https://mail.gen-ethisches-netzwerk.de/node/3090

Gen-ethischer Informationsdienst

Von der Sanger-Methode zur Gesamtgenomsequenzierung

Chronologie

AutorIn
Kirsten Achtelik

Chronologie

1977

Die „Kettenabbruch“- oder Sanger-Methode zur DNA-Sequenzierung wird entwickelt (Sequenziermethode der 1. Generation).

1980

Paul Berg, Walter Gilbert und Frederick Sanger erhalten für Sanger-Methode den Chemie-Nobelpreis.

1983

Kary Mullis entdeckt die Polymerase-Kettenreaktion (PCR), mit der DNA vervielfältigt werden kann.

1990

Mehr als 1.000 Forscher aus 40 Ländern schließen sich in der *Human Genome Organisation* (HUGO) zusammen, um das menschliche Genom vollständig zu entschlüsseln. Das Humangenomprojekt wird in den Folgejahren von vielen Staaten aus öffentlichen Mitteln gefördert.

1993

Kary Mullis und Michael Smith erhalten den Chemie-Nobelpreis für ihre Entdeckung der PCR.

1994

Die Firma *Affymetrix* bringt den ersten DNA-Chip auf den Markt. Damit ist die Chip- oder Array-Technologie kommerziell erhältlich (Sequenziermethode der 2. Generation).

1996

Erstmalig ist das Genom eines komplexen Organismus sequenziert: die Bäckerhefe.

1998

Erstmalig ist das Genom eines mehrzelligen Organismus sequenziert: der Fadenwurm.

Die Pyrosequenzierung wird entwickelt, ein Hochdurchsatzverfahren, mit dem sich das Genom schneller und billiger, weil parallel sequenzieren lässt (Sequenziermethode der 2. Generation).

2003

Das Humangenomprojekt wird abgeschlossen, im Ergebnis liegt ein Referenzgenom für zukünftige Sequenzierungen vor. Die Kosten für eine Genomsequenzierung liegen bei fast 100 Millionen Dollar.

Das US-amerikanische National *Human Genome Research Institute* (NHGRI) beginnt mit dem Aufbau der *ENCyclopedia of DNA Elements* (ENCODE). Ziel des Projekts ist es, alle funktionellen Elemente des menschlichen Genoms zu identifizieren und zu charakterisieren.

2007

Das Startup-Unternehmen *23andMe* bietet Gentests im Netz „*direct-to-consumer*“ (DTC) an.

2008

Ein Konsortium aus chinesischen, US-amerikanischen und europäischen Forschern startet das *1.000-Genomes-Project*, um einen detaillierten Katalog menschlicher genetischer Varianten zu erstellen und ihn als Referenz-Datenbasis für Forschung und Klinik öffentlich zugänglich zu machen.

2011

Das Konsortium des 1.000-Genome-Projekts legt ein Referenzgenom vor, das aus der DNA-Sequenzierung bei mehr als 1.000 Personen aus 14 verschiedenen Ethnien erstellt wurde und kündigt an, weitere 1.500 Genome von zwölf neuen Populationen entschlüsseln zu wollen.

OpenSNP, eine Datenbank im Internet, in der Freiwillige ihre zuvor sequenzierten Genome als Datensätze hochladen können, geht online.

2012

Der Bluttest auf Trisomien wird im deutschsprachigen Raum eingeführt, auch er beruht auf Hochdurchsatzverfahren.

Genomics England, ein Unternehmen im Besitz des britischen Gesundheitsministeriums, startet das *100.000-Genome-Project*, das bis 2017 das Genom von 100.000 PatientInnen (Krebs und seltene Erkrankungen) und ihren Familien sequenzieren soll.

2013

Geburt des ersten Babys, dessen Genom schon in vitro sequenziert worden war (USA).

Noch schnellere Sequenzierungs-Systeme (3. Generation) kommen auf. Bei einigen Verfahren entfällt die Notwendigkeit, die Moleküle vor der Erkennung zu vermehren. Viele der Systeme basieren aber weiterhin auf dem Prinzip der Sequenzierung nach Synthetisierung.

Die US-amerikanische *Food and Drug Administration* verwarnt 23andMe, weil das Unternehmen Gen-Daten medizinisch auswertet, Nutzen und Sicherheit der Interpretationen aber nicht belegt sind. 23andMe kündigt daraufhin an, seinen Kunden nur noch eine Analyse der genetischen Abstammung sowie die Rohdaten aus der Sequenzierung zurückzumelden.

2014

Der Marktführer für Sequenziermaschinen *Illumina* bringt im Januar mit *HiSeq X Ten* eine Sequenziermaschine auf den Markt, die die Kosten der Genom-Entschlüsselung angeblich auf 1.000 Dollar (730 Euro) pro Genom reduziert. Im September schätzt das Unternehmen, dass im gesamten Jahr 2014 weltweit 228.000 Genome sequenziert sein werden.

2015

US-amerikanische ForscherInnen kündigen an, mithilfe der mathematischen Graphentheorie ein menschliches Pan-Genom als Referenz zu erstellen, das alle überhaupt möglichen Genome darstellt, also sämtliche potenziellen Kombinationen von Varianten. Herangezogen werden sollen dafür Genome einiger hundert oder tausend Personen.

Informationen zur Veröffentlichung

Erschienen in:
GID Ausgabe 231 vom August 2015
Seite 10