Große genomweite Assoziationsstudie in der Diabetologie

# Es liegt in den Genen – viele Genloci mit Diabetes assoziiert

**Neben Lifestyle-abhängigen Risikofaktoren spielt auch die Genetik bei der Entstehung und beim Verlauf von Diabetes eine Rolle. In einer Metaanalyse haben Forscher untersucht, inwiefern das Auftreten bestimmter Genloci dabei eine Schlüsselrolle einnimmt.**

Von Marc Kehrmann

Veröffentlicht: 20.02.2024, 15:55 Uhr

Über 600 Genloci haben Wissenschaftler identifiziert, die mit der Pathogenese von Diabetes assoziiert sind.
© [M] idealeksis / Generated with AI / Stock.adobe.com

**München.** Sowohl die Wahrscheinlichkeit, an Diabetes mellitus Typ 2 (T2D) als auch an Komplikationen zu erkranken, ist mit dem Auftreten bestimmter Genloci assoziiert. Diese Ergebnisse hat das Team um Professorin Eleftheria Zeggini vom Helmholtz Zentrum München nun veröffentlicht (Nature, online 19. Februar (https://www.nature.com/articles/s41586-024-07019-6)).

In dieser groß angelegten Metaanalyse wurden Daten von über 428.452 Patienten und Patientinnen mit T2D und 2.107.149 Personen in der Vergleichsgruppe aus aller Welt verglichen.

Das Team um die Münchner Genomikerin identifizierte 611 Risikoloci, von denen 145 bis dato unbekannt gewesen seien. Auch typische makroangiopathische Folgeerkrankungen, unter anderem koronare Herzkrankheit, periphere aterielle Verschlusskrankheit und Schlaganfälle, korrelieren mit mehreren Genloci.

Diese Studie zeigt, wie komplex die ätiologischen Hintergründe beim T2D sind und wie der Progress dieser Erkrankung unter anderem von genetischen Faktoren abhängt. Die Gruppe um Zeggini hofft, zukünftig mit Genom-Analysen und weiteren klinischen Parametern Risikoscores zu entwickeln, auf deren Basis Prozesse besser vorhergesagt werden können, die an der Entstehung von Adipositas und vaskulären Komplikationen beteiligt sind. *(mke)*