

Genetischer Hintergrund von Schilddrüsenhormonspiegeln weiter erforscht

Gesundheitsdaten aus Vorpommern liefern erneut wertvolle Informationen für den medizinischen Fortschritt

Wissenschaftler haben zahlreiche Gene entdeckt, die den Spiegel von Schilddrüsenhormonen beeinflussen und zu einem erhöhten Risiko für Schilddrüsenüber- und -unterfunktionen führen. Rund zehn Prozent der Bevölkerung leidet unter derartigen Störungen.

Fehlfunktionen der Schilddrüse erhöhen unter anderem das Risiko von Herz-Kreislauf-Erkrankungen und deren Todesfolge. Bei zwei dieser Gene konnten die Funktion als Transport von Schilddrüsenhormonen in die Zelle bzw. eine direkte Beeinflussung des Hormonstoffwechsels aufgezeigt werden. Dadurch stellen sie potenzielle Zielgene für die zukünftige Medikamentenentwicklung dar. Die Studienergebnisse wurden Ende Oktober in der renommierten Fachzeitschrift „Nature Communications“* veröffentlicht.

Bei dieser internationalen Studie im Rahmen des ThyroidOmics Consortium^{1**}, an der mehr als 130 Wissenschaftler beteiligt waren, wurden Daten von mehr als 72.000 Personen untersucht. Dabei wurden mehr als 100 Genorte entdeckt, die die genannten Schilddrüsenparameter beeinflussen, wobei etwa die Hälfte der gefundenen Verknüpfungen bisher unbekannt war. In der Summe beeinflussen die schilddrüsenspezifischen genetischen Variationen das Risiko zur Bildung einer Struma, also einer Schwellung von Schilddrüsen Gewebe, aber auch andere Parameter wie Blutfettwerte, Körpergröße oder Nierenfunktion.

Auch von den beiden Greifswalder Bevölkerungsstudien SHIP (Study of Health in Pomerania) und SHIP-Trend flossen Daten von mehr als 4.500 Teilnehmern in das aktuelle Projekt mit ein. Dr. Alexander Teumer, wissenschaftlicher Mitarbeiter an der Universitätsmedizin Greifswald und dem Deutschen Zentrum für Herz-Kreislauf-Forschung e.V. (DZHK) sowie einer der führenden Autoren der aktuellen Studie, hebt die sehr gute Zusammenarbeit in dem internationalen Konsortium hervor: „Ich freue mich über die erneute erfolgreiche Zusammenarbeit eines internationalen Forscherteams aus Mathematikern, Medizinerinnen und Biologen, die diese wertvollen wissenschaftlichen Erkenntnisse erst ermöglicht hat, wobei auch die vielen tausend freiwilligen Studienteilnehmer einen wesentlichen Beitrag dazu geleistet haben. Insbesondere konnten wir bei den funktionalen Analysen der beiden Zielgene von einer langjährigen Kooperation mit den Rotterdamer Kollegen profitieren.“

Die gewonnenen Erkenntnisse verbessern das Verständnis über die Funktion der Schilddrüse und sollen durch individuelle Risikoabschätzung effektivere Therapieansätze bei der Behandlung von Schilddrüsenfehlfunktionen liefern. Weiterhin ermöglichen die gefundenen Ergebnisse Analysen zum Ursache-Wirkungsprinzip von Schilddrüsenfunktion auf andere Krankheiten, ohne zwingend langwierige und kostenintensive klinische Studien durchführen zu müssen.

*Publikation

Nature Communications, 26.10.2018

Teumer, Chaker, Groeneweg, Li, Di Munno, Barbieri et al.

„Genome-wide analyses identify a role for SLC17A4 and AADAT in thyroid hormone regulation“
doi: <http://www.nature.com/articles/s41467-018-06356-1>

Das **ThyroidOmics Consortium (<http://www.thyroidomics.com>) ist ein Zusammenschluss auf Kooperationsbasis von weltweit führenden epidemiologischen und klinischen Studien zur Erforschung der Schilddrüsenfunktion und von Schilddrüsenkrankheiten. Schwerpunkt liegt dabei auf der Anwendung von genetischen, epigenetischen, Transkriptom-, Proteom- und Metabolomdaten (OMICS-Daten).

Das Konsortium wird von Marco Medici (Erasmus Medical Center, Rotterdam, Niederlande) zusammen mit Alexander Teumer (Universitätsmedizin Greifswald, Greifswald, Deutschland) koordiniert.