



Pressemitteilung

Parkinson: Weltweit größte Meta-Analyse identifiziert sechs neue Risikofaktoren

Tübingen, den 25. September 2014

Tübinger Neurowissenschaftler haben gemeinsam mit internationalen Kollegen sechs bisher unbekannte genetische Risikofaktoren für die Parkinson-Erkrankung identifiziert. Die Basis der in „Nature Genetics“ veröffentlichten weltweit größten Meta-Analyse bildeten sieben Millionen genetische Variationen auf dem gesamten menschlichen Chromosomensatz. Dafür untersuchten die Forscher DNA-Proben von 19.061 Parkinson-Patienten und 100.833 gesunden Personen europäischer Abstammung. Ziel war es herauszufinden, ob einige der natürlich vorkommenden Varianten bei Parkinson-Patienten häufiger vorkommen als bei gesunden Personen. Die Ergebnisse zeigen, dass sich das Risiko, an Parkinson zu erkranken, bei Vorhandensein mehrerer ungünstiger Genvarianten bis auf ein Dreifaches erhöhen kann. Die Identifizierung dieser Genvarianten gewährt einen besseren Einblick in die molekulare Entstehung der Krankheit und könnte zur Entwicklung neuer Therapiestrategien führen.

Insgesamt konnten die Tübinger Forscher um Professor Thomas Gasser vom Hertie-Institut für klinische Hirnforschung (HIH) der Universität Tübingen und dem Tübinger Standort des Deutschen Zentrums für Neurodegenerative Erkrankungen (DZNE) 28 Risikofaktoren in 24 verschiedenen Genen identifizieren. Darunter waren auch die sechs neuen Risikogene. Eine der neu entdeckten Varianten hat, so die Annahme, Einfluss auf die Produktion wichtiger Botenstoffe im Gehirn, wie beispielsweise Dopamin. Bei Parkinson führt das Absterben der Dopamin produzierenden Nervenzellen in der Substantia nigra im Mittelhirn zu den charakteristischen Bewegungsstörungen. Von den neuen Erkenntnissen profitieren nicht nur die Autoren der Studie. Die gewonnenen Daten sind auch für alle anderen Forscher in einer Datenbank (dbGAP) zugänglich.

In einer weiteren Analyse haben die Neurowissenschaftler ein individuelles Risikoprofil für jeden Probanden erstellt. „Obwohl die Wirkung jedes einzelnen Gens gering war, zeigte unsere Risikoprofil-Analyse, dass ein wesentliches kumulatives Risiko besteht“, berichtet Claudia Schulte vom Hertie-Institut für klinische Hirnforschung (HIH) der Universität Tübingen und dem Tübinger Standort des Deutschen Zentrums für Neurodegenerative Erkrankungen (DZNE). Das heißt, dass für Personen, die die höchste Anzahl an Risikofaktoren haben, ein bis zu dreifach höheres Erkrankungsrisiko bestehen kann. Ein einzelnes Risikogen reicht jedoch nicht aus, um die Erkrankung definitiv vorherzusagen, so Schulte. Weitere Faktoren wie Umwelteinflüsse (Pestizide oder Schwermetalle) sowie familiär vererbte Mutationen müssen hierfür berücksichtigt und noch weiter erforscht werden.

**Hertie-Institut für klinische
Hirnforschung**

Silke Jakobi

Leiterin Kommunikation

Telefon +49 7071 29-88800

Telefax +49 7071 29-4796

silke.jakobi@medizin.uni-tuebingen.de

www.hih-tuebingen.de

**Universität Tübingen
Hochschulkommunikation**

Dr. Karl Guido Rijkhoek

Leiter

Antje Karbe

Pressereferentin

Telefon +49 7071 29-76789

Telefax +49 7071 29-5566

antje.karbe@uni-tuebingen.de

www.uni-tuebingen.de/aktuell

Darüber hinaus untersuchen die Tübinger derzeit, ob die spezifische Zusammensetzung der entdeckten genetischen Risikofaktoren bei Parkinson-Patienten auch Auswirkungen auf den spezifischen Krankheitsverlauf hat. „Gelingt es uns, diese Zusammenhänge zu klären, kommen wir damit einer individuellen personalisierten Parkinson-Therapie ein Stück näher“, hofft Schulte.

Im Internet:

Faktenblatt Parkinson: www.hih-tuebingen.de/parkinson-dossier/faktenblatt-parkinson/

dbGaP: <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/gap>

The database of Genotypes and Phenotypes (dbGaP) was developed to archive and distribute the results of studies that have investigated the interaction of genotype and phenotype.

Originaltitel der Publikation

Large-scale meta-analysis of genome-wide association data identifies six new risk loci for Parkinson's disease; *Nature Genetics* (2014) doi:10.1038/ng.3043;
<http://www.nature.com/ng/journal/vaop/ncurrent/full/ng.3043.html>