



(19)
Bundesrepublik Deutschland
Deutsches Patent- und Markenamt

(10) **DE 201 21 968 U1** 2004.01.29

(12)

Gebrauchsmusterschrift

(22) Anmeldetag: **06.04.2001**
(67) aus Patentanmeldung: **P 01 95 3936.0**
(47) Eintragungstag: **18.12.2003**
(43) Bekanntmachung im Patentblatt: **29.01.2004**

(51) Int Cl.⁷: **C07H 21/04**
C12Q 1/68, C12N 15/11, A61K 31/7088

(66) Innere Priorität:

100 19 058.8	06.04.2000
100 19 173.8	07.04.2000
100 32 529.7	30.06.2000
100 43 826.1	01.09.2000

(71) Name und Wohnsitz des Inhabers:
Epigenomics AG, 10435 Berlin, DE

(74) Name und Wohnsitz des Vertreters:
BOEHMERT & BOEHMERT, 28209 Bremen

Die folgenden Angaben sind den vom Anmelder eingereichten Unterlagen entnommen

(54) Bezeichnung: **Nukleinsäuren für die Diagnose von mit Apoptose assoziierten Krankheiten**

(57) Hauptanspruch: Nukleinsäure von mit Apoptose assoziierten Genen, umfassend einen mindestens 18 Basen langen Sequenzabschnitt der chemisch vorbehandelten DNA gemäß einer der Sequenzen ausgewählt aus der Gruppe umfassend Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 74 und dazu komplementäre Sequenzen.

CG TG



I

CG TG



II

Beschreibung

Gebiet der Erfindung

[0001] Die nach den methodischen Entwicklungen der letzten Jahre in der Molekularbiologie gut studierten Beobachtungsebenen sind die Gene selbst, die Übersetzung dieser Gene in RNA und die daraus entstehenden Proteine. Wann im Laufe der Entwicklung eines Individuums welches Gen angeschaltet wird und wie Aktivieren und Inhibieren bestimmter Gene in bestimmten Zellen und Geweben gesteuert wird, ist mit Ausmaß und Charakter der Methylierung der Gene bzw. des Genoms korrelierbar. Insofern äußern sich pathogene Zustände in einem veränderten Methylierungsmuster einzelner Gene oder des Genoms.

[0002] Die vorliegende Erfindung betrifft Nukleinsäuren, Oligonukleotide, PNA-Oligomere und ein Verfahren zur Diagnose und/oder der Therapie von Erkrankungen, die mit dem genetischen und/oder epigenetischen Parametern von Genen, die mit Apoptose assoziiert sind, und insbesondere deren Methylierungsstatus, in Zusammenhang stehen.

Stand der Technik

[0003] Während der Embryogenese, der Gewebeerneuerung oder Metamorphose behalten multizelluläre eukaryotische Organismen ihre Fähigkeit bei, unerwünschte Zellen zu beseitigen. Diese Form von programmiertem Zelltod wird „Apoptose“ genannt. Die Apoptose findet in Antwort auf eine Vielzahl von Stimuli statt, die biochemische Signalwege auslösen die zu einem charakteristischen Set von Prozessen führen, die im Zelltod resultieren.

[0004] Die Stimuli, die Apoptose auslösen, können die Spiegel von essentiellen Wachstumsfaktoren, die Behandlung mit Glucocorticoiden, Bestrahlung und die Aktivierung von bestimmten Rezeptoren einschließen. Diese lösen eine Vielzahl von biochemischen Signalwegen aus. Der „klassische“ Signalweg besteht aus einer Liganden-Rezeptor-Interaktion, die die Aktivierung einer Protease auslöst. Dies führt zu der Freisetzung von Cytochrom C aus den Mitochondrien. Dieses aktiviert im Gegenzug eine Reihe von Proteasen, deren Wirkungen zu der Zerstörung von zellulären Strukturen führen.

[0005] Zum Beispiel schließt ein herkömmlicher Signalweg die Aktivierung von Caspase-8 durch Oligomerisierung an einem aktivierten Oberflächenrezeptor ein. Caspase-8 spaltet Bid, das die Freisetzung von Cytochrom C aus den Mitochondrien auslöst. Das Cytochrom C bewirkt, dass Apaf-1 mit Caspase-9 oligomerisiert. Die aktivierte Caspase-9 säuert Procaspase-3, deren zwei Untereinheiten dann die aktive Protease bilden. Diese spaltet verschiedene Ziele, was zum Zelltod führt. Zelltod durch Apoptose ist durch Prozesse gekennzeichnet, in denen die Zelle kompakter wird, einer Blasenbildung an der Membranen auftritt, das Chromatin kondensiert wird und die DNA fragmentiert wird.

[0006] Die korrekte Kontrolle von Apoptose ist möglicherweise für alle höheren Organismen essenziell. Zum Beispiel sterben in dem Modell-Organismus *C. elegans* 131 der 1090 Zellen einen definierten Punkten des Lebenszyklus des Organismus. In Wirbeltieren wurde die Wichtigkeit der Apoptose durch die Verwendung von Knockout-Mausmodellen nachgewiesen. In Menschen wurden Apoptose-Signalwege mit einer Vielzahl von Erkrankungen in Zusammenhang gebracht, einschließlich neurodegenerativen Erkrankungen, Alterung und Krebs:

- HIV-Infektion; Badley et. al. "Mechanisms of HIV-associated lymphocyte apoptosis" Blood, Vol. 96; 2951-2964 (2000).
- Bloom Syndrom; Bischof et. al. 'Selective cleavage of BLM, the Bloom syndrome protein, during apoptotic cell death.' J Biol Chem 2001 Jan 11.
- Cardiomyopathie; Narula et. al. "Apoptosis in heart failure: release of cytochrome c from mitochondria and activation of caspase-3 in human cardiomyopathy" Proc Natl Acad Sci U S A.;96:8144-8149 (1999).
- Familiäre Alzheimer-Erkrankung; Simian et. al. Presenilin-1 P264L Knock-In Mutation: Differential Effects on A β Production, Amyloid Deposition, and Neuronal Vulnerability The Journal of Neuroscience, 20(23):8717-8726 (1999).
- Alterung; Schindowski et. al. 'Age-related changes of apoptotic cell death in human lymphocytes.' Neurobiol Aging 2000 Sep-Oct;21(5):661-70.
- Herpes simplex Virusinfektion; Perng et. al. "Virus-Induced Neuronal Apoptosis Blocked by the Herpes Simplex Virus Latency-Associated Transcript" Science 287: 1500-1503 (2000).
- Renale Ischämie; Yuxian et. al. "Downregulation of the calpain inhibitor protein calpastatin by caspases during renal ischemia-reperfusion" Am. J. Physiol. 279: 509-517.
- Amyotrophe Lateralsklerose; Li et. al. "Functional Role of Caspase-1 and Caspase-3 in an ALS Transgenic Mouse Model" Science 288 (5464); 335-339 (2000).
- Brustkrebs; Sierra et. al. 'Bcl-2 with loss of apoptosis allows accumulation of genetic alterations: a pathway to metastatic progression in human breast cancer.' Int J Cancer. 2000 Mar 20;89(2):142-7.

- [0007] Die Komplexitäten der Signalwege, die zu Apoptose führen, ermöglichen viele Mechanismen, durch die diese umgeleitet werden können. Zusätzlich zu genomischen Mutationen wurde die epigenetische Kontrolle von Genen mit Unterbrechungen in Apoptose-Signalwegen in Zusammenhang gebracht. Der epigenetische Parameter, der am besten charakterisiert wurde, DNA-Methylierung, wurde als ein Schlüsselfaktor bei der Resistenz von Tumoren auf Chemotherapie impliziert. Es wurde gezeigt (Soengas et al "Inactivation of the apoptosis effector Apaf-1 in malignant melanoma" *Nature* 409; 207-211;2001), das in malignen Melanomen Unterbrechungen in dem Apoptose-Signalweg einer Stummschaltung des Apaf-1 Gens zugeordnet werden konnten.
- [0008] Die Identifizierung von Methylierung von Apoptosegenen als ein Faktor bei der Tumour-Malignität öffnet die Möglichkeit zur Erzeugung von alternativen Verfahren zur Behandlung. Methylierungs-basierte Therapien könnten beträchtliche Vorteile über augenblickliche Verfahren der Behandlung, wie z. B. Chemotherapie, Chirurgie und Radiotherapie haben. Sie können sogar, wie durch Soengas et al gezeigt, ein Mittel zur Behandlung von Tumoren zur Verfügung stellen, die gegenüber herkömmlichen Behandlungen resistent sind. Zusätzlich zu der Entwicklung von Methylierungs-spezifischen Therapien haben Experimente mit Min-Mäusen gezeigt, dass die Inhibierung von DNA Methylierung die Tumoruminitiation unterdrücken kann (Laird et. al. 'Suppression of intestinal neoplasia by DNA hypomethylation' *Cell* 81; 197-205 1995). Weiterhin kann die DNA-Methylierungsanalyse neue Mittel zur Tumordiagnose zur Verfügung stellen, wie durch Rosas et. al. 'Promoter hypermethylation patterns of p16, 06-methylguanine-DNA-methyltransferase, and death-associated protein kinase in tumors and saliva of head and neck cancer patients.' *Cancer Res* 2001 Feb 1;61(3):939-42 vorgeschlagen.
- [0009] 5-Methylcytosin ist die häufigste kovalent modifizierte Base in der DNA eukaryotischer Zellen. Sie spielt beispielsweise eine Rolle in der Regulation der Transkription, beim genetischen Imprinting und in der Tumorgenese. Die Identifizierung von 5-Methylcytosin als Bestandteil genetischer Information ist daher von erheblichem Interesse. 5-Methylcytosin-Positionen können jedoch nicht durch Sequenzierung identifiziert werden, da 5-Methylcytosin das gleiche Basenpaarungsverhalten aufweist wie Cytosin. Darüber hinaus geht bei einer PCR-Amplifikation die epigenetische Information, welche die 5-Methylcytosine tragen, vollständig verloren.
- [0010] Eine relativ neue und die mittlerweile am häufigsten angewandte Methode zur Untersuchung von DNA auf 5-Methylcytosin beruht auf der spezifischen Reaktion von Bisulfit mit Cytosin, das nach anschließender alkalischer Hydrolyse in Uracil umgewandelt wird, welches in seinem Basenpaarungsverhalten dem Thymidin entspricht. 5-Methylcytosin wird dagegen unter diesen Bedingungen nicht modifiziert. Damit wird die ursprüngliche DNA so umgewandelt, dass Methylcytosin, welches ursprünglich durch sein Hybridisierungsverhalten vom Cytosin nicht unterschieden werden kann, jetzt durch „normale“ molekularbiologische Techniken als einzig verbliebenes Cytosin beispielsweise durch Amplifikation und Hybridisierung oder Sequenzierung nachgewiesen werden kann. Alle diese Techniken beruhen auf Basenpaarung, welche jetzt voll ausgenutzt wird. Der Stand der Technik, was die Empfindlichkeit betrifft, wird durch ein Verfahren definiert, welches die zu untersuchende DNA in einer Agarose-Matrix einschließt, dadurch die Diffusion und Renaturierung der DNA (Bisulfit reagiert nur an einzelsträngiger DNA) verhindert und alle Fällungs- und Reinigungsschritte durch schnelle Dialyse ersetzt (Olek A, Oswald J, Walter J. A modified and improved method for bisulphite based cytosine methylation analysis. *Nucleic Acids Res.* 1996 Dec 15;24(24):5064-6). Mit dieser Methode können einzelne Zellen untersucht werden, was das Potential der Methode veranschaulicht. Allerdings werden bisher nur einzelne Regionen bis etwa 3000 Basenpaare Länge untersucht, eine globale Untersuchung von Zellen auf Tausenden von möglichen Methylierungsanalysen ist nicht möglich. Allerdings kann auch dieses Verfahren keine sehr kleinen Fragmente aus geringen Probenmengen zuverlässig analysieren. Diese gehen trotz Diffusionsschutz durch die Matrix verloren.
- [0011] Eine Übersicht über die weiteren bekannten Möglichkeiten, 5-Methylcytosine nachzuweisen, kann aus dem folgenden Übersichtsartikel entnommen werden: Rein, T., DePamphilis, M. L., Zorbas, H., *Nucleic Acids Res.* 1998, 26, 2255.
- [0012] Die Bisulfit-Technik wird bisher bis auf wenige Ausnahmen (z.B. Zeschnigk M, Lich C, Buiting K, Doerfler W, Horsthemke B. A single-tube PCR test for the diagnosis of Angelman and Prader-Willi syndrome based on allelic methylation differences at the SNRPN locus. *Eur J Hum Genet.* 1997 Mar-Apr;5(2):94-8) nur in der Forschung angewendet. Immer aber werden kurze, spezifische Stücke eines bekannten Gens nach einer Bisulfit-Behandlung amplifiziert und entweder komplett sequenziert (Olek A, Walter J. The pre-implantation ontogeny of the H19 methylation imprint. *Nat Genet.* 1997 Nov;17(3):275-6) oder einzelne Cytosin-Positionen durch eine „Primer-Extension-Reaktion“ (Gonzalzo ML, Jones PA. Rapid quantitation of methylation differences at specific sites using methylation-sensitive single nucleotide primer extension (Ms-SNuPE). *Nucleic Acids Res.* 1997 Jun 15;25(12):2529-31, WO 95/00669) oder einen Enzymschnitt (Xiong Z, Laird PW. COBRA: a sensitive and quantitative DNA methylation assay. *Nucleic Acids Res.* 1997 Jun 15;25(12):2532-4) nachgewiesen. Zudem ist auch der Nachweis durch Hybridisierung beschrieben worden (Olek et al., WO 99/28498).
- [0013] Weitere Publikationen, die sich mit der Anwendung der Bisulfit-Technik zum Methylierungsnachweis bei einzelnen Genen befassen, sind: Grigg G, Clark S. Sequencing 5-methylcytosine residues in genomic

DNA. Bioessays. 1994 Jun;16(6):431-6, 431; Zeschnigk M, Schmitz B, Dittrich B, Buiting K, Horsthemke B, Doerfler W. Imprinted segments in the human genome: different DNA methylation patterns in the Prader-Willi/Angelman syndrome region as determined by the genomic sequencing method. Hum Mol Genet. 1997 Mar;6(3):387-95; Feil R, Charlton J, Bird AP, Walter J, Reik W. Methylation analysis on individual chromosomes: improved protocol for bisulphite genomic sequencing. Nucleic Acids Res. 1994 Feb 25;22(4):695-6; Martin V, Ribieras S, Song-Wang X, Rio MC, Dante R. Genomic sequencing indicates a correlation between DNA hypomethylation in the 5' region of the pS2 gene and its expression in human breast cancer cell lines. Gene. 1995 May 19;157(1-2):261-4; WO 97/46705, WO 95/15373 und WO 97/45560.

[0014] Eine Übersicht über den Stand der Technik in der Oligomer Array Herstellung läßt sich aus einer im Januar 1999 erschienenen Sonderausgabe von Nature Genetics (Nature Genetics Supplement, Volume 21, January 1999) und der dort zitierten Literatur entnehmen.

[0015] Für die Abtastung eines immobilisierten DNA-Arrays sind vielfach fluoreszenzmarkierte Sonden verwendet worden. Besonders geeignet für Fluoreszenzmarkierungen ist das einfache Anbringen von Cy3 und Cy5 Farbstoffen am 5'-OH der jeweiligen Sonde. Die Detektion der Fluoreszenz der hybridisierten Sonden erfolgt beispielsweise über ein Konfokalmikroskop. Die Farbstoffe Cy3 und Cy5 sind, neben vielen anderen, kommerziell erhältlich.

[0016] Matrix-assistierte Laser Desorptions/Ionisations-Massenspektrometrie (MALDI-TOF) ist eine sehr leistungsfähige Entwicklung für die Analyse von Biomolekülen (Karas M, Hillenkamp F. Laser desorption ionization of proteins with molecular masses exceeding 10,000 daltons. Anal Chem. 1988 Oct 15;60(20):2299-301). Ein Analyt wird in eine lichtabsorbierende Matrix eingebettet. Durch einen kurzen Laserpuls wird die Matrix verdampft und das Analytmolekül so unfragmentiert in die Gasphase befördert. Durch Stöße mit Matrixmolekülen wird die Ionisation des Analyten erreicht. Eine angelegte Spannung beschleunigt die Ionen in ein feldfreies Flugrohr. Auf Grund ihrer verschiedenen Massen werden Ionen unterschiedlich stark beschleunigt. Kleinere Ionen erreichen den Detektor früher als größere.

[0017] MALDI-TOF Spektrometrie eignet sich ausgezeichnet zur Analyse von Peptiden und Proteinen. Die Analyse von Nukleinsäuren ist etwas schwieriger (Gut I G, Beck S. DNA and Matrix Assisted Laser Desorption Ionization Mass Spectrometry. Current Innovations and Future Trends. 1995, 1; 147-57). Für Nukleinsäuren ist die Empfindlichkeit etwa 100 mal schlechter als für Peptide und nimmt mit zunehmender Fragmentgröße überproportional ab. Für Nukleinsäuren, die ein vielfach negativ geladenes Rückgrat haben, ist der Ionisationsprozeß durch die Matrix wesentlich ineffizienter. In der MALDI-TOF Spektrometrie spielt die Wahl der Matrix eine eminent wichtige Rolle. Für die Desorption von Peptiden sind einige sehr leistungsfähige Matrices gefunden worden, die eine sehr feine Kristallisation ergeben. Für DNA gibt es zwar mittlerweile einige ansprechende Matrices, jedoch wurde dadurch der Empfindlichkeitsunterschied nicht verringert. Der Empfindlichkeitsunterschied kann verringert werden, indem die DNA chemisch so modifiziert wird, dass sie einem Peptid ähnlicher wird. Phosphorothioatnukleinsäuren, bei denen die gewöhnlichen Phosphate des Rückgrats durch Thiophosphate substituiert sind, lassen sich durch einfache Alkylierungsschemie in eine ladungsneutrale DNA umwandeln (Gut IG, Beck S. A procedure for selective DNA alkylation and detection by mass spectrometry. Nucleic Acids Res. 1995 Apr 25;23(8):1367-73). Die Kopplung eines „charge tags“ an diese modifizierte DNA resultiert in der Steigerung der Empfindlichkeit um den gleichen Betrag, wie er für Peptide gefunden wird. Ein weiterer Vorteil von „charge tagging“ ist die erhöhte Stabilität der Analyse gegen Verunreinigungen, die den Nachweis unmodifizierter Substrate stark erschweren.

[0018] Genomische DNA wird durch Standardmethoden aus DNA von Zell-, Gewebe- oder sonstigen Versuchsproben gewonnen. Diese Standardmethodik findet sich in Referenzen wie Fritsch und Maniatis eds., Molecular Cloning: A Laboratory Manual, 1989.

Beschreibung

[0019] Es ist die Aufgabe der vorliegenden Erfindung, die chemisch modifizierte DNA von Genen zur Verfügung zu stellen, die mit Apoptose assoziiert sind, sowie Oligonukleotide und/oder PNA-Oligomere zur Detektion von Cytosin-Methylierungen, sowie ein Verfahren bereitzustellen, welches sich zur Diagnose und/oder der Therapie von genetischen und epigenetischen Parametern von Genen, die mit Apoptose assoziiert sind, besonders eignet. Der Erfindung liegt die Erkenntnis zugrunde, dass genetische und epigenetische Parameter und insbesondere die Cytosin-Methylierungsmuster von Genen, die mit Apoptose assoziiert sind, zur Diagnose und/oder der Therapie von mit Apoptose assoziierten Erkrankungen besonders eignen.

[0020] Diese Aufgabe wird erfindungsgemäß durch das zur Verfügung stellen einer Nukleinsäure, die einen mindestens 18 Basen langen Sequenzabschnitt der chemisch vorbehandelten DNA von Genen, die mit Apoptose assoziiert sind gemäß einer der Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 78 und dazu komplementären Sequenzen und/oder der chemisch vorbehandelten DNA von Genen, die mit Apoptose assoziiert sind gemäß einer der Sequenzen der in Tabelle 1 aufgelisteten Gene enthält, gelöst. In der Tabelle sind nach den aufgelisteten Gen-Bezeichnungen die jeweiligen Datenbanknummern (Zugangsnummern) angegeben, die die dazugehörigen Gen-

- sequenzen als einmalig definieren. GenBank am National Institute of Health wurde als die zu Grunde liegende Datenbank unter der Internet Adresse www.ncbi.nlm.nih.gov verwendet.
- [0021] Die chemisch modifizierte Nukleinsäure konnte bisher nicht in Zusammenhang mit der Ermittlung von genetischen und epigenetische Parametern gebracht werden.
- [0022] Die Aufgabe der vorliegenden Erfindung wird weiterhin durch ein Oligonukleotid oder Oligomer zur Detektion des Cytosin-Methylierungszustandes in chemisch vorbehandelter DNA, umfassend mindestens eine Basensequenz mit einer Länge von mindestens 13 Nukleotiden gelöst, die an eine chemisch vorbehandelte DNA von Genen, die mit Apoptose assoziiert sind gemäß einer der Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 78 und dazu komplementären Sequenzen und/oder der chemisch vorbehandelten DNA von Genen, die mit Apoptose assoziiert sind gemäß einer der Sequenzen der in Tabelle 1 aufgelisteten Gene hybridisiert. Die erfindungsgemäßen Oligomersonden stellen wichtige und effektive Werkzeuge dar, welche die Ermittlung der genetischen und epigenetischen Parameter von Genen, die mit Apoptose assoziiert sind, erst ermöglichen. Bevorzugterweise umfaßt die Basensequenz der Oligomere mindestens ein CpG Dinukleotid. Die Sonden können auch in Form einer PNA (Peptide Nucleic Acid) vorliegen, die besonders bevorzugte Paarungseigenschaften aufweist. Besonders bevorzugt sind erfindungsgemäße Oligonukleotide, bei denen das Cytosin des CpG Dinukleotids das 5. – 9. Nukleotid vom 5'-Ende des 13 mers ist, im Falle von PNA-Oligomeren ist es bevorzugt, dass das Cytosin des CpG Dinukleotids das 4. – 6. Nukleotid vom 5'-Ende des 9 mers ist.
- [0023] Die erfindungsgemäßen Oligomere werden normalerweise in sogenannten Sets eingesetzt, die für jedes der CpG Dinukleotide eine der Sequenzen der Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 78 und dazu komplementären Sequenzen und/oder der chemisch vorbehandelten DNA von Genen, die mit Apoptose assoziiert sind gemäß einer der Sequenzen der in Tabelle 1 aufgelisteten Gene mindestens ein Oligomer umfassen. Bevorzugt ist ein Set, das für jedes der CpG Dinukleotide aus einer der Seq ID No. 1 bis Seq ID No. 78 und dazu komplementären Sequenzen und/oder der chemisch vorbehandelten DNA von Genen, die mit Apoptose assoziiert sind gemäß einer der Sequenzen der in Tabelle 1 aufgelisteten Gene mindestens ein Oligomer umfaßt.
- [0024] Darüber hinaus stellt die Erfindung ein Set von mindestens zwei Oligonukleotiden zur Verfügung, die als sogenannte „Primer-Oligonukleotide“ zur Amplifikation von DNA-Sequenzen einer der Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 78 und dazu komplementären Sequenzen und/oder der chemisch vorbehandelten DNA von Genen, die mit Apoptose assoziiert sind gemäß einer der Sequenzen der in Tabelle 1 aufgelisteten Gene oder Abschnitten davon eingesetzt werden können.
- [0025] Im Falle der erfindungsgemäßen Sets von Oligonukleotiden ist es bevorzugt, dass mindestens ein Oligonukleotid an eine Festphase gebunden ist.
- [0026] Die vorliegende Erfindung betrifft weiterhin einen Satz von mindestens 10 n (Oligonukleotiden und/oder PNA-Oligomeren), die zur Detektion des Cytosin-Methylierungszustandes in chemisch vorbehandelter genomischer DNA (Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 78 und dazu komplementären Sequenzen und/oder der chemisch vorbehandelten DNA von Genen, die mit Apoptose assoziiert sind gemäß einer der Sequenzen der in Tabelle 1 aufgelisteten Gene) dienen. Mit diesen Sonden ist die Diagnose von genetischen und epigenetischen Parametern von Genen, die mit Apoptose assoziiert sind möglich. Das Set von Oligomeren kann auch zur Detektion von Single Nucleotide Polymorphismen (SNPs) in der chemisch vorbehandelten DNA von Genen, die mit Apoptose assoziiert sind gemäß einer der Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 78 und dazu komplementären Sequenzen und/oder der chemisch vorbehandelten DNA von Genen, die mit Apoptose assoziiert sind gemäß einer der Sequenzen der in Tabelle 1 aufgelisteten Gene verwendet werden.
- [0027] Erfindungsgemäß ist es bevorzugt, dass eine von der Erfindung zur Verfügung gestellte Anordnung aus unterschiedlichen Oligonukleotiden und/oder PNA-Oligomeren (ein sogenanntes "Array") ebenfalls an eine Festphase gebunden vorliegt. Dieses Array von unterschiedlichen Oligonukleotid- und/oder PNA-Oligomersequenzen kann dadurch gekennzeichnet sein, dass es auf der Festphase in Form eines rechtwinkligen oder hexagonalen Gitters angeordnet ist. Bevorzugterweise besteht die Festphasenoberfläche aus Silizium, Glas, Polystyrol, Aluminium, Stahl, Eisen, Kupfer, Nickel, Silber oder Gold. Möglich sind jedoch auch Nitrocellulose sowie Kunststoffe wie zum Beispiel Nylon, die in Form von Kugeln oder auch als Harz-Matrizes vorliegen können.
- [0028] Ein weiterer Gegenstand der Erfindung ist daher ein Verfahren zur Herstellung eines auf einem Trägermaterial fixierten Arrays zur Analyse in Zusammenhang mit Apoptose assoziierten Erkrankungen, bei dem mindestens ein Oligomer gemäß der Erfindung an eine feste Phase gekoppelt wird. Verfahren zur Herstellung von solchen Arrays sind zum Beispiel aus der US 5,744,305 mittels Festphasenchemie und photolabilen Schutzgruppen bekannt.
- [0029] Ein weiterer Gegenstand der Erfindung betrifft einen DNA-Chip zur Analyse in Zusammenhang mit Apoptose assoziierten Erkrankungen, der mindestens eine Nukleinsäure gemäß der vorliegenden Erfindung umfaßt. DNA-Chips sind zum Beispiel aus der US 5,837,832 bekannt.
- [0030] Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist zudem ein Kit, das zum Beispiel aus einer Bisulfit enthaltenden Reagenz, einem Satz von Primeroligonukleotiden umfassend mindestens zwei Oligonukleotide, deren Sequenzen jeweils mindestens einen 18 Basenpaaren langen Abschnitt der im Anhang aufgeführten Basen-

sequenzen (Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 78 und dazu komplementären Sequenzen und/oder der chemisch vorbehandelten DNA von Genen, die mit Apoptose assoziiert sind gemäß einer der Sequenzen der in Tabelle 1 aufgelisteten Gene), Oligonukleotiden und/oder PNA-Oligomeren sowie einer Anleitung zur Durchführung und Auswertung des beschriebenen Verfahrens bestehen kann. Ein Kit im Sinne der Erfindung kann jedoch auch nur Teile der vorgenannten Bestandteile enthalten.

[0031] Die Erfindung stellt weiterhin ein Verfahren zur Ermittlung von genetischen und/oder epigenetischen Parametern von Genen, die mit Apoptose assoziiert sind durch Analyse von Cytosin-Methylierungen und Single Nucleotide Polymorphismen zur Verfügung, das folgende Schritte umfaßt: In einem ersten Verfahrensschritt wird eine genomische DNA-Probe derart chemisch behandelt, dass an der 5'-Position unmethylierte Cytosinbasen in Uracil, Thymin oder eine andere vom Hybridisierungsverhalten her dem Cytosin unähnliche Base umgewandelt werden. Dies wird im folgenden unter „chemischer Vorbehandlung“ verstanden.

[0032] Die zu analysierende genomische DNA wird bevorzugt aus den üblichen Quellen für DNA erhalten, wie Zellen oder Zellbestandteilen, zum Beispiel Zelllinien, Biopsie, Blut, Sputum, Stuhl, Urin, Gehirn-Rückenmarks-Flüssigkeit, in Paraffin eingebettetes Gewebe, beispielsweise Gewebe von Augen, Darm, Niere, Hirn, Herz, Prostata, Lunge, Brust oder Leber, histologische Objektträger oder Kombinationen davon.

[0033] Bevorzugt wird dazu die oben beschriebene Behandlung genomischer DNA mit Bisulfit (Hydrogensulfit, Disulfit) und anschließender alkalischer Hydrolyse angewendet, die zu einer Umwandlung nicht methylierter Cytosin-Nukleobasen in Uracil oder eine andere vom Basenpaarungsverhalten her dem Cytosin unähnliche Base führt.

[0034] Aus dieser chemisch vorbehandelten genomischen DNA werden Fragmente unter Verwendung von Sätzen von erfindungsgemäßen Primer-Oligonukleotiden und einer bevorzugterweise hitzestabilen Polymerase amplifiziert. Aus statistischen und praktikablen Erwägungen werden bevorzugterweise mehr als zehn unterschiedliche Fragmente amplifiziert, die 100 – 2000 Basenpaare lang sind. Die Amplifikation von mehreren DNA-Abschnitten kann simultan in ein und demselben Reaktionsgefäß durchgeführt werden. Üblicherweise wird die Amplifikation mittels der Polymerasekettenreaktion (PCR) durchgeführt.

[0035] In einer bevorzugten Ausführungsform des Verfahrens umfasst der Satz von Primer-Oligonukleotiden mindestens zwei Oligonukleotide, deren Sequenzen jeweils revers komplementär oder identisch zu einem mindestens 18 Basenpaare langen Abschnitt der im Anhang (Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 78 und dazu komplementären Sequenzen und/oder der chemisch vorbehandelten DNA von Genen, die mit Apoptose assoziiert sind gemäß einer der Sequenzen der in Tabelle 1 aufgelisteten Gene und dazu komplementären Sequenzen) aufgelisteten Basensequenzen sind. Die Primer-Oligonukleotide sind vorzugsweise dadurch gekennzeichnet, dass sie kein CpG Dinukleotid enthalten.

[0036] Erfindungsgemäß bevorzugt ist es, dass bei der Amplifikation mindestens ein Primer-Oligonukleotid an eine Festphase gebunden ist. Die unterschiedlichen Oligonukleotid und/oder PNA-Oligomersequenzen können auf einer ebenen Festphase in Form eines rechtwinkligen oder hexagonalen Gitters angeordnet sein, wobei die Festphasenoberfläche bevorzugt aus Silizium, Glas, Polystyrol, Aluminium, Stahl, Eisen, Kupfer, Nickel, Silber oder Gold besteht, wobei auch andere Materialien, wie Nitrocellulose oder Kunststoffe verwendet werden können.

[0037] Die mittels der Amplifikation erhaltenen Fragmente können eine direkt oder indirekt nachweisbare Markierung tragen. Bevorzugt sind Markierungen in Form von Fluoreszenzmarkierungen, Radionuklid oder ablösbaren Molekülfragmenten mit typischer Masse, die in einem Massenspektrometer nachgewiesen werden können, wobei bevorzugt ist, dass die erzeugten Fragmente zur besseren Detektierbarkeit im Massenspektrometer eine einzelne positive oder negative Nettoladung aufweisen. Der Nachweis kann mittels Matrix assistierter Laser Desorption/Ionisation Massenspektrometrie (MALDI) oder mittels Elektrospray Massenspektrometrie (ESI) durchgeführt und visualisiert werden.

[0038] Die im zweiten Verfahrensschritt erhaltenen Amplifikate werden anschließend an einen Satz von Oligonukleotiden und/oder PNA-Sonden der oder an ein Array hybridisiert. Die Hybridisierung erfolgt dabei auf die unten angegebene Art und Weise. Der bei der Hybridisierung verwendete Satz besteht bevorzugterweise aus mindestens 10 Oligonukleotid oder PNA-Oligomer Sonden. Die Amplifikate dienen dabei als Sonden, die an vorher an einer Festphase gebundene Oligonukleotide hybridisieren. Die nicht hybridisierten Fragmente werden anschließend entfernt. Die besagten Oligonukleotide umfassen mindestens eine Basensequenz mit einer Länge von 13 Nukleotiden, die revers komplementär oder identisch zu einem Abschnitt der im Anhang aufgeführten Basensequenzen ist, der mindestens ein CpG Dinukleotid enthält. Das Cytosin des CpG Dinukleotids ist das 5. bis 9. Nukleotid vom 5'-Ende des 13 mers aus betrachtet. Für jedes CpG Dinukleotid ist ein Oligonukleotid vorhanden. Die besagten PNA-Oligomere umfassen mindestens eine Basensequenz mit einer Länge von 9 Nukleotiden, die revers komplementär oder identisch zu einem Abschnitt der im Anhang aufgeführten Basensequenzen ist, der mindestens ein CpG Dinukleotid enthält. Das Cytosin des CpG Dinukleotids ist das 4. bis 6. Nukleotid vom 5'-Ende des 9 mers aus gesehen. Für jedes CpG Dinukleotid ist ein Oligonukleotid vorhanden.

[0039] Im vierten Verfahrensschritt entfernt man die nicht hybridisierten Amplifikate.

[0040] Im letzten Verfahrensschritt detektiert man die hybridisierten Amplifikate. Dabei ist bevorzugt, dass an den Amplifikaten angebrachte Markierungen an jeder Position der Festphase, an der sich eine Oligonukleotidsequenz befindet, identifizierbar sind.

[0041] Erfindungsgemäss bevorzugt ist es, dass die Markierungen der Amplifikate Fluoreszenzmarkierungen, Radionuklide oder ablösbare Molekülfragmente mit typischer Masse sind, die in einem Massenspektrometer nachgewiesen werden können. Der Nachweis der Amplifikate, Fragmente der Amplifikate oder zu den Amplifikaten komplementäre Sonden im Massenspektrometer ist bevorzugt, wobei man die Detektion mittels Matrix assistierter Laser Desorptions/Ionisations Massenspektrometrie (MALDI) oder mittels Elektrospray Massenspektrometrie (ESI) durchführen und visualisieren kann.

[0042] Zur besseren Detektierbarkeit im Massenspektrometer können die erzeugten Fragmente eine einzelne positive oder negative Nettoladung aufweisen. Bevorzugt wird das vorgenannte Verfahren zur Ermittlung von genetischen und/oder epigenetischen Parametern von Genen, die mit Apoptose assoziiert sind, verwendet.

[0043] Die erfindungsgemässen Oligomere oder Arrays derselben sowie ein erfindungsgemässes Kit sollen zur Diagnose und/oder Therapie einer mit Apoptose assoziierten Krankheit durch Analyse von Methylierungsmustern von Genen, die mit Apoptose assoziiert sind, verwendet werden. Erfindungsgemäss bevorzugt ist die Verwendung des Verfahrens zur Diagnose und/oder Therapie bedeutender genetischer und/oder epigenetischer Parameter innerhalb von Genen, die mit Apoptose assoziiert sind.

[0044] Das erfindungsgemässe Verfahren dient zum Beispiel der Diagnose und/oder der Therapie von HIV-Infektion, Bloom Syndrom, Cardiopathie, Alterung, neurodegenerativer Erkrankungen, Herpes simplex Virusinfektion, renaler Ischämie, Amyotropher Lateralsklerose, soliden Tumoren und Krebsarten.

[0045] Auch die erfindungsgemässen Nukleinsäuren der Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 78 und dazu komplementäre Sequenzen und/oder die chemisch vorbehandelte DNA von Genen, die mit Apoptose assoziiert sind gemäß einer der Sequenzen der in Tabelle 1 aufgelisteten Gene und dazu komplementäre Sequenzen können für die Diagnose und/oder der Therapie von genetischen und/oder epigenetischen Parametern von Genen, die mit Apoptose assoziiert sind, verwendet werden.

[0046] Die vorliegende Erfindung betrifft weiterhin ein Verfahren zur Herstellung eines Diagnostikums und/oder Therapeutikums zur Diagnose und/oder der Therapie von Krankheiten, die mit Apoptose assoziiert sind durch Analyse von Methylierungsmustern von Genen, die mit Apoptose assoziiert sind, wobei das Diagnostikum und/oder das Therapeutikum dadurch gekennzeichnet ist, dass mindestens eine Nukleinsäure, gemäß der vorliegenden Erfindung, gegebenenfalls zusammen mit geeigneten Zusatz- und Hilfsstoffen zu dessen Herstellung verwendet wird.

[0047] Ein weiterer Gegenstand der vorliegenden Erfindung betrifft ein Diagnostikum und/oder Therapeutikum für Krankheiten, die mit Apoptose assoziiert sind, durch Analyse von Methylierungsmustern von Genen, die mit Apoptose assoziiert sind, wobei das Diagnostikum und/oder Therapeutikum dadurch gekennzeichnet ist, dass es mindestens eine Nukleinsäure gemäß der Erfindung, gegebenenfalls zusammen mit geeigneten Zusatz- und Hilfsstoffen enthält.

[0048] Die vorliegende Erfindung betrifft weiterhin die Diagnose und/oder Prognose nachteiliger Ereignisse für Patienten oder Individuen, bei dem die mittels der Erfindung erhaltenen bedeutenden genetischen und/oder epigenetischen Parameter innerhalb von Genen, die mit Apoptose assoziiert sind mit einem anderen Satz genetischen und/oder epigenetischen Parameter verglichen werden können und die so erhaltenen Unterschiede als Basis für eine Diagnose und/oder Prognose nachteiliger Ereignisse für Patienten oder Individuen dienen.

[0049] Unter dem Begriff "Hybridisierung" im Sinne der vorliegenden Erfindung ist eine Bindung unter Ausbildung einer Duplex-Struktur eines Oligonukleotids an eine vollständig komplementäre Sequenz im Sinne der Watson-Crick Basenpaarungen in der Proben DNA zu verstehen. Unter "stringenten Hybridisierungsbedingungen" sind solche Bedingungen zu verstehen, bei denen eine Hybridisierung bei 60°C in 2,5 x SSC-Puffer, gefolgt von mehreren Waschschritten bei 37°C in einer geringeren Pufferkonzentration erfolgt und stabil bleibt.

[0050] Mit dem Begriff "funktionelle Varianten" sind alle DNA-Sequenzen bezeichnet, die komplementär zu einer DNA-Sequenz sind, die unter stringenten Bedingungen mit der Referenzsequenz hybridisieren und eine zu dem entsprechenden erfindungsgemässen Polypeptid ähnliche Aktivität aufweisen.

[0051] "Genetische Parameter" im Sinne dieser Erfindung sind Mutationen und Polymorphismen von Genen, die mit Apoptose assoziiert sind und zu deren Regulation weiterhin erforderlicher Sequenzen. Insbesondere sind als Mutationen Insertionen, Deletionen, Punktmutationen, Inversionen und Polymorphismen und besonders bevorzugt SNPs (Single Nucleotide Polymorphisms) zu bezeichnen.

[0052] "Epigenetische Parameter" im Sinne dieser Erfindung sind insbesondere Cytosin-Methylierungen und weitere chemische Modifikationen von DNA-Basen von Genen, die mit Apoptose assoziiert sind und zu deren Regulation weiterhin erforderliche Sequenzen. Weitere epigenetische Parameter sind beispielsweise die Acetylierung von Histonen, die jedoch mit dem beschriebenen Verfahren nicht direkt analysiert werden kann, sondern wiederum mit der DNA-Methylierung korreliert.

[0053] Die Erfindung soll nun im folgenden auf Basis der Sequenzen und Beispiele weiter verdeutlicht werden, ohne dass die Erfindung hierauf eingeschränkt wird.

[0054] **Fig. 1**

[0055] **Fig. 1** zeigte die Hybridisierung von Fluoreszenz-markierten Amplifikaten an ein Oberflächengebundenes Oligonukleotid. Probe I stammt von gesundem Gewebe und Probe II stammt von pilocytischem Astrocytom (Tumor)-Gewebe. Die Fluoreszenz an einem Punkt zeigt die Hybridisierung des Amplifikats an. Die Hybridisierung an ein CG Oligonukleotid zeigt an, dass die Methylierung an der Cytosin-Position analysiert wird, die Hybridisierung an ein TG Oligonukleotid zeigt an, dass keine Methylierung an der Cytosin-Position analysiert wird.

Sequenz ID Nos. 1 bis 74

[0056] Sequenzen, die ungerade Sequenznummern haben (z.B., Seq. ID No. 1, 3, 5, ...) zeigen in jedem Fall Sequenzen der chemisch vorbehandelten genomischen DNAs von verschiedenen Genen, die mit Apoptose assoziiert sind. Sequenzen, die gerade Sequenznummern aufweisen (z.B., Seq. ID No. 2, 4, 6, ...) zeigen in jedem Fall Sequenzen der chemisch vorbehandelten genomischen DNAs von verschiedenen Genen, die mit Apoptose assoziiert sind, die komplementär zu den voranstehenden Sequenzen sind (z.B., die komplementäre Sequenz zu Seq. ID No. 1 ist Seq. ID No. 2, die komplementäre Sequenz zu Seq. ID No. 3 ist Seq. ID No. 4, usw.)

Seq. ID No. 75 bis Seq. ID No. 78

[0057] Seq. ID No. 75 bis Seq. ID No. 78 zeigen die Sequenzen von Oligonukleotiden, wie in Beispiel 1 verwendet.

[0058] Das folgende Beispiel betrifft ein Fragment eines Gens, das mit Apoptose assoziiert ist, in diesem Fall „Death-associated Protein 1“ (DAPK1), worin eine spezifische CG-Position auf ihren Methylierungsstatus hin analysiert wird.

Beispiel 1: Methylierungsanalyse in dem mit Apoptose assoziierten Gen DAPK1

[0059] Das folgende Beispiel betrifft ein Fragment des Gens DAPK1, worin eine spezifische CG-Position auf ihren Methylierungsstatus hin analysiert wird.

[0060] Im ersten Schritt wird eine genomische Sequenz unter Verwendung von Bisulfit (Hydrogensulfit, Disulfit) derart behandelt, dass alle nicht an der 5-Position der Base methylierten Cytosine so verändert werden, dass eine hinsichtlich dem Basenpaarungsverhalten unterschiedliche Base entsteht, während die in 5-Position methylierten Cytosine unverändert bleiben.

[0061] Wird für die Reaktion Bisulfit verwendet, so findet an den nicht methylierten Cytosinbasen eine Addition statt. Zudem müssen ein denaturierendes Reagenz oder Lösungsmittel sowie ein Radikalfänger zugegen sein. Eine anschließende alkalische Hydrolyse führt dann zur Umwandlung von nicht methylierten Cytosin-Nukleobasen in Uracil. Chemisch umgewandelte DNA (Sequence ID Nos. 73 und 74) dient dann dazu, methylierte Cytosine nachzuweisen. Im zweiten Verfahrensschritt verdünnt man die behandelte DNA-Probe mit Wasser oder einer wässrigen Lösung. Bevorzugt wird anschliessend eine Desulfonierung der DNA (10-30 min, 90-100 °C) bei alkalischem pH-Wert durchgeführt. Im dritten Schritt des Verfahrens amplifiziert man die DNA-Probe in einer Polymerasekettenreaktion, bevorzugt mit einer hitzebeständigen DNA-Polymerase. Im vorliegenden Fall werden Cytosine des Gens DAPK1 analysiert. Dazu wird mit den spezifischen Primeroligonukleotiden ATTAA-TATTATGTAAAGTGA (Seq. ID No. 75) und CTTACAACCATTCACCCACA (Seq. ID No. 76) ein definiertes Fragment der Länge 465 bp amplifiziert. Dieses Amplifikat dient als Probe, die an ein vorher an einer Festphase gebundenes Oligonukleotid unter Ausbildung einer Duplexstruktur hybridisiert, beispielsweise GTTA-TATCGTGGAGGATA (Seq. ID No. 76), wobei sich das nachzuweisende Cytosin an Position 135 des Amplifikats befindet. Der Nachweis des Hybridisierungsprodukts beruht auf Cy3 und Cy5 fluoreszenzmarkierten Primer-Oligonukleotiden, die für die Amplifikation verwendet wurden. Nur wenn in der Bisulfit behandelten DNA an dieser Stelle ein methyliertes Cytosin vorgelegen hat, kommt es zu einer Hybridisierungsreaktion der amplifizierten DNA mit dem Oligonukleotid. Somit kann der Methylierungsstatus des jeweiligen zu untersuchenden Cytosins über das Hybridisierungsprodukt abgeleitet werden.

[0062] Um den Methylierungsstatus der Position zu überprüfen, wird eine Probe des Amplifikats weiterhin an ein anderes Oligonukleotid hybridisiert, das vorher an eine feste Phase gebunden wurde. Dieses Oligonukleotid ist identisch zu dem Oligonukleotid, das vorher benutzt wurde, um den Methylierungsstatus der Probe zu analysieren, mit der Ausnahme der fraglichen Position. An der zu analysierenden Position umfasst das Oligonukleotid eine Thymin-Base, im Gegensatz zu einer Cytosin-Base d.h. die Sequenz GTTATATTGTGGAGGATA (Seq. ID No. 78). Daher findet die Hybridisierungsreaktion nur statt, falls ein nicht-methyliertes Cytosin an der zu analysierenden Positionen vorhanden ist. Das Verfahren wurde an zwei Zellproben aus 2 Patienten durchgeführt, wobei Probe 1 aus normalem gesundem Gewebe und Probe 2 aus einer pilocytischem Astrocy-

tom Tumorprobe stammte.

[0063] Aus den Ergebnissen (siehe **Fig. 1**) kann gesehen werden, dass Probe 1 ein Gemisch von sowohl methylierten und nicht-methylierten Zellen an der Position des Amplifikats enthielt, wohingegen Probe 2 nur methylierte Zellen an Position 135 des Amplifikats enthielt.

[0064] Beispiel 2: Diagnose von mit Apoptose assoziierten Erkrankungen Um einen Bezug der Methylierungsmuster zu einer der mit Apoptose assoziierten Erkrankungen herzustellen, bedarf es zunächst der Untersuchung der DNA-Methylierungsmuster einer Gruppe von erkrankten und einer Gruppe von gesunden Personen. Diese Untersuchungen werden zum Beispiel analog dem Beispiel 1 durchgeführt. Die so erhaltenen Ergebnisse werden in einer Datenbank abgespeichert und die CpG Dinukleotide identifiziert, die zwischen den beiden Gruppen unterschiedlich methyliert sind. Dies kann durch Bestimmung einzelner CpG Methylierungsraten erfolgen, wie dies z. B. durch Sequenzieren relativ ungenau oder aber durch eine Methylierungs-sensitive „Primer-Extension-Reaktion“ sehr genau möglich ist. Auch gleichzeitige Analyse des gesamten Methylierungsstatus ist möglich, und die Muster können z.B. mittels Clustering-Analysen, die z.B. durch einen Rechner durchgeführt werden können, verglichen werden.

[0065] Nachfolgend ist es möglich, untersuchte Patienten einer bestimmten Therapiegruppe zuzuordnen und diese Patienten gezielt mit einer individualisierten Therapie zu behandeln.

[0066] Beispiel 2 kann zum Beispiel für die folgenden Erkrankungen durchgeführt werden: HIV-Infektion, Bloom Syndrom, Cardiopathie, Alterung, neurodegenerativer Erkrankungen, Herpes simplex Virusinfektion, renal Ischämie, Amyotropher Lateralsklerose, soliden Tumoren und Krebsarten.

Gen	Datenbank-Eintragungsnummer. (GenBank unter www.ncbi.nlm.nih.gov)
TNFRSF6	(NM_000043),
TNFRSF6	(NM_000043),
TNFRSF6	(NM_000043),
BCL2	(NM_000633),
BCL2L1	(NM_001191),
BCL2L2	(NM_004050),
BNIP3	(NM_004052),

CASP3	(NM_004346),
CASP7	(NM_001227),
PDCD1	(NM_005018),
SFRP5	(NM_003015),
STK17A	(NM_004760),
REQ	(NM_006268)

Schutzansprüche

1. Nukleinsäure von mit Apoptose assoziierten Genen, umfassend einen mindestens 18 Basen langen Sequenzabschnitt der chemisch vorbehandelten DNA gemäß einer der Sequenzen ausgewählt aus der Gruppe umfassend Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 74 und dazu komplementäre Sequenzen.

2. Nukleinsäure von mit Apoptose assoziierten Genen, umfassend einen mindestens 18 Basen langen Sequenzabschnitt der chemisch vorbehandelten DNA gemäß einer der Sequenzen gemäß den Genen TNFRSF6 (NM_000043), BCL2 (NM_000633), BCL2L1 (NM_001191), BCL2L2 (NM_004050), BNIP3 (NM_004052), CASP3 (NM_004346), CASP7 (NM_001227), PDCD1 (NM_005018), SFRP5 (NM_003015), STK17A (NM_004760), REQ (NM_006268) und dazu komplementärer Sequenzen.

3. Oligomer, insbesondere Oligonukleotid oder Peptide Nucleic Acid (PNA)-Oligomer, wobei das Oligomer in jedem Fall mindestens eine Basensequenz mit einer Länge von mindestens 9 Nukleotiden umfaßt, die an eine chemisch vorbehandelte DNA gemäß einer der Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 74 nach Anspruch 1 oder eine chemisch vorbehandelte DNA von Genen nach Anspruch 2 und dazu komplementären Sequenzen hybridisiert oder dazu identisch ist.

4. Oligomer nach Anspruch 3, wobei die Basensequenz mindestens ein CpG Dinukleotid umfaßt.

5. Oligomer nach Anspruch 3, dadurch gekennzeichnet, daß sich das Cytosin des CpG Dinukleotids in etwa im mittleren Drittel des Oligomers befindet.

6. Satz von Oligomeren, umfassend mindestens zwei Oligomere nach einem der Ansprüche 3 bis 5.

7. Satz von Oligomeren nach Anspruch 6, umfassend Oligomere zur Detektion des Methylierungszustandes aller CpG Dinukleotide von einer der Sequenzen gemäß einer der Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 74 nach Anspruch 1 oder einer chemisch vorbehandelten DNA von Genen nach Anspruch 2 und dazu komplementärer Sequenzen.

8. Satz von mindestens zwei Oligonukleotiden nach Anspruch 3, die als Primer-Oligonukleotide zur Amplifikation von DNA-Sequenzen einer der Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 74 und dazu komplementären Sequenzen oder einer chemisch vorbehandelten DNA von Genen nach Anspruch 2 und dazu komplementären Sequenzen oder Abschnitten davon eingesetzt werden können.

9. Satz von Oligonukleotiden nach Anspruch 8, dadurch gekennzeichnet, daß mindestens ein Oligonukleotid an eine Festphase gebunden ist.

10. An eine Festphase gebundene Anordnung von unterschiedlichen Oligomeren (Array) zur Analyse von in Zusammenhang mit dem Methylierungszustand der CpG Dinukleotide einer der Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 74 und dazu komplementärer Sequenzen und/oder einer chemisch vorbehandelten DNA von Genen nach Anspruch 2 stehenden Erkrankungen, bei dem mindestens ein Oligomer nach einem der Ansprüche 3 bis 5 an eine feste Phase gekoppelt vorliegt.

11. Array von unterschiedlichen Oligonukleotid- und/oder PNA-Oligomersequenzen nach Anspruch 10, dadurch gekennzeichnet, daß diese auf einer ebenen Festphase in Form eines rechtwinkligen oder hexagonalen Gitters angeordnet sind.

12. Array nach einem der Ansprüche 10 oder 11, dadurch gekennzeichnet, daß die Festphasenoberfläche aus Silizium, Glas, Polystyrol, Aluminium, Stahl, Eisen, Kupfer, Nickel, Silber oder Gold besteht.

13. DNA- und/oder PNA-Array zur Analyse von in Zusammenhang mit dem Methylierungszustand von Genen stehenden Erkrankungen, der mindestens eine Nukleinsäure nach einem der voranstehenden Ansprüche umfaßt.

14. Kit, umfassend ein Bisulfit (= Disulfit, Hydrogensulfit) Reagenz sowie Oligonukleotide und/oder PNA-Oligomere nach einem der Ansprüche 3 bis 5.

Es folgt ein Blatt Zeichnungen

Figur 1

