

DNA einfacher entschlüsseln

30.09.2025, 11:19 | Wissenschaft, Forschung, Bildung

Pressemitteilung von: *idw - Informationsdienst Wissenschaft*

Bestimmte Abschnitte im Genmaterial aufspüren und analysieren ist eine bisher sehr aufwändige Aufgabe. Ein Team um RWTH-Professor Ralph Panstruga vom Lehr- und Forschungsgebiet für Molekulare Zellbiologie der Pflanzen hat einen Weg gefunden, diesen Prozess erheblich zu vereinfachen. TETrimmer ist eine Software, mit der mobile DNA-Sequenzen, sogenannte transposable Elemente (TEs), gefunden und verglichen werden können. Die Forschungsergebnisse, die in Zusammenarbeit mit Professorin Tony Heitkam (Lehrstuhl für Molekulare Botanik) und Juniorprofessorin Lisa Fürtauer vom Institut für Biologie III (Pflanzenphysiologie) entstanden sind, erschienen nun in der renommierten Fachzeitschrift *Nature Communications*.

Transposable Elemente sind sich wiederholende DNA-Abschnitte, die sich innerhalb von Genomen bewegen können. Sie werden oft auch als „springende Gene“ bezeichnet. Entdeckt wurden sie bereits 1948 von der Genetikerin und Nobelpreisträgerin Barbara McClintock in Maispflanzen. Heute weiß man, dass TEs in fast allen untersuchten Organismen vorkommen und dort zum Teil enorme Teile des Genoms ausmachen. Beim Menschen sind es etwa 45 Prozent des Erbguts. Lange Zeit galten TEs als „Junk-DNA“ und schienen nutzlos zu sein. Inzwischen ist jedoch klar, dass sie zentrale Rollen bei der Evolution, der Entwicklung von Organismen und auch beim Immunsystem spielen. Sie können regulatorische Sequenzen enthalten, Gene also an- oder abschalten.

So bedeutsam TEs für die Biologie sind, so schwierig ist ihre Analyse. Durch Mutationen, Fragmentierungen oder ineinander verschachtelte Kopien ist ihre Annotation – also die korrekte Identifizierung im gesamten Genom – äußerst komplex. Bisherige Software-Tools liefern oft unvollständige oder fehlerhafte Ergebnisse, sodass die Kuratierung nach wie vor Handarbeit von Expertinnen und Experten erfordert.

Hier setzt die Studie der RWTH-Forschenden mit dem Titel „TETrimmer: a tool to automate the manual curation of transposable elements“ an. Das Programm verbindet phylogenetische Analysen, also solche zur Stammesgeschichtsforschung, mit maschinellem Lernen, um TE-Sequenzen zu gruppieren, und nutzt eine neuartige Sliding-Window-Strategie, also eine Filtertechnik, die schlecht konservierte DNA-Bereiche entfernt. Zudem bietet es eine benutzerfreundliche grafische Oberfläche und detaillierte Ergebnisberichte.

TETrimmer schließt also eine Lücke zwischen aufwändiger Handarbeit und unzuverlässiger Software: Es macht die Analyse transposabler Elemente nicht nur schneller und präziser, sondern auch für eine größere wissenschaftliche Gemeinschaft zugänglich.

wissenschaftliche Ansprechpartner:
Prof. Ralph Panstruga
Molekulare Zellbiologie der Pflanzen
+49 241 80-26655
panstruga@bio1.rwth-aachen.de

Originalpublikation:
<https://doi.org/10.1038/s41467-025-63889-y>

Rheinisch-Westfälische Technische Hochschule Aachen

JudithPeschges (Mitarbeiter in der Presse- und Öffentlichkeitsarbeit)

0173 4374761

judith.peschges@zhv.rwth-aachen.de

News-ID: 1292984 • Views: 254 (Stand: 04.06.2026)

Link zur Pressemitteilung:

<https://www.openpr.de/news/1292984/DNA-einfacher-entschluesseln-idw.html>