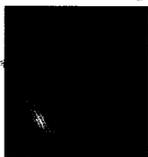
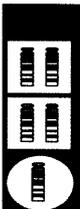


Epigenetik   	<b>Was ist Epigenetik ?</b>	251	Bernhard Horsthemke
	<b>Heterochromatin und „Gene silencing“</b>	254	Günter Reuter
	<b>DNA-Methylierung – ein wichtiges genetisches Signal in Biologie und Pathogenese</b>	260	Walter Doerfler
	<b>Das Epigenomprojekt</b>	265	Stephan Beck, Kurt Berlin, Florian Eckhardt
	<b>Genomic Imprinting – Evolution eines neuen Konzepts der Genregulation bei Säugetieren</b>	270	Jörn Walter, Martina Paulsen
	<b>Epigenetische Genomreprogrammierung im frühen Säugerembryo: Mechanismen und Pathologie</b>	275	Thomas Haaf
	<b>Uniparentale Disomie und genomic imprinting</b>	280	Dieter Kotzot
	<b>Epimutationen bei menschlichen Erkrankungen</b>	286	Bernhard Horsthemke
	<b>Epigenetische Vererbung</b>	292	Karin Buiting
	<b>Krebsepigenetik</b>	296	Dirk Prawitt, Bernhard Zabel
	<b>DNA-Methyltransferase-Inhibitoren in der epigenetischen Krebstherapie</b>	303	Bodo Brückner, Frank Lyko

Institutsnachrichten Habilitationen	<b>Zur molekularen Analyse der Struktur und der Evolution des Haupthistonkompatibilitätskomplexes (MHC) der Ratte</b>	307	Lutz Walter
	<b>Zur Rolle der HSP70- und MPR300-Gene für die Suszeptibilität von Tumorzellen gegenüber zytotoxischen T-Lymphozyten</b>	311	Ralf Dressel

GfH	<b>Ankündigung 17. Jahrestagung der Deutschen Gesellschaft für Humangenetik</b>	314	Claus R. Bartram
-----	---	-----	------------------

Akademie Humangenetik	<b>Fortbildungskurse</b>	316	B
	<b>Veranstaltungskalender</b>		
	<b>Impressum</b>		

**Abbildungsnachweis Titelseite**  
 Bernhard Horsthemke (Abb. 1 und 2)  
 Thomas Haaf (Abb. 3)

**Abbildungslegende**  
**Abb. 1 (rechts oben)** Aktives Chromatin (oben) und inaktives Chromatin (unten). Im aktiven Chromatin sind bestimmte Histonreste acetyliert (Ac), die Nukleosomen (blau) sind locker gepackt und ein Transkriptionsfaktor (TF) kann an der DNA binden. Im inaktiven Chromatin sind diese Histonreste sowie bestimmte Cytosinreste methyliert (CH3) und durch heterochromatische Proteine (z.B. HP1) komplexiert. Auf Grund der dichten Packung der Nukleosomen ist die DNA nicht mehr für einen Transkriptionsfaktor zugänglich.

**Abb 2 (links oben)** Genomisches Imprinting. Die mütterlichen Imprints (rot) werden in der Keimbahn ausgelöscht und neu gesetzt. Nach der Befruchtung werden die Imprints zusammen mit der DNA repliziert.

**Abb. 3 (unten mitte)** Globales Methylierungsmuster in einem Zweizellembryo. Der obere Embryo zeigt ein normales Muster, im unteren Embryo ist die rechte Zelle hypomethyliert. Siehe dazu den Beitrag von Thomas Haaf.