

EpiC

Epigenetic Characterisation of cell behaviour in bioprocesses

Programm / Ausschreibung	KS 24/26, Bridge 2025, BRIDGE 2025/01	Status	laufend
Projektstart	01.06.2026	Projektende	31.05.2028
Zeitraum	2026 - 2028	Projektlaufzeit	24 Monate
Barwert der Projektförderung	€ 360.000		
Keywords	DNA-methylation, epigenetic regulation, Chinese Hamster Ovary cells, Bioprocessing		

Projektbeschreibung

Die Kontrolle der Expression von Genen erfolgt über zwei Mechanismen der epigenetischen Kontrolle: das DNA-Methylierungsmuster und das Vorhandensein von Histonmarkierungen. Histonmarkierungen bestimmen die Suprafunktionalität des Genoms und markieren Promotoren, aktiv transkribierte Regionen, reprimierte "silenced" Regionen sowie regulatorische Regionen wie Enhancer. Sie reagieren auf kurzfristige Veränderungen der Kulturbedingungen und bestimmen das finale Transkriptom. DNA-Methylierung hingegen stellt eine langfristige Festlegung des Zellverhaltens dar und dient als zelluläres Gedächtnis. Die genaue Funktion von Methylgruppen an bestimmten Stellen des Genoms ist derzeit unbekannt, mit Ausnahme ihrer Ein-/Aus-Kontrolle der Genexpression in Promotoren. Im restlichen Genom, z. B. in Enhancern, Silencern oder Genomregionen mit unbekannter Funktionalität, sind die Mechanismen jedoch kaum untersucht. In diesem Projekt wollen wir positionsspezifische Methylierung mit Bioprozessverhalten und Phänotypen korrelieren, um die zugrunde liegenden Regulationsmechanismen besser zu verstehen.

Abstract

The control of gene expression is achieved by the two main mechanisms of epigenetic control: the DNA-methylation pattern and the presence of histone marks. Histone marks determine the supra-functionality of the genome, marking promoters, actively transcribed regions, repressed or silenced regions as well as regulatory regions such as enhancers. They are responsive to short term changes in the culture environment and determine the final readout of the transcriptome. DNA-methylation on the other hand interacts with histone marks but represents a more long-term determination of cell behaviour and serves as cellular memory. The precise function of methyl groups in specific genomic locations is currently unknown, except for their ON/OFF control of gene expression in promoters. However, the remaining sites located eg. in enhancers, silencers or regions of the genome with unknown functionality, are barely understood. In this project we aim to correlate site specific methylation to bioprocess behaviour and phenotypes to better understand the underlying regulatory mechanisms.

Projektkoordinator

- Universität für Bodenkultur Wien Department für Biotechnologie und Lebensmittelwissenschaften

Projektpartner

- QBDC GmbH