



PRESSEMITTEILUNG

PRESSE- UND ÖFFENTLICHKEITSARBEIT

Neue genetische Varianten als Risikofaktoren für Herz- erkrankungen identifiziert

Wissenschaftskommunikation
Dr. Eva Maria Wellnitz
Telefon: +49 621 383-1159 (-3184)
Telefax: +49 621 383-2195
eva.wellnitz@medma.uni-heidelberg.de

11. Dezember 2012

92 / 2012

Gewichtige wissenschaftliche Publikation in *Nature Genetics* unter Mannheimer Beteiligung

Koronare Herzkrankheiten stellen eine große Gefahr für Leib und Leben dar. Alleine in Deutschland erleiden jedes Jahr rund 280.000 Menschen einen Herzinfarkt, den etwa 90.000 nicht überleben. Neben beeinflussbaren Faktoren, die mit schlechten Gewohnheiten zu tun haben, wie Bewegungsmangel, Rauchen, „falsche“ Ernährung und erhöhter Alkoholkonsum, sowie Risikofaktoren wie Bluthochdruck und Diabetes, liegt die Veranlagung für koronare Herzerkrankungen auch in den Genen.

Eine groß angelegte Studie unter Beteiligung von Wissenschaftlern der Medizinischen Fakultät Mannheim zu koronaren Gefäßerkrankungen hat jetzt viele neue genetische Regionen identifiziert, die mit einem erhöhten Risiko für einen Herzinfarkt assoziiert sind. Sie bietet damit neue Einblicke in die genetischen Ursachen koronarer Herzkrankheiten sowie des Herzinfarkts.

Ein Konsortium (CARDIoGRAMplusC4D), das mehr als 180 Wissenschaftler aus Europa, Libanon, Pakistan, Korea, USA und Kanada umfasst, analysierte die Erbsubstanz von mehr als 60.000 Patienten sowie 130.000 Personen in der Kontrollgruppe. In die Erhebung flossen auch Daten der LURIC-Studie (Ludwigs-

Publikation

Large-scale association analysis identifies new risk loci for coronary artery disease

Nature Genetics 2012

DOI: 10.1038/ng.2480

<http://www.nature.com/ng/journal/vaop/ncurrent/full/ng.2480.html>

Universitätsmedizin Mannheim
Medizinische Fakultät Mannheim
Theodor-Kutzer-Ufer 1-3
68167 Mannheim
www.umm.uni-heidelberg.de

hafen Risk and Cardiovascular Health) ein, eine prospektive, epidemiologische Studie, die vor 15 Jahren begonnen wurde, um unbekannte klinische, biochemische und genetische Faktoren ausfindig zu machen, mit deren Hilfe das Risiko von Herz- und Gefäßkrankungen bestimmt werden kann. Die Studie wird von Professor Dr. Winfried März und Dr. Marcus Kleber vom Mannheimer Institut für Public Health geleitet und hat bereits wesentliche Beiträge zur Identifizierung von Risikofaktoren für diese Erkrankungen geleistet.

Die Wissenschaftler des Konsortiums konnten gemeinsam 15 neue genetische Regionen identifizieren, die mit einem erhöhten Risiko assoziiert sind, einen Herzinfarkt zu erleiden. Damit steigt die Zahl der Loci, die mit einer solchen Prädisposition in Verbindung gebracht werden können, auf insgesamt 46. Die Autoren der Studie vermuten allerdings, dass damit erst ein kleiner Teil von vielleicht rund 10 Prozent der Erbllichkeit koronarer Herzkrankheiten erklärt werden kann.

Die Ergebnisse machen deutlich, dass es nicht einzelne genetische Schalter sind, die für die Prädisposition für einen Herzinfarkt verantwortlich sind und für eine Vorhersage des individuellen Risikos als Marker genutzt werden könnten. Vielmehr scheint es ein subtiles Zusammenspiel von Dutzenden oder gar Hunderten von genetischen Varianten zu sein, die das individuelle Herzinfarktrisiko ausmachen, von denen aber jede einzelne für sich unbedeutend ist.

Der Wert der aktuellen Ergebnisse liegt vor allem darin, biologische Mechanismen zu identifizieren, die eine Rolle bei der Entstehung von Herzerkrankungen spielen. Die Ergebnisse weisen – nicht überraschend

– darauf hin, dass sowohl der Fettstoffwechsel als auch entzündliche Prozesse eine bedeutsame Rolle spielen. So wirken einige der neu entdeckten genetischen Varianten über bekannte Risikofaktoren von koronaren Herzkrankheiten, wie hoher Blutdruck und erhöhter Cholesterin-Spiegel. Darüber hinaus scheint es aber etliche Varianten zu geben, die über bisher unbekannte Mechanismen agieren.

Hier wird die weitergehende Forschung ansetzen, mit dem Ziel zu verstehen, wie diese genetischen Varianten das Risiko für koronare Herzerkrankungen beeinflussen, um auf diese Weise neue Angriffsziele für die künftige Entwicklung neuer Medikamente identifizieren zu können.