

## Genomstudie klärt Ursachen für Speiseröhrenkrebs

**Eine Überblicksstudie unter Federführung der Marburger Humangenetik hat eine Handvoll bislang unbekannter Gene gefunden, die Speiseröhrenkrebs fördern. Die Forschungsgruppe kombinierte für ihre Analyse die Daten mehrerer Studien, was die Stichprobengröße auf über 16.000 Fälle erhöhte. Das Team berichtet im Fachblatt „GUT“ über seine Ergebnisse.**

„Speiseröhrenkrebs ist die sechsthäufigste Ursache für krebsbedingte Todesfälle“, sagt der Marburger Mediziner Professor Dr. Johannes Schumacher von der Philipps-Universität Marburg, einer der Leitautoren der Studie. Die häufigste Form dieser Krebsart in der westlichen Welt entsteht meist aus einer Vorerkrankung, die sich bei dauerhafter Reizung durch sauren Rückfluss aus dem Magen in die Speiseröhre ergibt – also durch Sodbrennen.

„Unsere Studie soll dazu beitragen, die genetischen Ursachen dieser Form von Speiseröhrenkrebs und der Vorerkrankung besser zu verstehen“, erläutert Schumachers Mitarbeiterin Julia Schröder, die ebenfalls federführend an der Studie beteiligt ist. Die Forschungsgruppe führte genomweite Assoziationsstudien durch, wobei die Wissenschaftlerinnen und Wissenschaftler die Stichprobengröße auf 16 790 Fälle und 32 476 Kontrollen erhöhte, indem sie Daten mehrerer Studien kombinierten. Außerdem verwendete das Team Gewebeproben aus der Speiseröhre, um Gene zu identifizieren, die zur Krebsentstehung beitragen.

„Wir fanden auf der DNA sechzehn bislang unbekannte Stellen, in deren Umgebung Gene liegen, die Speiseröhrenkrebs oder dessen Vorerkrankung fördern“, berichtet Schröder. Solche verdächtigen Gene konnte das Team an zwölf dieser Stellen identifizieren. „Weitere Analysen zeigen, dass der Rückfluss von Mageninhalt in die Speiseröhre stärker zu der Vorerkrankung beizutragen scheint als zur Entwicklung von Krebs“, ergänzt Dr. Carlo Maj, ein weiterer maßgeblicher Mitverfasser der Studie.

„Unsere Meta-Analyse ist die bisher größte genomweite Assoziationsstudie zu diesem Thema“, hebt Schumacher hervor. Die Autorinnen und Autoren hoffen, dass die Ergebnisse zu weiteren Forschungen anregen, die zur Aufklärung der Krankheitsmechanismen und zur Verbesserung der Risikovorhersage führen.

Der Mediziner Professor Dr. Johannes Schumacher lehrt Humangenetik an der Philipps-Universität. Dr. Carlo Maj leitet die Bioinformatik am Marburger Institut für Humangenetik. Neben der Arbeitsgruppe aus Marburg beteiligten sich zahlreiche Wissenschaftlerinnen und Wissenschaftler aus der ganzen Bundesrepublik sowie aus Großbritannien, den USA und Australien an der Studie. Die Deutsche Forschungsgemeinschaft, die Else Kröner-Fresenius-Stiftung sowie das Bundesforschungsministerium unterstützten die wissenschaftliche Arbeit finanziell.

Originalveröffentlichung: Julia Schröder, Laura Chegwidan, Carlo Maj & al.: GWAS meta-analysis of 16,790 patients with Barrett’s esophagus and esophageal adenocarcinoma identifies 16 novel genetic risk loci and provides insights into disease etiology beyond the single marker level, GUT 2022, DOI: <http://dx.doi.org/10.1136/gutjnl-2021-326698>