

Große Studie zeigt neue Blutmarker für Alkoholabhängigkeit

Eine internationale Forschungsgruppe unter Leitung des Universitätsklinikums Freiburg hat neue biologische Marker für Alkoholabhängigkeit identifiziert. Die Forschenden untersuchten Veränderungen der DNA-Methylierung bei 3.775 Personen aus sieben Studiengruppen in Europa und den USA. DNA-Methylierung beschreibt chemische Veränderungen an der Erbsubstanz, die Gene beeinflussen können, ohne die DNA-Sequenz selbst zu verändern. Die Ergebnisse zeigen epigenetische Veränderungen an 118 Stellen im Erbgut, die mit Alkoholabhängigkeit zusammenhängen. Besonders überzeugend sind die große Stichprobe, die hohe Übereinstimmung der epigenetischen Signaturen über verschiedene Studiengruppen hinweg sowie deren Übereinstimmung mit biologischen Spuren von Alkoholkonsum. Die Studie erschien am 29. Juni 2026 in der Fachzeitschrift Nature Mental Health.

„Unsere Ergebnisse zeigen, dass mit der Alkoholabhängigkeit auch Veränderungen an der Erbsubstanz einhergehen, deren mögliche Auswirkungen es weiter zu untersuchen gilt“, sagt Dr. Lea Zillich von der Klinik für Psychiatrie und Psychotherapie des Universitätsklinikums Freiburg und Erstautorin der Studie. „Entscheidend ist, dass wir diese Veränderungen über mehrere Studien hinweg beobachten konnten. Laut unseren Ergebnissen liegen ähnliche epigenetische Signaturen bei Alkoholkonsum und beim klinischen Krankheitsbild der Alkoholabhängigkeit vor und gleichzeitig konnten wir Veränderungen in der DNA-Methylierung beobachten, die nur bei der Alkoholabhängigkeit vorliegen.“

Alkoholabhängigkeit gehört weltweit zu den häufigsten psychischen Erkrankungen. Sie geht mit Kontrollverlust über den Alkoholkonsum, körperlichen Entzugssymptomen und schweren gesundheitlichen Folgen einher. Nach aktuellen Schätzungen sind etwa zehn Prozent der Bevölkerung innerhalb eines Jahres betroffen. Bisher fehlen jedoch verlässliche biologische Marker, die das Risiko oder den Verlauf der Erkrankung abbilden.

Veränderungen an der DNA als Spiegel von Alkoholbelastung

Die Forschungsgruppe analysierte sogenannte CpG-Stellen. Dabei handelt es sich um Abschnitte der DNA, an denen Methylierung besonders häufig auftritt und die Genfunktion beeinträchtigen kann. Die Forschenden kombinierten Daten aus sieben unabhängigen Studien, die alle standardisiert ausgewertet wurden, und führten damit die bislang größte Meta-Analyse zur DNA-Methylierung bei einer Alkoholkonsumstörung durch.

Von den 118 identifizierten Markern überschritten sich 65 mit bereits bekannten biologischen Veränderungen bei Alkoholkonsum. Das entspricht 55,1 Prozent. Diese hohe Übereinstimmung liefert einen deutlichen Hinweis auf die Zuverlässigkeit der Ergebnisse, da für Alkoholkonsum bereits große Stichproben zur Verfügung stehen. Zwei zentrale Marker waren dagegen ausschließlich mit Alkoholabhängigkeit verbunden.

Zusätzlich entwickelte das Forschungsteam einen sogenannten Methylierungs-Risikoscore. Dieser Score bündelt viele einzelne DNA-Marker zu einem Gesamtwert. In einer unabhängigen Gruppe von 2.534 Personen sagte der Score starken Alkoholkonsum mit einer Vorhersagegenauigkeit von 65,7 Prozent voraus. Obwohl dieser Wert nicht für einen klinischen Einsatz ausreicht, ist die Vorhersageleistung besser als für ähnliche Methylierungs-Risikoscores auf dem Gebiet.

„Die Ergebnisse liefern eine wichtige Grundlage für die Identifikation biologischer Marker und Mechanismen von Alkoholabhängigkeit“, sagt Prof. Dr. Dr. Katharina Domschke, Ärztliche Direktorin der Klinik für Psychiatrie und Psychotherapie des Universitätsklinikums Freiburg. „Gleichzeitig zeigt die Studie, wie wichtig große internationale Kooperationen für die psychiatrische Forschung sind.“

Zillich baut diese Forschung am Universitätsklinikum Freiburg weiter aus. Sie erhält dafür eine Förderung von mehr als zwei Millionen Euro vom Bundesministerium für Forschung, Technologie und Raumfahrt (BMFTR). Mit der Förderung richtet sie ab Oktober 2026 eine eigene Forschungsgruppe ein, die biologische Marker für psychische Erkrankungen wie Suchterkrankungen und insbesondere affektive Störungen, und deren Nutzen für bessere Behandlungsoptionen von Patient*innen weiter untersuchen wird.

Die Forschenden weisen darauf hin, dass die Ergebnisse noch keine Aussage darüber erlauben, ob die Veränderungen Ursache

oder Folge des starken Alkoholkonsums sind. Künftige Studien sollen nun untersuchen, wie die identifizierten Marker mit der Genfunktion und auch mit Veränderungen im Gehirn zusammenhängen und ob sich daraus neue Therapieansätze ableiten lassen.

Publikation:

Original-Titel der Studie: A large-scale Meta-Analysis of DNA Methylation Signatures of Alcohol Use Disorder in the Psychiatric Genomics Consortium

DOI: 10.1038/s44220-026-00666-w

Link zur Studie: <https://www.nature.com/articles/s44220-026-00666-w>

Pressemitteilung

07.07.2026

Quelle: Universitätsklinikum Freiburg

Weitere Informationen

- [Universitätsklinikum Freiburg](#)