

Universität Halle: Internationales Symposium zur beschleunigten DNA-Analyse

02.10.2014

<http://deep-seq.uni-halle.de/symposium2014/>

Die Entschlüsselung des menschlichen Erbguts war noch vor zehn Jahren ein milliardenstarkes Langzeitprojekt. Mit Hilfe neuer Sequenziertechnologien braucht man dafür heute nur noch einen Bruchteil der Ressourcen. An der Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg (MLU) diskutieren vom 7. bis 9. Oktober 2014 mehr als 30 Wissenschaftler bei einem internationalen Symposium verschiedener Fachrichtungen neue Einsatzmöglichkeiten und Anwendungsbeispiele dieser Technologien.

Moderne Verfahren zur DNA-Sequenzierung haben viele Bereiche der Bio- und Lebenswissenschaften gerade zu revolutioniert. So lässt sich nun zum Beispiel das Erbgut eines Menschen binnen weniger Wochen für nicht mehr als 1.000 US-Dollar analysieren. Diese neuen Verfahren haben in den vergangenen Jahren Einzug in viele verschiedene Wissenschaftsdisziplinen gehalten. Wie mit Hilfe der neuen Sequenziertechnologien neue Forschungsfragen beantwortet und welche Schwierigkeiten dabei auftreten können, erörtern die Wissenschaftler aus den USA, den Niederlanden, der Schweiz und Deutschland in Halle.

Organisiert wurde das Symposium von den Instituten für Informatik und Humangenetik an der MLU. Prof. Dr. Ivo Große vom Lehrstuhl für Bioinformatik erklärt den Hintergrund für die Veranstaltung: "Normalerweise gehen Humangenetiker nur auf Tagungen für Humangenetiker, Biodiversitätsforscher nur auf Tagungen für Biodiversitätsforscher und wir Bioinformatiker nur auf Tagungen für Bioinformatiker." Mit dem Symposium wollen die Organisatoren nun einen Erfahrungsaustausch über Fächergrenzen hinweg realisieren.

Next-Generation-Sequencing (NGS)-Labore sind nämlich nicht nur für den Einsatz in der Humanmedizin - etwa bei der schnellen Diagnose von Erbkrankheiten - relevant. Auch in der Biodiversitätsforschung oder der Agrarwissenschaft können mit Hilfe der neuen Verfahren Fortschritte erzielt werden. So lassen sich zum Beispiel komplette Bodenproben sequenzieren und anhand der DNA-Analysen mögliche neue Bakterienarten entdecken.

Die Veranstaltung findet in Kooperation mit dem deutschen Zentrum für integrierte Biodiversitätsforschung (iDiv), dem Leibniz-Institut für Pflanzenbiochemie Halle (IPB), dem Leibniz-Institut für Pflanzengenetik und Kulturpflanzenforschung Gatersleben (IPK) und dem Helmholtz-Zentrum für Umweltforschung (UFZ) statt.

Hintergrund: Next-Generation-Sequencing-Labor an der Uni Halle

An der Martin-Luther-Universität wurde 2014 ein spezielles Sequenzierlabor eingerichtet. Hier arbeiten vor allem Humangenetiker, Bioinformatiker und Agrarwissenschaftler zusammen an Fragestellungen der jeweiligen Fachbereiche. Die Kosten in Höhe von rund 300.000 Euro wurden über einen Großgeräteantrag bei der Deutschen Forschungsgemeinschaft eingeworben.

Quelle: Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg / IDW Nachrichten

Redaktion: 02.10.2014

Länder / Organisationen: Global

Themen: Lebenswissenschaften

[Zurück](#)

Weitere Informationen