

Sieben auf einen Streich: Wissenschaftler entdecken Erbgutregionen, die das Prostatakrebsrisiko beeinflussen

Wissenschaftler aus dem Deutschen Krebsforschungszentrum sind an einem internationalen Forschungskonsortium beteiligt, das die genetischen Risiken für Prostatakrebs untersucht. Der Verbund, an dem weltweit 48 Institutionen zusammenarbeiteten, veröffentlichte nun seine jüngsten Ergebnisse: Die Forscher entdeckten sieben Genbereiche, die erstmals mit einem erhöhten Prostatakrebsrisiko in Zusammenhang gebracht werden konnten.

Ärzte wissen schon seit langem: Prostatakrebs „liegt in der Familie“. Männer, in deren Verwandtschaft die Krankheit bereits diagnostiziert wurde, haben ein erhöhtes Risiko, ebenfalls am Krebs der Vorsteherdrüse zu erkranken. Erst im vergangenen Jahr hatten Wissenschaftler aus dem DKFZ errechnet, dass dieses Risiko mit der Zahl betroffener direkter Verwandter steigt und auch abhängig vom Erkrankungsalter der Verwandten ist (DKFZ PM 18/2010).

Welche Erbgutvarianten konkret zum Prostatakrebsrisiko beitragen, veröffentlichte nun ein internationales Forschungskonsortium, dem auch Wissenschaftler aus dem Deutschen Krebsforschungszentrum angehören. In einer mehrstufigen Untersuchung durchkämmten die Wissenschaftler das gesamte Genom von Krebspatienten und gesunden Kontrollpersonen auf bestimmte Genvarianten. Anschließend errechneten sie, ob bestimmte Varianten bei Patienten häufig auftreten als bei den Gesunden.

Professor Dr. Hermann Brenner, einer der am Konsortium beteiligten Wissenschaftler im Deutschen Krebsforschungszentrum, erklärt: „Jede einzelne dieser Genvarianten geht nur mit einer geringfügigen Erhöhung des Prostatakrebsrisikos von wenigen Prozent einher. Die gleichzeitige Berücksichtigung der verschiedenen Varianten ermöglicht jedoch, Personengruppen mit deutlich erhöhtem Risiko zu erkennen. Eine Untersuchung des Erbguts auf solche Risikovarianten könnte daher in Zukunft die ärztliche Beratung zur Prävention und Früherkennung von Prostatakrebs verbessern.“

Solche Erbgutvarianten werden in der Fachsprache als SNPs (single nucleotide polymorphisms) bezeichnet. Sie sind definiert als einzelner abweichender Erbgutbaustein, der in der Gesamtbevölkerung unterschiedlich häufig vertreten ist. Findet sich ein zahlenmäßiger Zusammenhang zwischen einem bestimmten SNP und der Krebshäufigkeit, schließen die Forscher daraus, dass ein Gen innerhalb der betroffenen Erbgutregion eine Rolle im Krebsgeschehen spielt.

Die ersten beiden Untersuchungsdurchgänge des Konsortiums hatten bereits 16 SNPs in 16 verschiedenen Erbgutregionen mit einem erhöhten Prostatakrebsrisiko in Zusammenhang gebracht. Zählt man die Ergebnisse früherer Assoziationsstudien hinzu, so waren um die 30 Risikogene für Prostatakrebs bekannt. In der dritten und letzten Runde fahndete das Forscherkonsortium bei 4574 Krebspatienten sowie 4164 gesunden Kontrollpersonen nach weiteren 1536 SNPs. Die dabei zu Tage tretenden Zusammenhänge mit dem Krebsrisiko wurden nochmals an 51.311 Erbgutproben von Krebspatienten und gesunden Männern verifiziert.

Neben einigen bereits identifizierten Varianten gingen den Wissenschaftlern bei diesem Suchdurchgang sieben SNPs ins Netz, die erstmalig in einem Zusammenhang mit erhöhtem Prostatakrebsrisiko auftauchen. Die Varianten liegen alle in Erbgutbereichen, die auch Gene

enthalten, für die die Wissenschaftler eine Rolle bei der Krebsentstehung als plausibel erachten. Für keine dieser Varianten konnte jedoch ein Zusammenhang mit der Bösartigkeit der Krebserkrankung festgestellt werden. Mit den neu entdeckten sieben Erbgutregionen können Wissenschaftler insgesamt nun rund 25 Prozent des familiären Krebsrisikos erklären.

Weltweit waren insgesamt 48 wissenschaftliche Institutionen an der Studie beteiligt. In Deutschland nahmen neben dem Deutschen Krebsforschungszentrum auch Wissenschaftler des Universitätsklinikums Ulm und der Medizinischen Hochschule Hannover teil.

Zsafia Kote-Jarai et al.: Seven prostate cancer Susceptibility loci identified by a multi-stage genome-wide association study. Nature Genetics 2011, DOI: 10.1038/ng.882

Das Deutsche Krebsforschungszentrum (DKFZ) ist mit mehr als 2.500 Mitarbeiterinnen und Mitarbeitern die größte biomedizinische Forschungseinrichtung in Deutschland. Über 1000 Wissenschaftlerinnen und Wissenschaftler erforschen im DKFZ, wie Krebs entsteht, erfassen Krebsrisikofaktoren und suchen nach neuen Strategien, die verhindern, dass Menschen an Krebs erkranken. Sie entwickeln neue Ansätze, mit denen Tumoren präziser diagnostiziert und Krebspatienten erfolgreicher behandelt werden können. Daneben klären die Mitarbeiterinnen und Mitarbeiter des Krebsinformationsdienstes (KID) Betroffene, Angehörige und interessierte Bürger über die Volkskrankheit Krebs auf. Das Zentrum wird zu 90 Prozent vom Bundesministerium für Bildung und Forschung und zu 10 Prozent vom Land Baden-Württemberg finanziert und ist Mitglied in der Helmholtz-Gemeinschaft deutscher Forschungszentren.

Diese Pressemitteilung ist abrufbar unter www.dkfz.de/pressemitteilungen

Kontakt:

Dr. Stefanie Seltmann
Leiterin Presse- und Öffentlichkeitsarbeit
Deutsches Krebsforschungszentrum
Im Neuenheimer Feld 280
D-69120 Heidelberg
T: +49 6221 42 2854
F: +49 6221 42 2968
presse@dkfz.de