Nationales Genomforschungsnetz

20. Dezember 2006

Pressemitteilung

27 Gene ermöglichen molekulare Diagnose von Herzversagen

Wissenschaftler des Nationalen Genomforschungsnetzes (NGFN) konnten erstmals zeigen, welche Gene speziell im späten Stadium einer bestimmten Herzmuskelschwäche, der dilatativen Kardiomyopathie, aktiv sind. Solche genetischen Muster eröffnen große Chancen, diese komplexe Krankheit genauer diagnostizieren und behandeln zu können.

Obwohl die dilatative Kardiomyopathie (DCM) in der westlichen Welt die Hauptursache für Herzversagen und Herztransplantationen ist, sind die zugrunde liegenden molekularen Prozesse erst ansatzweise verstanden. Im klinischen Alltag steht mit BNP (brain natriuretic peptide) bislang nur ein molekularer Marker für die Diagnose zur Verfügung. Dessen Aussagekraft ist allerdings eingeschränkt, wenn Begleiterkrankungen auftreten. Dr. Andreas Barth vom Universitätsklinikum Großhadern in München untersuchte deshalb zusammen mit einem Team um Dr. Ruprecht Kuner vom Deutschen Krebsforschungszentrum (DKFZ) in Heidelberg, welche Gene in kranken und gesunden Herzen unterschiedlich aktiv sind. Mithilfe sogenannter Genchips können sie die Aktivität von ca. 25.000 Genen gleichzeitig messen. Für Kardiomyopathien ist es den NGFN-Wissenschaftlern mit dieser Methode erstmals gelungen, ein aussagekräftiges molekulares Profil zu erstellen. „Wir haben eine sehr große Anzahl von Proben untersucht und zwei Datensätze erstellt, bei denen die Proben entweder aus der Scheidewand des Herzmuskels oder aus der linken Herzkammer von gesunden beziehungsweise insuffizienten Herzen stammten. Damit können wir sicher gehen, dass die Unterschiede in der Aktivität der Gene tatsächlich aus der Krankheit resultieren und nicht aus der biologischen Vielfalt dieses Gewebes“, so Barth. Bei beiden Ansätzen beobachteten die Wissenschaftler, dass in den Geweben von erkrankten Personen vier- bis fünfmal mehr Gene aktiv waren als in

GEFÖRDERT VOM
Bundesministerium für Bildung und Forschung

Projektmanagement NGFN | Projektträger im DLR | Heinrich-Konen-Straße 1 | 53227 Bonn
Tel.: 02 28/38 21-3 31 | Fax: 02 28/38 21-3 32 | E-Mail: pm-ngfn@dlr.de | Internet: www.ngfn.de

denen von Gesunden. „Herzversagen scheint also mit einer starken Genaktivierung einherzugehen“, folgert Barth. Einige Gene waren im kranken Gewebe allerdings auch weniger aktiv als im intakten Herzmuskel.

Barth und Kuner identifizierten schließlich ein Set von 27 Genen, mit dem sich kranke von gesunden Herzen mit einer Sensitivität von über 90 Prozent unterscheiden ließen. Dafür überprüften sie insgesamt 108 Herzmuskel-Proben. In dem Gen-Set finden sich auch bereits bekannte Marker wie das BNP. „Damit kann die DCM im späten Stadium erstmals auf molekularer Ebene zuverlässig identifiziert werden“, freut sich Barth. Er hofft, mit diesen Ergebnissen die Behandlung von Patienten mit Herzversagen vorantreiben zu können.

Ansprechpartner

Dr. Andreas Barth
Universitätsklinikum München-Großhadern
Medizinische Klinik und Poliklinik I
Marchioninistraße 15
81377 München
Tel.: 089 7095-2360
Fax: 089 7095-8870
E-Mail: andreas.barth@med.uni-muenchen.de

oder im Internet:
www.ngfn.de