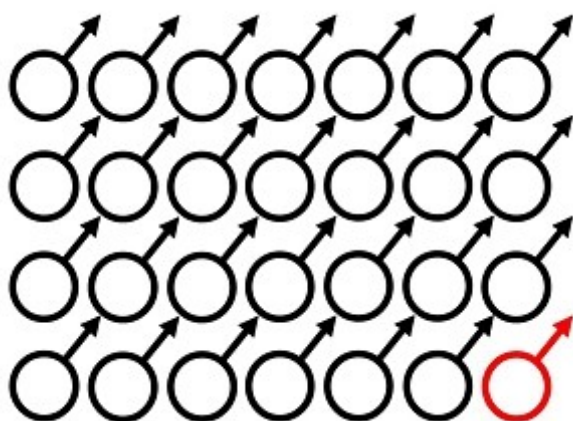


## Erbgutregionen entdeckt, die Prostatakrebsrisiko beeinflussen

**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.**



Familiäres Risiko bei Prostatakrebs  
© DKFZ

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 (Pressemitteilung des DKFZ Nr. 18 vom 23.04.2010) hatten Wissenschaftler aus der Abteilung von Kari Hemminki des Deutschen Krebsforschungszentrums (DKFZ) anhand der größten jemals veröffentlichten Studie zu familiärem Prostatakrebs errechnet, dass das persönliche Risiko, an Prostatakrebs zu erkranken, umso höher ist, je mehr direkte Verwandte - also Brüder und Väter eines Mannes - betroffen sind. Als generelle Tendenz erkannten die DKFZ-Forscher, dass das persönliche Risiko umso höher ausfällt, je jünger die Angehörigen bei der Diagnose Prostatakrebs waren.

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 häufiger auftreten als bei den Gesunden.

## Personengruppen mit deutlich erhöhtem Risiko erkennen

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. Ein SNP (meist als „snip“ ausgesprochen) ist als ein einzelnes verändertes Basenpaar in der DNA-Doppelhelix definiert, als so genannte Punktmutation. Solche Abweichungen sind in der Gesamtbevölkerung unterschiedlich häufig vertreten. 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 nun insgesamt 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.

### **Originalpublikation:**

Zsofia 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

---

### **Pressemitteilung**

12.07.2011

Quelle: DKFZ (11.07.2011)

**dkfz.**