

Die Aufklärung genetischer Faktoren bei Krankheiten: Chancen für Ursachenforschung und Prädiktion

Markus Nöthen

Alfried Krupp von Bohlen und Halbach – Professur für Genetische Medizin

Institut für Humangenetik

Abteilung für Genomik, Life & Brain



universität**bonn**

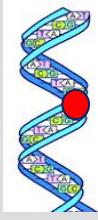


universitäts
klinikum**bonn**

Monogene vs. multifaktorielle Krankheiten

Monogene Krankheiten

seltene



Gen

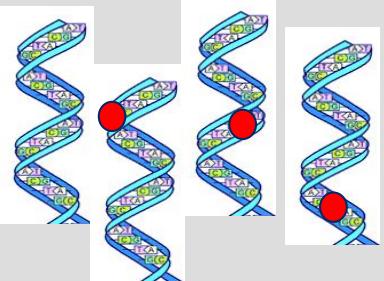
=

Krankheit

(z.B. Zystische Fibrose)

Multifaktorielle Krankheiten

häufige



Multiple Gene

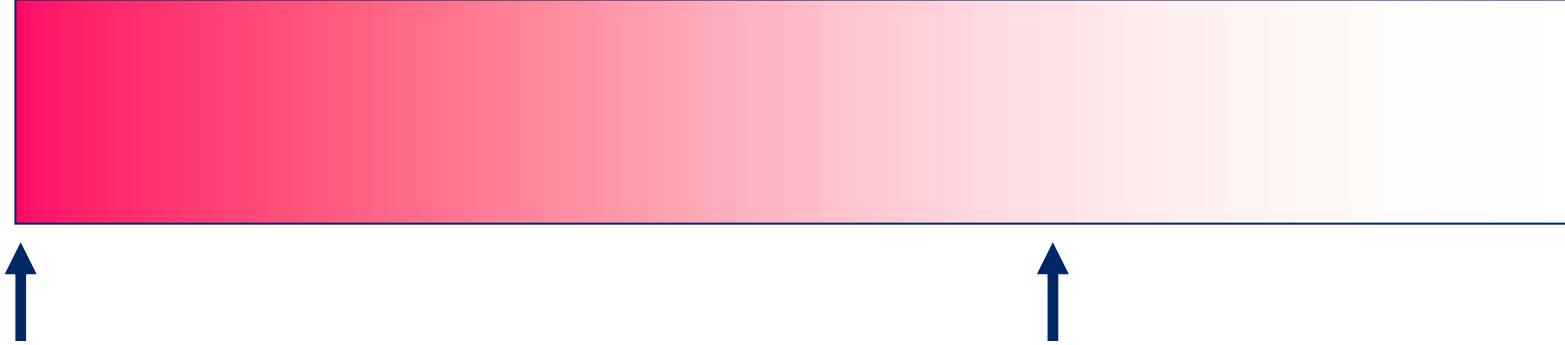
+ Umgebungs- faktoren =

Krankheit

(z.B. Hypertonie, Diabetes Typ I u. II, psychiatrische Krankheiten)

Monogene vs. multifaktorielle Krankheiten

Krankheitsgene: Kontinuum der Penetranzen



Hohe Penetranz
(monogene
Krankheit)

Niedrige Penetranz
(multifaktorielle
Krankheit)

Identifizierung von Krankheitsgenen: monogene Krankheiten

Monogene Krankheiten mit identifizierten Gendefekt

1990	70
2000	1.300
2010	2.900

**1.800 monogene Krankheiten ohne Gendefekt
+ weitere noch nicht berichtete Krankheiten**

Voraussetzungen für sinnvolle prädiktive Diagnostik

- » **Hohes Erkrankungsrisiko bei positivem Testergebnis (hinreichender positiver prädiktiver Wert)**
- » **Ausschluss der Erkrankung möglich (hinreichender negativer prädiktiver Wert)**
- » **Effektive Präventionsmöglichkeiten**

Beispiel: Erblicher Dickdarmkrebs ohne Polyposis (HNPCC / Lynch-Syndrom) monogene Krankheiten

» etwa 2-3 % aller Darmkrebserkrankungen

» klinisches Bild:

Kolonkarzinom in jungem Alter (~ 44 J.)

Lokalisation bevorzugt im rechten Hemikolon

Häufig muzinöse/ siegelringzellige Adenokarzinome mit entzündlicher Infiltration, Mikrosatelliteninstabilität

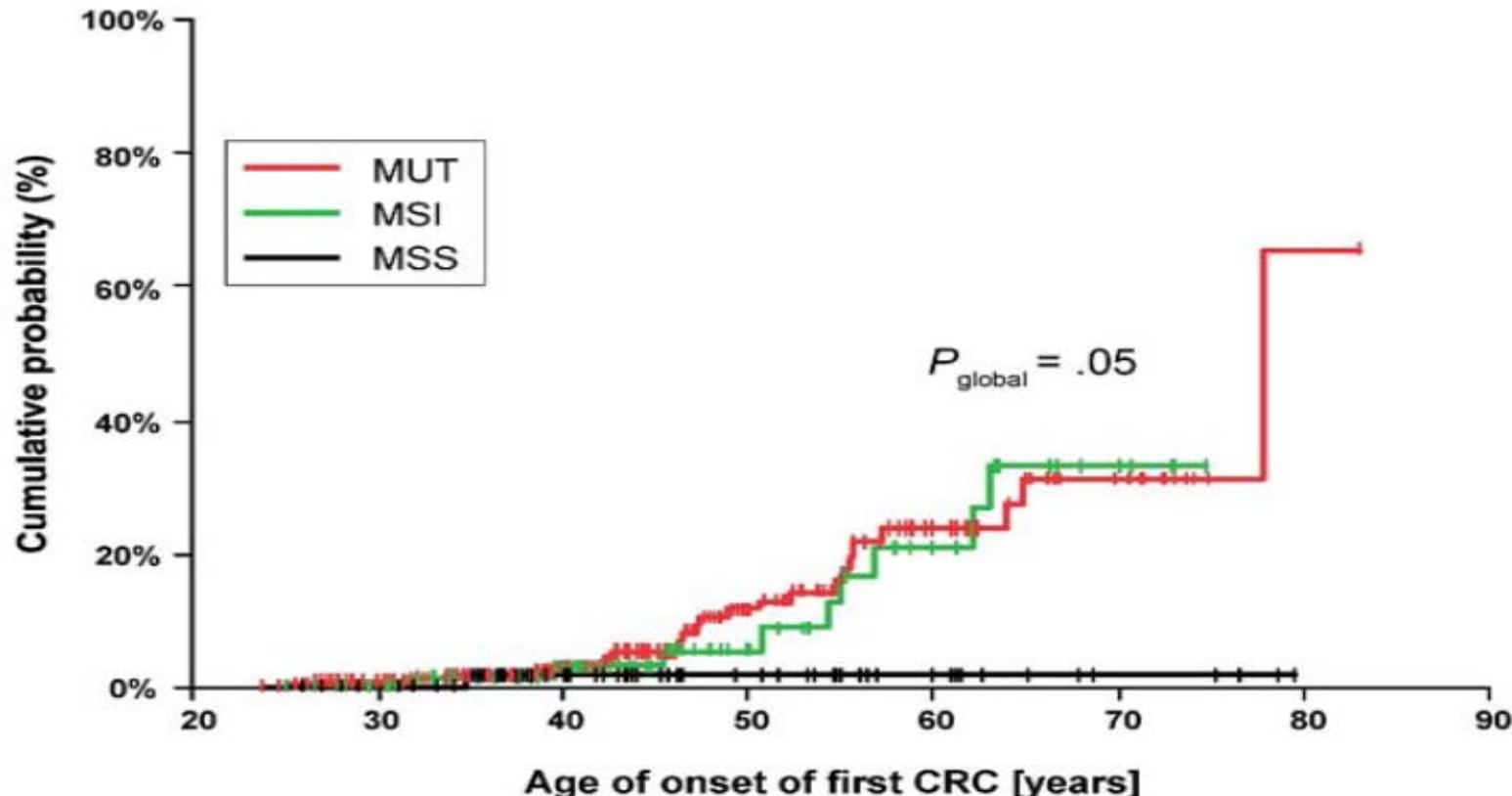
Häufig synchrone/ metachrone Zweitkarzinome (30 %)

Adenome in 1/3 der Patienten

Häufig extrakolonische Manifestationen (u. a. Tumoren von Endometrium, Magen, Dünndarm, Ovarien, Harnleitern, Talgdrüsen)

Beispiel: Erblicher Dickdarmkrebs ohne Polyposis (HNPCC / Lynch-Syndrom)

» Lebenszeitrisiko für Kolonkarzinome: ca. 65 %

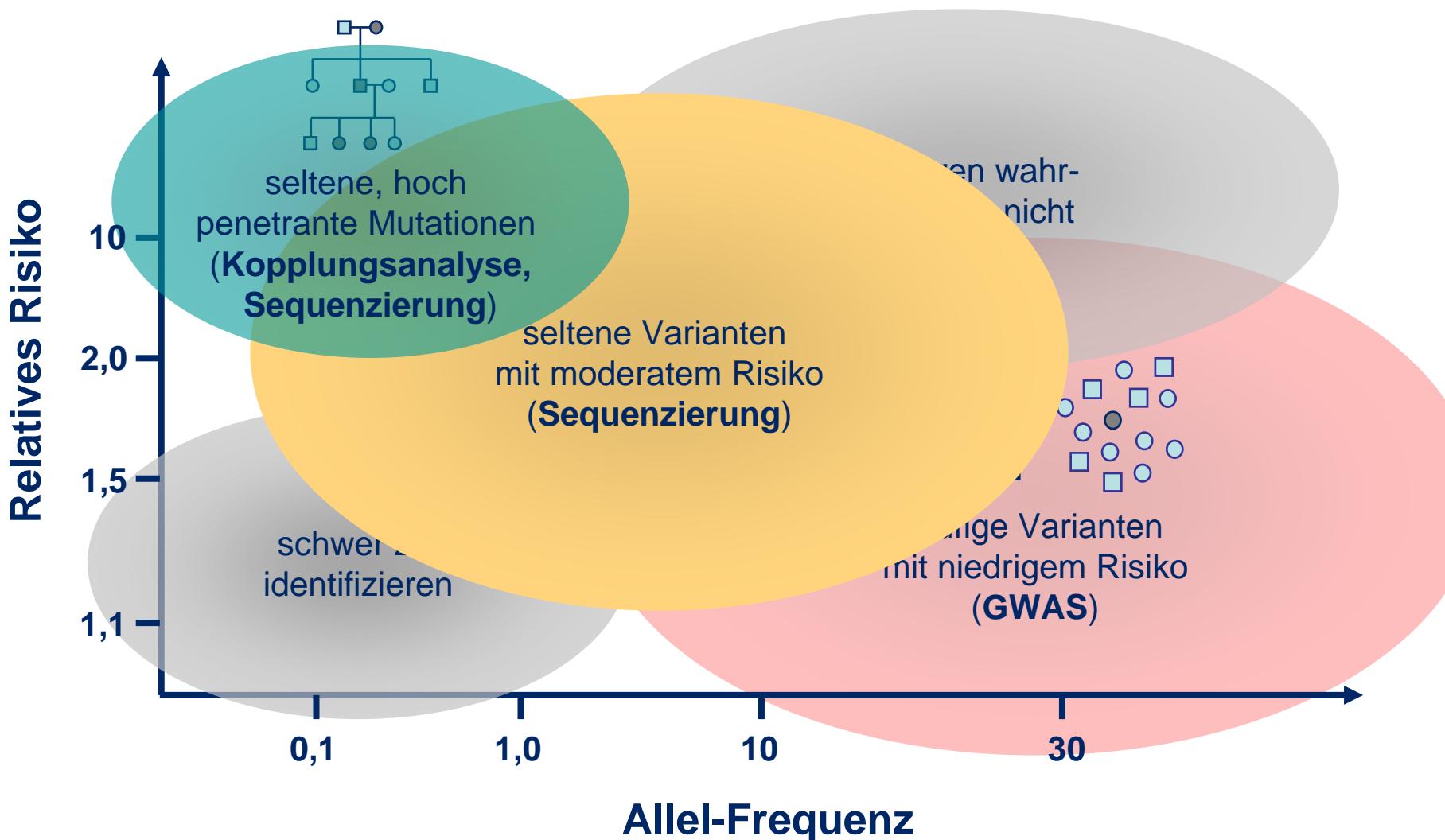


Beispiel: Erblicher Dickdarmkrebs ohne Polyposis (HNPCC / Lynch-Syndrom)

Krebsfrüherkennungsprogramm

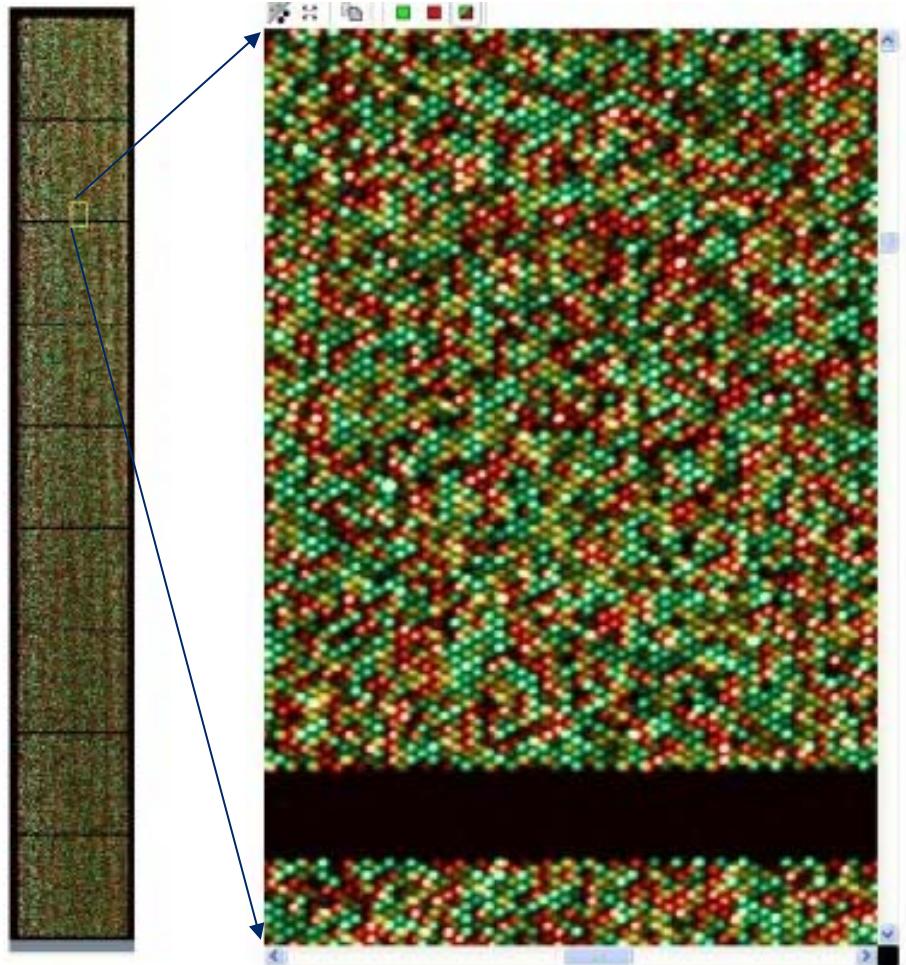
- » **jährlich ab dem 25. Lebensjahr:**
 - körperliche Untersuchung
 - Sonographie Abdomen
 - komplette Koloskopie
 - für Frauen: transvaginale Sonographie.
- » **ab dem 35. Lebensjahr zusätzlich:**
 - Ösophago-Gastro-Duodenoskopie
 - für Frauen: Endometriumbiopsie

Identifizierung von Krankheitsgenen



Identifizierung von Krankheitsgenen:

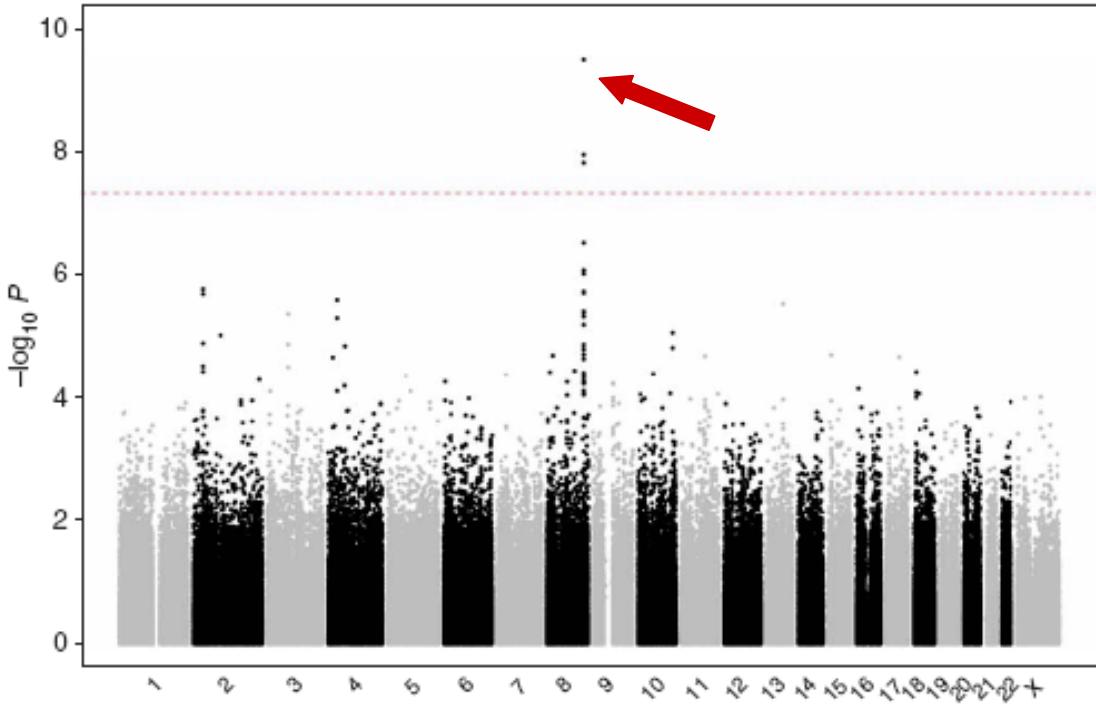
Genomweite Assoziationsuntersuchungen



Scan of an individuals DNA with an array
harbouring a genome wide set of 550,000
tag SNP markers (Illumina)

Identifizierung von Krankheitsgenen: Genomweite Assoziationsuntersuchungen

SNP-Arrays



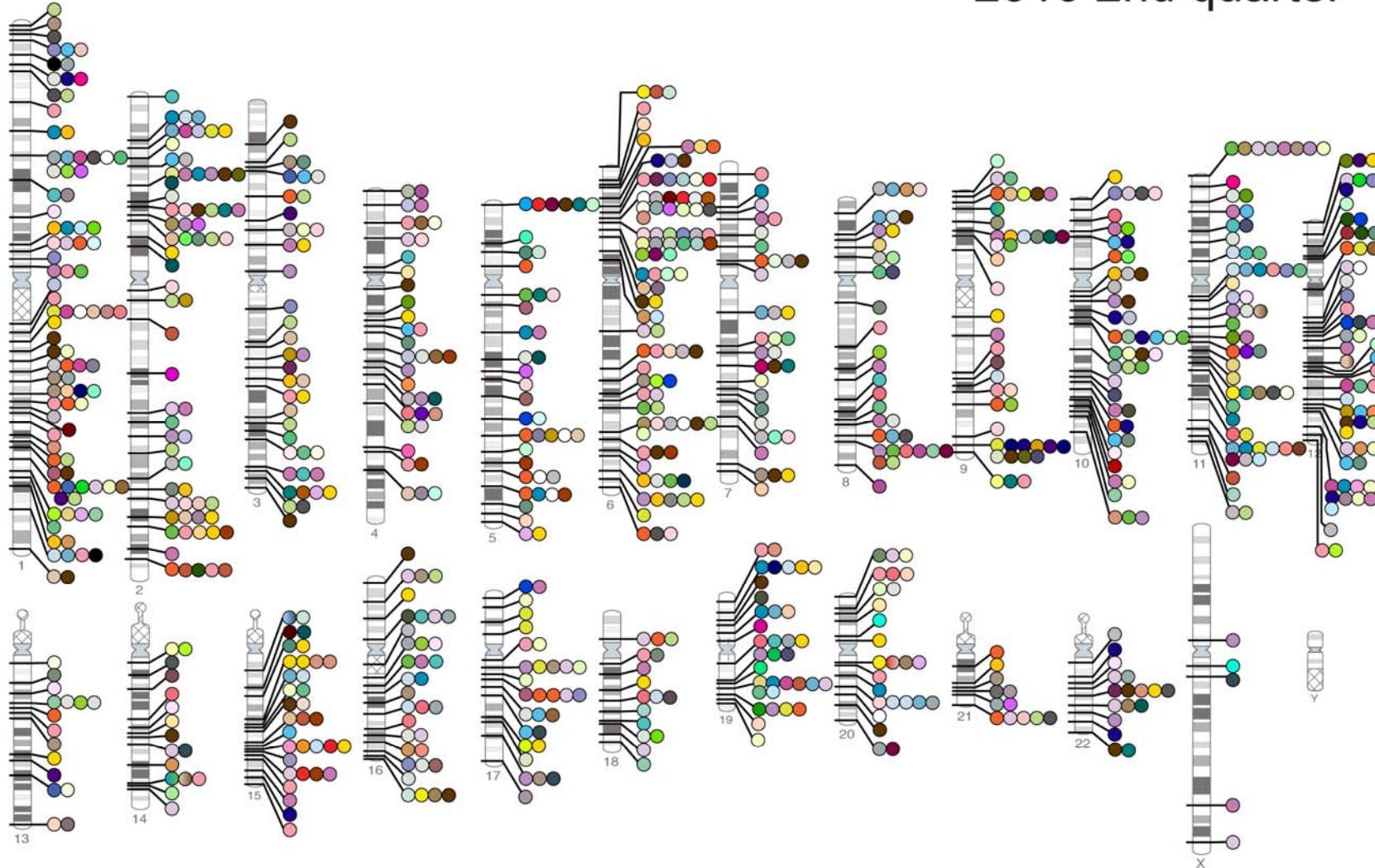
Lippen-Kiefer-Gaumenspalte

Arbeitsgruppe Dr. Elisabeth Mangold
Birnbaum et al. 2008 Nature Genetics
Mangold et al. 2009 Nature Genetics

Identifizierung von Krankheitsgenen

Genomweite Assoziationsuntersuchungen

2010 2nd quarter



Identifizierung von Krankheitsgenen

Genomweite Assoziationsuntersuchungen



Genomweite Assoziationsstudien identifizieren neue biologische Krankheitsursachen

Makuladegeneration

Alternativer Weg der Komplementaktivierung

Diabetes Typ II

39 genetische Loci ohne offensichtlichen
Zusammenhang mit dem Glukosestoffwechsel

Autoimmunerkrankungen

ca. 50% krankheitsübergreifend
ca. 50% spezifisch

Sichelzellenanämie

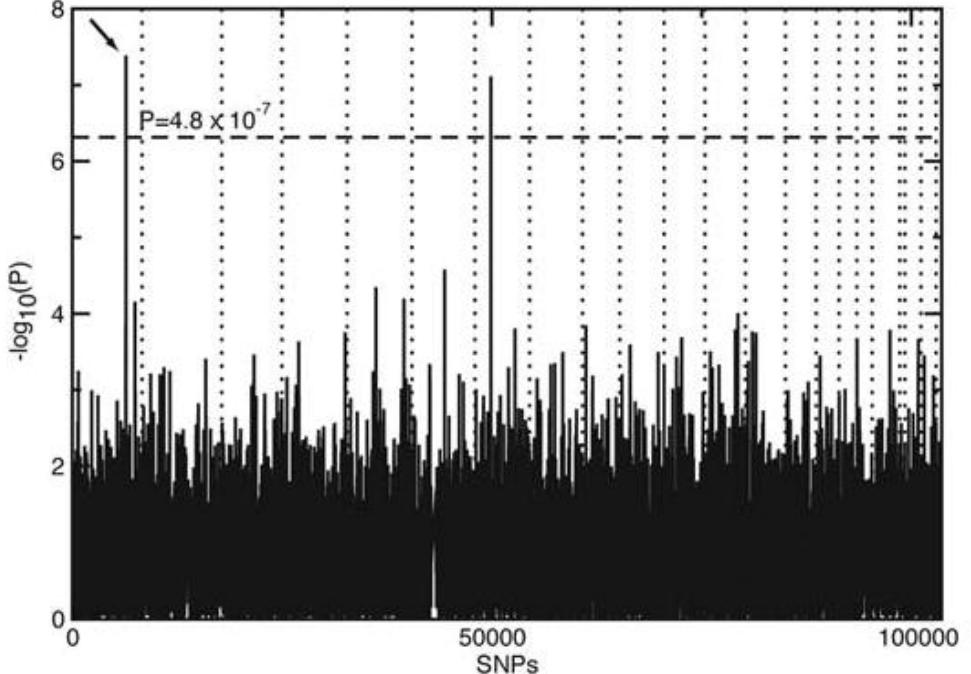
Regulatorischer Stoffwechselweg für HbF

Genexpression

>1000 genetische Loci, die zu interindividuellen
Unterschieden in der Genexpression führen

Vom Gen zur Therapie: Altersabhängige Makuladegeneration

Komplement Faktor H



96 Patienten, 50 Kontrollpersonen

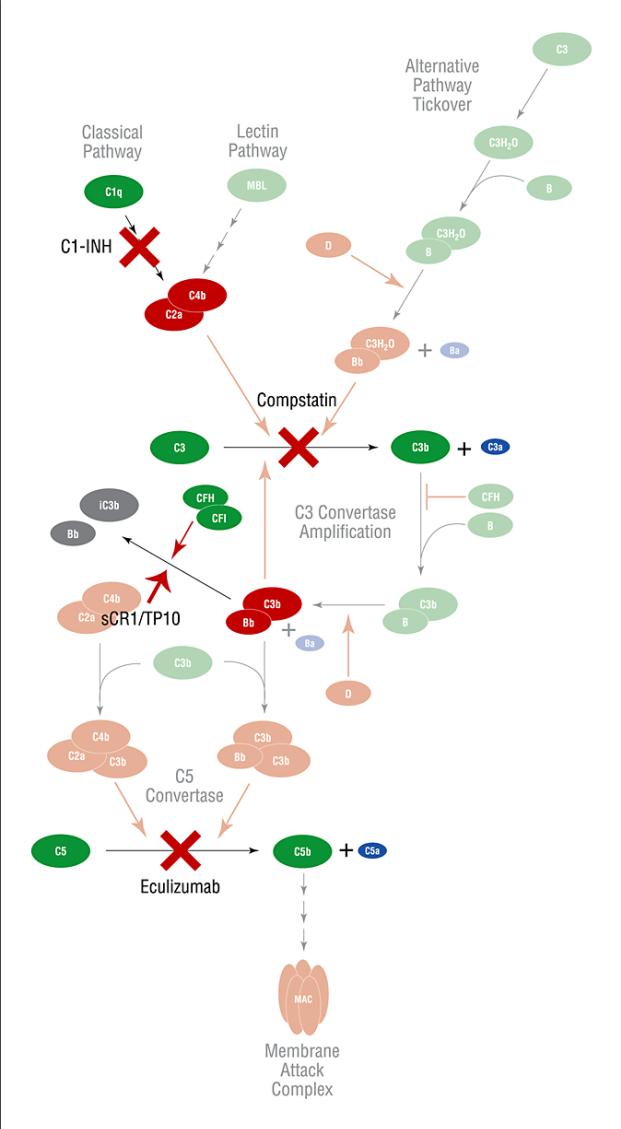
Klein et al. (2005) Science 308:385-389..

Vom Gen zur Therapie: Altersabhängige Makuladegeneration

Die Identifizierung von Komplement Faktor H hat zu einer Flut von Studien zu immunologischen Mechanismen bei der Krankheit geführt.

PUBMED Suche findet unter den Stichwörtern „Immunology“ und „Macular Degeneration“ > 350 publications (<40 vor 2005).

Vom Gen zur Therapie: Altersabhängige Makuladegeneration



Gehrs et al. (2010) Arch Ophthalmol

Testung häufiger genetischer Varianten: Medizinisch sinnvoll oder überflüssig?



How deCODEme Works Health Ancestry Genetics Explained Try Demo Store Login



deCODE your health

Calculate genetic risk – Empower prevention
your genes are a road-map to better health

Price from
\$500 USD
[Go To Store](#)

Discover your ancestral roots
your genetic relationship to world populations

[News >](#) Pancreatic Cancer added to deCODEme Complete Scan



deCODEme Complete Scan

Discover your Genetic risk for 50 diseases and traits ranging from Heart Attack and Diabetes to Alcohol Flush Reaction and Testicular Cancer.

[▶ our Complete Scan](#)



deCODEme Cardio Scan

NEW

Discover your genetic risk for the most common types of cardiovascular diseases, including Heart Attack and Atrial Fibrillation.

[▶ our Cardio Scan](#)



deCODEme Cancer Scan

NEW

Calculate your genetic risk for seven common cancers including Lung Cancer, Skin Cancer, Breast Cancer and Prostate Cancer.

[▶ our Cancer Scan](#)

Scientific leadership

deCODE leads the field in the discovery of genetic variants for common diseases

[▶ deCODE's scientific discoveries](#)

Compare with competitors

We capture more medically relevant genetic variants than our competitors

[▶ compare our genetic tests](#)



[News from our blog >](#)

Smoking: New Genetic Factors Behind Nicotine Dependence and Lung Cancer

[deCODEme Home](#) [News Blog](#) [FAQ](#) [Glossary](#) [Privacy Policy](#) [Terms of Use](#) [Service Agreement](#) [Code of Conduct](#) [Sitemap](#) [Login](#) [Contact Us](#)

© 2001-2010 deCODE genetics, all rights reserved, deCODE and deCODEme are trademarks of deCODE genetics. (2010-06-08). The deCODEme.com website is for informational purposes only and should NOT be used for medical decision making without consulting your physician. Some services are not available to residents of certain U.S. states.

This site complies with the HONcode standard for trustworthy health information: verify here.



“missing heritability”

- Ungenügende Abdeckung durch verwendete Arrays?
 - Polygener Hintergrund?
 - Seltene Varianten?
 - Epistase?



The case of the missing heritability

When scientists opened up the human genome, they expected to find the genetic components of common traits and diseases. But they were nowhere to be seen. **Brendan Maher** shines a light on six places where the missing loot could be stashed away.

If you want to predict

LISTING YOUR

Even though these genome-wide association

contribute to a variety of traits and common

Bedeutung seltener genetischer Varianten?

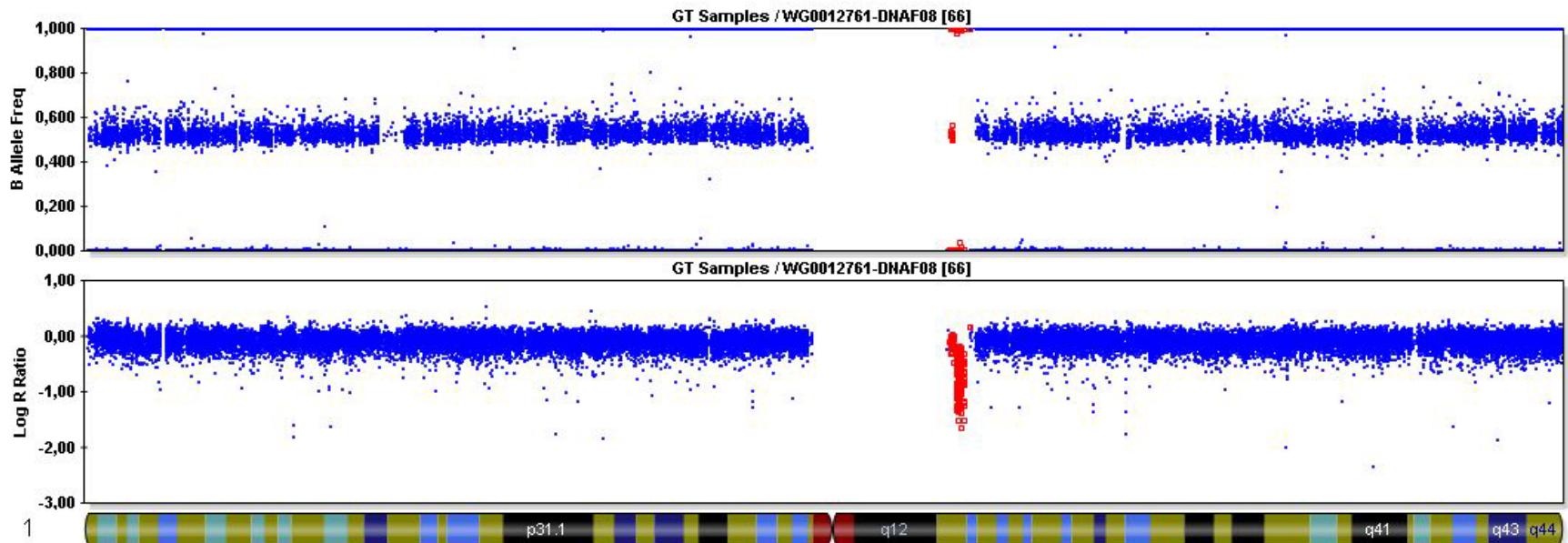
Seltene Varianten können einen signifikanten Beitrag zur Entstehung von Krankheiten leisten (\uparrow ORs, kumulativer Effekt)

Es gibt Gene, die nur seltene Varianten aufweisen und damit der Entdeckung durch genomweite Assoziationsuntersuchungen entgehen.

Eine erste genomweite Sicht auf die Beteiligung von seltenen Varianten (CNVs) an der Entstehung von Volkskrankheiten durch die Array-basierten Daten (z.B. SNP-Arrays) möglich.

Bedeutung seltener genetischer Varianten?

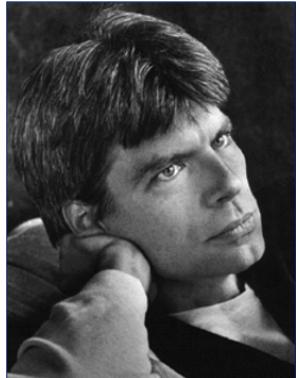
Seltene Mikrodeletionen auf Chromosom 1 (1q21) sind stark mit dem Risiko einer Schizophrenie zu entwickeln assoziiert
(4200 Patienten, 39800 Kontrollpersonen: OR=14,83)



Stefansson*, Rujescu*, Cichon* et al., Nature (2008)

GGACGATTAGTCATCATGAGGGACTGGTTAGGTTCCACATGACGTATGCATTAAACCCCTT
TTACGTATGACTAAGGCCAACCATGGGACTGGTCAGTCATGCATGACATAGACTGGTACCAT
GATCATGTCATTAGGGATTTATTTTAAAACGTATTATGGACCACAGGATCATGATCATGA

Sequenzierung individueller menschlicher Genome



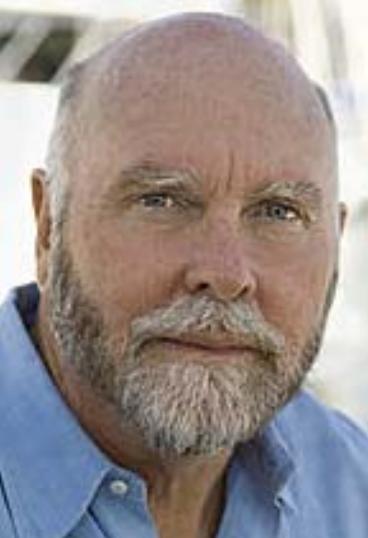
Richard Powers



George Church



James Watson

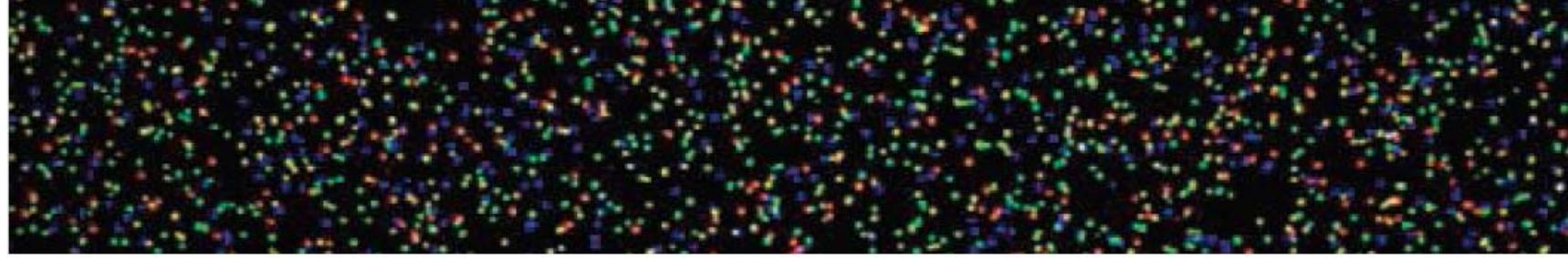


Craig Venter



...

Identifizierung von Krankheitsgenen Sequenzierung von Patientengenomen



GENE SEQUENCING

The Race for the \$1000 Genome

Fast, cheap genetic analyses will soon become a reality, and the consequences—good and bad—will affect everybody

Ausblick

- Die Mehrzahl der Gene, die einen wesentlichen Beitrag zu einem Phänotyp beim Menschen (Krankheit oder Variabilität im Normalen) leistet, werden identifiziert werden.
- Die Identifizierung der Krankheitsgene wird zu einem tiefgreifenden Verständnis der Krankheitsursachen und der beteiligten Stoffwechselwege führen.
- Epidemiologische Ansätze werden es erlauben Risiken auf individueller und Populationsebene abzuschätzen → Bestandteil prädiktiver Modelle
- Das Verständnis der genetischen Grundlagen wird zunehmend auch komplexe Gen-Gen und Gen-Umwelt Interaktionen erschließen.
- Die Kenntnis der Krankheitsursachen wird rational begründete Krankheitsklassifikationen, Präventiv- und Therapiemaßnahmen ermöglichen.