

19.07.2021 – 17:01 Uhr

deCODE genetics - Neue Studie zu Vererbung und fetalem Wachstum

Reykjavik, Island (ots/PRNewswire) -

Wissenschaftler von deCODE genetics haben 243 Sequenzvarianten kartiert, die das fetale Wachstum beeinflussen und das mütterliche und das fetale Genom trennen. Die Studie beleuchtet die Zusammenhänge zwischen Bluthochdruck, Diabetes und fetalem Wachstum.

In einem heute in Nature Genetics veröffentlichten Artikel berichten Wissenschaftler von deCODE genetics, einer hundertprozentigen Tochtergesellschaft von Amgen, über Sequenzvarianten, die mit dem Geburtsgewicht in Verbindung stehen. Sie zeigen auf, wie diese Varianten das Geburtsgewicht sowohl durch das mütterliche als auch durch das fetale Genom beeinflussen. Auch wenn das Geburtsgewicht von einer Reihe von gesundheitlichen Ergebnissen abhängt, ist strittig, in welchem Umfang es vom fetalen Genom oder der intrauterinen Umgebung und damit dem mütterlichen Genom beeinflusst wird.

Insgesamt wurden 243 fetale Wachstumsvarianten gemeldet, von denen 141 in vier Hauptgruppen gruppiert wurden, basierend auf der Trennung der Wirkung der Variante auf das Geburtsgewicht durch das Genom der Mutter im Vergleich zum fetalen Genom. Die Mehrzahl der Varianten zeigt eine Wirkung nur im Fötus und ein Viertel davon zeigt einen Hinweis auf eine elternspezifische Wirkung auf das Geburtsgewicht, d. h. die Wirkung auf den Fötus unterscheidet sich je nachdem, ob das Kind die Variante von der Mutter oder vom Vater geerbt hat. Einige Varianten haben nur bei der Mutter eine Wirkung, aber etwa 30 % beeinflussen das Geburtsgewicht sowohl durch die mütterlichen als auch die fetalen Genome, wobei bei einigen die Wirkung in die gleiche Richtung geht, egal ob von Mutter oder Vater, während die Wirkung bei anderen in die entgegengesetzte Richtung geht.

Die Analyse des polygenen Risikoscores von krankheitsassoziierten Varianten hat ergeben, dass Varianten, die mit dem Blutdruck in Verbindung stehen, nicht mit dem Geburtsgewicht assoziiert werden, wenn sie sich im mütterlichen Genom befinden. Wenn sie aber im fetalen Genom auftreten, korreliert das blutdruckerhöhende Allel mit einem niedrigeren Geburtsgewicht. Varianten, die mit dem Risiko für Typ-2-Diabetes verbunden sind, sind sowohl über das mütterliche als auch das fetale Genom mit dem Geburtsgewicht verbunden, aber in entgegengesetzte Richtungen. Wenn sie bei der Mutter auftreten, korrelieren die Risikoallele mit einem höheren Geburtsgewicht, während sie beim Fötus mit einem niedrigeren Geburtsgewicht korrelieren.

"Die Fähigkeit, die Wirkung jedes der übertragenen Allele und des mütterlichen, nicht-übertragenen Allels direkt zu analysieren, ermöglicht es uns, das, was durch die Mutter passiert, von einem direkten Einfluss auf das Geburtsgewicht durch das fetale Genom zu trennen", erklärt Valgerdur Steinthorsdottir, Wissenschaftlerin bei deCODE genetics und Autorin des Artikels.

Die Studie berichtet von einer erweiterten GWAS-Metaanalyse von 400.000 Kindern, 270.000 Müttern und 60.000 Vätern, die Daten aus dem isländischen Geburtsregister von 125.000 Neugeborenen und ihren Eltern mit einer öffentlichen Zusammenfassung der fetalen Wachstumsdaten von Kindern und Müttern des Early Growth Genetics Consortium und der UK Biobank kombiniert. Die Auswirkungen der fetalen, mütterlichen und väterlichen Genome auf das Geburtsgewicht wurden analysiert. Zudem umfasst die Studie die Analyse der Geburtslänge und des Ponderal-Index.

"Aus diesen Ergebnissen geht klar hervor, dass wir zu Beginn unseres Lebens nicht nur von der Hälfte des mütterlichen Genoms geprägt sind, das uns übertragen wird, sondern auch von der nicht übertragenen Hälfte", erklärt Kari Stefansson, CEO von deCODE genetics. "Hier zeigen wir, wie der Einfluss der beiden Hälften voneinander getrennt werden kann."

deCODE mit Sitz in Reykjavik, Island, ist ein weltweit führendes Unternehmen bei der Analyse und der Erforschung des menschlichen Genoms. Dank seiner einzigartigen Expertise in der Humangenetik in Kombination mit wachsender Expertise in Transkriptomik und Proteomik der Bevölkerung und einer Vielzahl phänotypischer Daten hat deCODE Risikofaktoren für Dutzende von weit verbreiteten Krankheiten entdeckt und wichtige Einblicke in deren Pathogenese gegeben. Die Informationen aus der Analyse der genetischen Grundlagen von Krankheiten kann dazu dienen, neue Möglichkeiten zur Diagnose, Behandlung und Prävention von Krankheiten zu entwickeln. deCODE ist eine hundertprozentige Tochtergesellschaft von Amgen (NASDAQ: AMGN).

Video - https://mma.prnewswire.com/media/1557521/Birth_Weight.mp4

Foto - https://mma.prnewswire.com/media/1557444/Authors_on_the_paper.jpg

Logo - https://mma.prnewswire.com/media/1535464/deCODE_genetics_Amgen-Logo.jpg

Diese Meldung kann unter <https://www.presseportal.ch/de/pm/100057711/100874602> abgerufen werden.