

03. März 2011, Nr. 2011-03
PRESSEMITTEILUNG

Sperrfrist: Sonntag, 06. März 2011, 19.00 Uhr (MEZ)

Völlig neue Einblicke in die genetischen Ursachen der koronaren Herzerkrankung und des Herzinfarktes durch weltweit größte genetische Studie

Jedes Jahr sterben in Europa rund 750.000 Menschen an einem Herzinfarkt. Die zugrunde liegende Atherosklerose der Herzkranzarterien und der Herzinfarkt gehören damit in Deutschland zu den häufigsten Todesursachen. Neben traditionellen Risikofaktoren, wie Alter, Bluthochdruck, Fettstoffwechselstörungen, Diabetes mellitus, Zigarettenrauchen oder Übergewicht, spielen vererbte Risikofaktoren eine erhebliche Rolle bei der Entstehung der Erkrankung. Dies wurde durch die Ergebnisse einer großangelegten neuen Studie nun deutlich untermauert. Gemeinsam mit mehr als 150 Wissenschaftlern aus der ganzen Welt entdeckten deutsche Forscher 13 neue Risikogene für die koronare Herzerkrankung (KHK) und den Herzinfarkt. Zudem konnten 10 der 12 zuvor bekannten Risikogene bestätigt werden. Diese bahnbrechenden Untersuchungen wurden durch die Europäische Union und das Bundesministerium für Bildung und Forschung (BMBF) gefördert. Die Identifizierung dieser Risikogene erlaubt völlig neue Einsichten in die Krankheitsentstehung und eröffnet mittel- bis langfristig bislang ungeahnte Möglichkeiten für die Prävention und Therapie. (Online Vorabveröffentlichung am 06.03.2011, Schunkert et al., in *Nature Genetics*).

Insgesamt wurden für diese weltweit beispiellose Studie 22.000 Patienten mit koronarer Herzkrankheit und 65.000 gesunde Personen untersucht, um Regionen im menschlichen Genom aufzuspüren, die mit einem erhöhten KHK-Risiko vergesellschaftet sind. Die Ergebnisse wurden bei weiteren 50.000 Personen bestätigt. Dabei zeigte sich, dass bei alleinigem Vorliegen jedes der 13 neu entdeckten Risikogene die Gefahr eine KHK zu entwickeln um 6 bis 17 Prozent erhöht. Dies belegt die Relevanz der erblichen Komponente bei dieser Erkrankung.

Die neue Studie wurde durch ein internationales Konsortium von Forschern aus Deutschland, England, Island, Belgien, Kanada, Italien, Frankreich und den USA durchgeführt und von Wissenschaftlern der Universität zu Lübeck koordiniert. Von deutscher Seite waren Kollegen der Universitäten Regensburg, Mainz, Bonn, Kiel und dem Helmholtz Zentrum in München beteiligt und wurden im Rahmen des Nationalen Genomforschungsnetzes (NGFN-Plus) gefördert.

Die Suche nach den Risikogenen wurde durch die gleichzeitige Analyse von mehr als 2 Millionen über das gesamte Genom verteilten Genvarianten (sog. SNPs) möglich. Diese methodische Innovation hat die Suche nach vererbten Krankheitsursachen in den vergangenen 4 Jahren revolutioniert. In kurzer Folge wurde so in den vergangenen Jahren über die Identifikation bislang unbekannter Gene bzw. Genregionen für häufige Volkskrankheiten berichtet, wie z.B. Diabetes mellitus, Brustkrebs, Prostatakrebs oder der Fettsucht.

Die am 6. März 2011 im hoch angesehenen Wissenschaftsjournal *Nature Genetics* publizierten Ergebnisse werden von Studienleiter *Heribert Schunkert* von der Universität zu Lübeck erklärt: „Gemeinsam haben wir die bislang größte genetische Studie zu kardiovaskulären Erkrankungen durchgeführt. Insgesamt konnten wir in unseren Daten 23 genetische Varianten nachweisen, die das Herzinfarktrisiko erhöhen“.

Christian Hengstenberg vom Universitätsklinikum Regensburg ergänzt: „Eine überraschende Erkenntnis war die Tatsache, dass nur wenige der genetischen Varianten die Anfälligkeit für die koronare Herzkrankheit über eine Wirkung auf traditionelle Risikofaktoren, wie hohes Cholesterin oder hoher Blutdruck, vermitteln.“ Vielmehr spielen wohl bei der überwiegenden Mehrheit der Risikogene bislang unbekannte Mechanismen eine große Rolle. „Wir sind zuversichtlich, dass wir die nun gewonnenen Einsichten zum Wohle der Patienten nutzen können, sei es, um das persönliche Risiko abzubilden oder um neue therapeutische Strategien zu entwickeln.“ kommentiert *Jeanette Erdmann*, Koordinatorin der Studie von der Universität zu Lübeck.

Originaltitel der Publikation:

Large-scale association analysis identifies 13 new susceptibility loci for coronary artery disease. Heribert Schunkert et al. for the CARDIoGRAM Consortium (2011) Nature Genetics, March 6th 2011

Nationales Genomforschungsnetz (NGFN)

Das Bundesministerium für Bildung und Forschung (BMBF) fördert die Untersuchung der koronaren Herzerkrankung und des Herzinfarktes seit 2001 im Nationalen Genomforschungsnetz (NGFN). Die Förderung wird seit 2008 im Bereich NGFN-Plus in dem Programm der Medizinischen Genomforschung fortgeführt. Die hier vorgestellten Arbeiten wurden unter Federführung des Integrierten Verbundes „Atherogenomics“ im Rahmen von NGFN-Plus angefertigt.

www.ngfn.de

Für weitere Fragen stehen zur Verfügung:

Prof. Dr. rer. nat. Jeanette Erdmann

Universität zu Lübeck, Medizinische Klinik II
Ratzeburger Allee 160
23538 Lübeck
Telefon: 0451 500 4857
e-mail: j.erdmann@cardiogenics.eu

oder

Prof. Dr. med. Heribert Schunkert

Universität zu Lübeck, Medizinische Klinik II
Ratzeburger Allee 160
23538 Lübeck
Telefon: 0451 500 2501
e-mail: heribert.schunkert@uk-sh.de

oder

Prof. Dr. med. Christian Hengstenberg

Universitätsklinikum Regensburg, Klinik und Poliklinik für Innere Medizin II
Franz-Josef-Strauß-Allee 11
93053 Regensburg
Telefon: 0941 9447207
e-mail: christian.hengstenberg@klinik.uni-regensburg.de

Pressekontakt NGFN:

Dr. Silke Argo
NGFN Geschäftsstelle
c/o Deutsches Krebsforschungszentrum, V025
Im Neuenheimer Feld 280, 69120 Heidelberg
Tel.: 06221-424743
Fax: 06221-424651
E-Mail: s.argo@dkfz.de
Internet: www.ngfn.de