

Epigenetik

Die Epigenetik (*epi* = darüber) befasst sich mit mitotisch vererbaren Veränderungen der Genexpression, die ohne Veränderung der eigentlichen DNA-Sequenz auftreten. In sensiblen Entwicklungsphasen (Urkeimzellentwicklung und frühe Embryonalentwicklung) findet eine Zurücksetzung und Umprogrammierung epigenetischer Markierungen statt. Ist ein Organismus während dieser Phasen suboptimalen Umweltbedingungen ausgesetzt, können irreversible Schäden entstehen – die epigenetische Beschaffenheit spielt z.B. eine große Rolle hinsichtlich Vitalität, Fruchtbarkeit und (Krebs-)Erkrankungen.

Epigenetische Modifikationen umfassen

- DNA-Methylierung – innerhalb von CpG-Dinukleotiden; assoziiert mit Gen-Silencing;
- post-translationale Histon-Tail-Modifikationen (z.B. Methylierung) – als Andockstelle für andere epigenetische Faktoren;
- Chromatin-Umgestaltung – Verschiebung der Nukleosomen;
- Histon-Varianten – veränderte Funktion der Nukleosomen;
- non-coding RNA (ncRNA):
 - microRNA (miRNA) – post-transkriptionales Gen-Silencing;
 - PIWI-interacting RNA (piRNA) – post-transkriptionales oder transkriptionales Gen-Silencing, große Bedeutung für Keimbahn und Stammzellen;
 - long non-coding RNA (lncRNA) – bilden vorrangig im Zellkern RNA-Protein-Komplexe und regulieren in Folge Allel-spezifisch oder unspezifisch viele verschiedene Prozesse.

X-Inaktivierung

Bei der X-Inaktivierung¹⁾ werden während der frühen Embryonalentwicklung alle X-Chromosomen in Zellen mit mehr als einem X-Chromosom (i.d.R. weibliche Zellen), bis auf eines, durch epigenetische Marker inaktiviert („*Barr bodies*“). Welches X-Chromosom dabei aktiv bleibt, ist dem Zufall überlassen, von Zelle zu Zelle unterschiedlich und muss nicht zwingend im Verhältnis 50%:50% erfolgen, sondern kann sich etwa im Bereich von 95%:5% bis 5%:95% bewegen. Ein einmal inaktiviertes X-Chromosom bleibt in der Regel fortlaufend inaktiv und wird mitotisch an Tochterzellen vererbt.

Wenige Gene bleiben trotz X-Inaktivierung aktiv („*Escape Genes*“).

X-chromosomal bedingte Krankheiten können der Verteilung der X-Inaktivierung entsprechend unterschiedlich schwer ausfallen; d.h. auch die Verteilung innerhalb bestimmter Organe kann den Schweregrad beeinflussen.

Beispiele beim Kaninchen:

- Löffelohren („*lo*“);
- Paralytischer Tremor („*pt*“) – Eine Punktmutation im PLP1-Gen führt zu einem Defekt im Zentralen Nervensystem; erstmals 1964 entdeckt²⁾.

Epigenetische Vererbungsmuster

3)

Analytik

4)

2 2 1035

1)

Morey, C., & Avner, P. 2011. The demoiselle of X-inactivation: 50 years old and as trendy and mesmerising as ever. PLoS genetics, 7(7), e1002212.

2)

Sypecka, J., & Domańska-Janik, K. 2006. Phenotypic diversity resulting from a point mutation. Folia Neuropathologica, 44(4), 244-250.

3)

Davidovich, A., Cuomo, D., Su, H., Kambhampati, S., Gong, Q., Naron, A., ... & Feinberg, A. P. (2026). Non-Mendelian inheritance of DNA methylation patterns in mice. Nature genetics, 58, 1409-1422.

<https://doi.org/10.1038/s41588-026-02604-z>

4)

Xin, J., Liu, J., Liu, Y., Liu, X., Ma, M., Huang, A., ... & Chen, L. (2026). Nanopore Sequencing for Epigenetic Decoding: Applications, Analytical Constraints, and Translational Prospects. International Journal of Molecular Sciences, 27(20), 9175. <https://doi.org/10.3390/ijms27209175>

From:

<https://www.wikikanin.de/> - Wikikanin

Permanent link:

<https://www.wikikanin.de/doku.php?id=genetik:epigenetik>

Last update: **2026/10/20 07:52**