

Größte Studie zum genetischen Risiko für Typ-2-Diabetes veröffentlicht

In enger Zusammenarbeit mit einem internationalen Forschungsteam führte Prof. Eleftheria Zeggini von Helmholtz Munich und der Technischen Universität München (TUM) eine umfassende Studie mit Daten von Millionen von Teilnehmenden durch. Ihre Forschung deckte über 600 genetische Loci auf, die mit verschiedenen Krankheiten in Verbindung stehen, und ermöglichte die Entwicklung von Risiko-Scores für Diabetes-Komplikationen.

Die genetischen Informationen in unseren Zellen bergen viele Geheimnisse über unser individuelles Krankheitsrisiko, den potenziellen Krankheitsverlauf und mögliche Komplikationen. Angesichts von Hunderten Millionen Erkrankten weltweit ist die Identifizierung und das Verständnis des genetischen Risikos für Typ-2-Diabetes von besonderem Interesse.

In enger Zusammenarbeit mit einem internationalen Forschungsteam führte Prof. Eleftheria Zeggini von Helmholtz Munich und der Technischen Universität München (TUM) eine umfassende Studie mit Daten von Millionen von Teilnehmenden durch. Ihre Forschung deckte über 600 genetische Loci auf, die mit verschiedenen Krankheiten in Verbindung stehen, und ermöglichte die Entwicklung von Risiko-Scores für Diabetes-Komplikationen.

Die Erkenntnisse aus dieser genomweiten Assoziationsstudie zu Typ-2-Diabetes, der bisher größten ihrer Art, wurden nun in der Fachzeitschrift Nature veröffentlicht.

In den letzten Jahrzehnten ist die Prävalenz von Diabetes in allen Regionen der Welt gestiegen und nimmt weiterhin signifikant zu. Laut der Weltgesundheitsorganisation (WHO) leben derzeit mehr als 400 Millionen Menschen mit Typ-2-Diabetes, einer Erkrankung mit vielfältigen Symptomen und Ursachen. Obwohl immer mehr wirksame Behandlungsmöglichkeiten zur Verfügung stehen, sind die Möglichkeiten der Präzisionsmedizin noch begrenzt. Für viele Betroffene beruhen die Behandlungsstrategien daher weiterhin auf der Methode des „Versuch und Irrtums“. Typ-2-Diabetes kann zu zahlreichen Folgeerkrankungen führen. Daher besteht ein dringender Bedarf an einem tieferen Verständnis der Krankheitsmechanismen, um das Risiko von Komplikationen präziser vorherzusagen und frühzeitig zu intervenieren.

Neue Erkenntnisse über genetische Risikofaktoren und Komplikationen

Auswertungen großer Mengen von Patientendaten und ein tiefgreifendes Verständnis von genomischen Risikovarianten erfordern die Zusammenarbeit vieler Wissenschaftler:innen. Forschende von Helmholtz Munich sind aktiv an der neu gegründeten „Type 2 Diabetes Global Genomics Initiative (T2D-GGI)“ beteiligt. Das erste Ergebnis dieser Initiative stellt die bisher größte genomweite Assoziationsstudie (GWAS) dar. GWAS ist eine wissenschaftliche Methode, um genetische Variationen zu identifizieren, die mit einer Krankheit in Verbindung stehen.

Die neue Studie umfasst 2,5 Millionen Teilnehmende, darunter 428.452 Personen mit Typ-2-Diabetes. Eleftheria Zeggini, leitende Wissenschaftlerin der Studie, sagt: „Als Gemeinschaftsleistung von Hunderten von Forschenden aus der ganzen Welt, haben wir die größte genomweite

Assoziationsstudie für Typ-2-Diabetes durchgeführt. Wir haben neue genetische Risikoloci für die Erkrankung gefunden und genetische Risiko-Scores entwickelt, die mit schädlichen Komplikationen in Verbindung stehen.“

Die Forschenden nutzten innovative computerbasierte Methoden, um Daten aus verschiedenen „omics“-Technologien zu integrieren. Dabei konnten sie acht verschiedene mechanistische Cluster genetischer Varianten identifizieren, die mit Typ-2-Diabetes in Verbindung stehen. Zudem entdeckten sie Zusammenhänge zwischen einzelnen Clustern und den auftretenden Komplikationen bei Diabetes.

„Unsere Forschungsarbeit trägt dazu bei, die biologischen Mechanismen, die Krankheiten verursachen, besser zu verstehen. Ein vertieftes Wissen über das Fortschreitungsrisiko von Komplikationen bei Typ-2-Diabetes kann dazu beitragen, frühzeitig Maßnahmen zu ergreifen. Ziel ist es, diese einschränkenden medizinischen Beschwerden zu verlangsamen oder sogar zu verhindern.“, sagt Eleftheria Zeggini.

Über Helmholtz Munich

Helmholtz Munich ist ein biomedizinisches Spitzenforschungszentrum. Seine Mission ist, bahnbrechende Lösungen für eine gesündere Gesellschaft in einer sich schnell verändernden Welt zu entwickeln. Interdisziplinäre Forschungsteams fokussieren umweltbedingte Krankheiten, insbesondere die Therapie und die Prävention von Diabetes, Adipositas, Allergien und chronischen Lungenerkrankungen. Mittels künstlicher Intelligenz und Bioengineering transferieren die Forschenden ihre Erkenntnisse schneller zu den Patient:innen. Helmholtz Munich zählt mehr als 2.500 Mitarbeitende und hat seinen Sitz in München/Neuherberg. Es ist Mitglied der Helmholtz-Gemeinschaft, mit mehr als 43.000 Mitarbeitenden und 18 Forschungszentren die größte Wissenschaftsorganisation in Deutschland. Mehr über Helmholtz Munich (Helmholtz Zentrum München Deutsches Forschungszentrum für Gesundheit und Umwelt GmbH): www.helmholtz-munich.de

Originalpublikation:

Suzuki et al. (2024): Genetic drivers of heterogeneity in type 2 diabetes pathophysiology. Nature. DOI: 10.1038/s41586-024-07019-6
<https://www.nature.com/articles/s41586-024-07019-6>