



Vom angeborenen Schutz vieler Menschen lernen

Erster Erfolg der Genomforschung bei Tuberkulose

Hamburg, 15. August 2010 – Wissenschaftler des Bernhard-Nocht-Instituts für Tropenmedizin (BNI) haben zusammen mit afrikanischen und britischen Kollegen erstmals durch systematische Suche einen kleinen Bereich im menschlichen Genom entdeckt, in dem sich Menschen mit Tuberkulose eindeutig von nicht Erkrankten unterscheiden. „Es ist zwar noch ein weiter Weg bis zur praktischen Anwendung dieser Ergebnisse, aber wir haben gezeigt, dass es prinzipiell möglich ist, durch Untersuchung des gesamten menschlichen Genoms aufzuklären, warum etwa 90 Prozent der Menschen natürlicherweise vor Tuberkulose geschützt sind“, sagt Prof. Rolf Horstmann, Leiter des Projekts am BNI. „Die Schwierigkeiten bei der Entwicklung eines wirksamen Impfstoffs und die zunehmende Bedrohung durch medikamentenresistente Tuberkulosebakterien erfordern neue wissenschaftliche Ansätze.“ Die Studie wurde in der jüngsten Ausgabe der Zeitschrift „Nature Genetics“ veröffentlicht.¹

Bedrohung durch therapieresistente Tuberkulose

Jedes Jahr sterben mehr als zwei Millionen Menschen an Tuberkulose. Die Erkrankung hat sich im Zuge der AIDS-Epidemie vor allem in Afrika weiter ausgebreitet. Auch für uns in Deutschland sind Tuberkulosebakterien, die kaum noch auf Medikamente ansprechen und aus dem Ausland eingeschleppt werden, besonders bedrohlich.

Genomweite Suche bei Infektionskrankheiten besonders aufwändig

Seitdem das menschliche Genom vor fast zehn Jahren sequenziert wurde, konzentrieren sich Wissenschaftler darauf, die Funktion von Millionen von Mutationen bei Empfänglichkeit und Resistenz gegenüber Erkrankungen zu studieren. So wurden bei Europäern bereits über 150 Mutationen der Veranlagung für bestimmte Erkrankungen wie Diabetes oder Herzinfarkt zugeordnet. Obwohl die Empfänglichkeit für Infektionskrankheiten in besonders hohem Maße von der genetischen Ausstattung des Menschen beeinflusst wird, stellte sich die Suche nach entscheidenden Mutationen als schwierig heraus. „Mutationen, die das Risiko von lebensbedrohlichen Infektionen wie Tuberkulose deutlich erhöhen, verschwinden offenbar schnell aus dem Gen-Pool der Menschheit, weil die Sterblichkeit an diesen Infektionen im Kindesalter eine Vererbung auf die nächsten Generationen verhindert“, erklärt Dr. Thorsten Thye aus der Forschergruppe am BNI. Das machte die Suche bei Tuberkulose außergewöhnlich aufwändig.

Pressekontakt BNI:

Prof. Rolf Horstmann
Bernhard-Nocht-Str. 74
20359 Hamburg
Tel.: +49 40 42818-260
E-Mail: horstmann@bnitm.de

Dr. Eleonora Setiadi
Wissenschaftsreferentin / PR
Bernhard-Nocht-Str. 74
20359 Hamburg
Tel.: +49 40 42818-264
E-Mail: setiadi@bnitm.de

Pressekontakt UK:

Media Office
The Wellcome Trust
Tel.: +44 20 7611 8866
E-Mail:
media.office@wellcome.ac.uk

Erste erfolgreiche genomweite Suche bei Afrikanern

Dazu kam, dass die Untersuchungen an Patienten in Ghana und Gambia durchgeführt wurde. „Die genetische Vielfalt der afrikanischen Bevölkerung ist besonders groß“, ergänzt Dr. Ellis Owusu-Dabo, Leiter der Studie in Ghana, „daher mussten wir besonders viele Patienten einbeziehen. Wir freuen uns, mit diesem Ergebnis erstmals zu zeigen, dass genomweite Assoziationsstudien auch bei Afrikanern mit Erfolg durchgeführt werden können.“

Internationale Kooperation gefragt

„Ebenso wie die Hamburger Gruppe mit ihren ghanaischen Kollegen konnten auch wir mit unseren Kollegen in Gambia keine eindeutigen Unterschiede zwischen Tuberkulosepatienten und Gesunden finden“, erläutert Prof. Adrian Hill, Leiter der Forschergruppe im Wellcome Trust Centre for Human Genetics an der Universität Oxford. „Erst als wir unsere Daten zusammengelegt haben, hat es geklappt.“ Insgesamt wurden bei nahezu 6000 Personen jeweils Hunderttausende von Mutationen im Genom untersucht, und interessante Bereiche im Genom wurden bei weiteren 5000 Personen überprüft. Jetzt gilt es herauszufinden, welche Gene von dem Unterschied betroffen sind und welche Funktionen sie im menschlichen Körper haben, um die neuen Befunde für die Entwicklung von Impfstoffen oder neuartigen Medikamenten nutzen zu können.

3.771 Zeichen (mit Leerzeichen)

1 Thyne T., et al.: Genome-wide association analyses identifies a susceptibility locus for tuberculosis on chromosome 18q11.2. Nat Genet. 2010 Aug 8. [Epub ahead of print]

Über das Bernhard-Nocht-Institut für Tropenmedizin

Das Bernhard-Nocht-Institut für Tropenmedizin ist Deutschlands größte Einrichtung für Forschung, Versorgung und Lehre auf dem Gebiet tropentypischer Erkrankungen und neu auftretender Infektionskrankheiten.

Gegenstand der Forschung sind Klinik, Epidemiologie und Krankheitsbekämpfung sowie die Biologie der Krankheitserreger, ihrer Reservoirtiere und Überträger. Den aktuellen Schwerpunkt bilden Malaria, hämorrhagische Fiebertypen, Tuberkulose und Gewebewürmer. Für den Umgang mit hochpathogenen Erregern wie Lassa- und Ebola-Viren verfügt das Institut über Laboratorien der höchsten biologischen Sicherheitsstufe (BSL4). Als herausragende wissenschaftliche Leistungen des Instituts in jüngster Vergangenheit gelten die Identifizierung des SARS-Coronavirus und die Entdeckung eines bisher unbekanntes Entwicklungsstadiums der Malaria-Erreger im Menschen.

Versorgungsleistungen des Instituts umfassen die spezielle Labordiagnostik tropentypischer und anderer seltener Erkrankungen, eine enge Zusammenarbeit mit der Bundeswehr sowie Beratung für Wissenschaft, Wirtschaft, Politik und Öffentlichkeit, die wesentlich zur gesamtstaatlichen Bedeutung des Instituts beitragen. Das Institut dient als nationales Referenzzentrum für den Nachweis aller tropischen Infektionserreger, Referenzlabor für SARS und Kooperationszentrum der Weltgesundheitsorganisation für hämorrhagische Fiebertypen.

Die Lehrtätigkeit umfasst einen dreimonatigen, ganztägigen Kursus über alle Aspekte der Tropenmedizin für Ärzte sowie ein Fortbildungsprogramm für

Doktoranden des Instituts und eine Reihe von Weiterbildungsangeboten zu Themen der Reisemedizin und der internationalen Gesundheit.

In Zusammenarbeit mit dem ghanaischen Gesundheitsministerium und der Universität von Kumasi betreibt das Institut seit über zehn Jahren ein modernes Forschungs- und Ausbildungszentrum in Ghana, das auch externen Arbeitsgruppen zur Verfügung steht.

Als Mitglied der Wissenschaftsgemeinschaft Gottfried Wilhelm Leibniz (WGL) wird das Institut als Forschungsinstitut mit überregionaler Bedeutung gemeinsam durch den Bund, die Freie und Hansestadt Hamburg und die übrigen Bundesländer finanziert.

The Wellcome Trust is a global charity dedicated to achieving extraordinary improvements in human and animal health. It supports the brightest minds in biomedical research and the medical humanities. The Trust's breadth of support includes public engagement, education and the application of research to improve health. It is independent of both political and commercial interests.

www.wellcome.ac.uk

About Oxford University's Medical Sciences Division

Oxford University's Medical Sciences Division is one of the largest biomedical research centres in Europe. It represents almost one-third of Oxford University's income and expenditure, and two-thirds of its external research income. Oxford's world-renowned global health programme is a leader in the fight against infectious diseases (such as malaria, HIV/AIDS, tuberculosis and avian flu) and other prevalent diseases (such as cancer, stroke, heart disease and diabetes). Long-term studies of patients around the world are supported by basic science at Oxford and have led to many exciting developments, including potential vaccines for tuberculosis, malaria and HIV, which are in clinical trials. www.medsci.ox.ac.uk

About the Wellcome Trust Centre for Human Genetics

The Wellcome Trust Centre for Human Genetics was established to undertake research into the genetic basis of common diseases. The scientific objective of the Centre is to explore all aspects of the genetic susceptibility of disease. The Centre houses multi-disciplinary research teams in human genetics, functional genomics, bioinformatics, statistical genetics and structural biology. www.well.ox.ac.uk