	
9.10. Epigenetik der komplexen Erkrankungen	
9.11. Das zufällige Verhalten des Genoms	
9.12. Statistische Probleme	
9.13. Mögliche Lösungen	
9.14. Warum steigern die Häufigkeiten der komplexen Erkrankungen?	
9.14.1. Thrifty gene hypothesis	
9.14.2. Hygiene-Hypothese	
9.14.3. Weitere Theorien	
9.15. Literatur	
9.16. Fragen	
10. Genomische Methoden für komplexe Erkrankungen	
10.1. Genetische Markers	
10.2. Methoden für die genomischen Hintergründe der Erkrankungen	146
10.2.1. Untersuchungen der genetischen Varianten	
10.2.2. GWAS	
10.2.3. Auswertung der GWAS Ergebnisse	147
10.2.4. Partial Genom-Screening	148
10.2.5. Positionelle Klonierung	148
10.2.6. Persönliche Genomik	
10.2.7. Sequenzierung der nächsten Generation	149
10.2.8. Bestimmung der Genexpression	
10.2.9. Weitere Microarray-basierte Methoden	
10.3. Tiermodelle	
10.3.1. Die Vorteile der Tiermodelle	151
10.3.2. Genetisch veränderten Tiere und Tiermodellen für mens	chliche
Erkrankungen	152
10.3.3. Nachteile der Tiermodelle	154
10.3.4. Experimentelle Tiermodelle	
10.4. Literatur	
10.5. Fragen	155
11. Populations- und Evolutionsgenetik	
11.1. Populationsgenetik	
11.1.1. Arten der Probensammlung	

Inhaltsverzeichnis 7

	11.1.2. Auswahl der Populationen für genetische Studien	159
	11.1.3. Hardy-Weinberg-Gleichgewicht	
	11.1.4. Kopplung und Haplotyp	
	11.1.5. Founder-Populationen	
	11.1.6. Assoziationsstudien	
	11.1.7. Risiko Berechnungen	
	11.2. Evolutionsgenetik	
	11.2.1. Gen-Umwelt Interaktionen und das menschliche Genom	
	11.2.1.1. Natürliche Selektion	
	11.2.1.2. Rolle von Infektionen bei Bildung des Genoms	
	11.2.1.3. Gendrift	
	11.2.2. Warum sind manche letalen Mutationen häufig?	
	11.2.3. Beispiele für Umweltwirkungen am Genom	
	11.3. Literatur	
	11.4. Fragen	
12.	. Gen-Umwelt Interaktion	
	12.1. Penetranz der Mutationen	
	12.2. Interaktionen zwischen hochpenetranten Mutationen und die Umwelt	
	12.3. Beispiele für Interaktionen zwischen lowpenetranten Mutationen und	
	Umwelt	
	12.4. Rauchen-Genom Interaktion	
	12.4.1. Genomische Hintergrund des Rauchens	176
	12.4.2. Rauchen-Gen Interaktion in Erkrankung Suszeptibilität	
	12.4.3. Weitere Beispiele für Gen-Umwelt Interaktionen	
	12.5. Genomische Untersuchungen der Gen-Umwelt Interaktion	
	12.6. Nutrigenetik und Nutrigenomik	
	12.7. Die Zukunft der Gen-Umwelt Interaktion	
	12.8. Literatur	186
	12.9. Fragen	188
13.	. Pharmakogenetik und Pharmakogenomik	190
	13.1. Definition der Pharmakogenetik und Pharmakogenomik	
	13.2. Ziele der Pharmakogenomik	
	13.2.1. Die Entwicklung von Medikamenten	
	13.2.2. Unerwünschte Arzneimittel-Wirkungen	191
	13.3. Genomischer Hintergrund der Unerwünschten Arzneimittel-Wirkunge	n193
	13.4. Schwierigkeiten der pharmakogenomischen Forschungen	
	13.5. Genetische Varianten in Pharmakokinetik	194
	13.6. Genetische Varianten in Pharmakodynamik	196
	13.7. Beispiele für pharmakogenetische Studien	196
	13.7.1. Statine	196
	13.6.1.1. Clopidogrel	197
	13.7.2. Pharmakotherapie von Asthma	
	13.7.3. Interaktion zwischen genetischen Variationen und β ₂ -Agonisten	
	13.7.4. Interaktion zwischen genetischen Variationen und Le	ukotrien-
	Antagonisten	
	13.8. Die Zukunft der Pharmakogenomik	
	13.9. Literatur	
	13.10. Fragen	
1 /1.	Systembiologischer Ansatz zu den Erkrankungen	

14.1. Einführung	204
14.2. Darstellung der Interaktionen	204
14.3. Human Interaktom	
14.4. Krankheitsgene in den Netzwerken	206
14.5. Knoten und Kanten in Erkrankungen	
14.6. Human Diseasome	
14.7. Gemeinsame Gen-Hypothese	211
14.8. Gemeinsame metabolische Stoffwechselweg Hypothese	213
14.9. Gemeinsame microRNA Hypothese	213
14.10. Phänotypische Krankheitsnetzwerke	
14.11. Anwendungen der systembiologischen Ansätze	
14.12. Literatur	
14.13. Fragen	
15. Bioethische und forschungsethische Fragen der genetischen Forschung	219
15.1. Geschichte	219
15.2. Ethische Herausforderungen der genetischen Forschung, die Frage der	
"Grenzen"	220
15.3. Die Biobanken	223
15.4. Einige allgemeine ethisch belangte Fragen	225
15.5. Bioethische und forschungsethische Fragen spezifisch für genetische Fo	orschung
	225
15.6. Ethische Fragen der kommerziellen Nutzung von Informationen genetis	
Herkunft	226
15.7. Ethische und rechtliche Regelung von der genetischen Forschung, der	
Biobanken und der Datenbehandlung	226
15.8. Konklusion	
15.9. Literaturverzeichnis	220