

Vier genetische Faktoren für häufigste Migräneform gefunden

Der Kopfschmerz kommt wie eine Attacke, mit Übelkeit und Erbrechen; Licht und Lärm sind auf einmal unerträglich: Gut jeder Achte leidet unter Migräne. Gibt es dafür eine Veranlagung? Ja, sagen LMU-Forscher. Erstmals konnten sie nun auch für die häufigste Migräneform genetische Risikofaktoren finden.

Gleich vier neue genetische Risikofaktoren konnten die Münchner Forscher gemeinsam mit einem internationalen Wissenschaftler-Team (International Headache Genetics Consortium) jetzt im Erbgut von Migräne-Patienten orten. Dabei handelt es sich um häufig vorkommende DNA-Varianten, sogenannte Polymorphismen, bei denen jeweils nur ein einzelner Baustein im DNA-Strang verändert ist. Diese Risiko-Varianten, die auf den Chromosomen 1, 3, 6 beziehungsweise 9 lokalisiert sind, ma-

chen ihre Träger anfällig für die Migräne ohne Aura, folgern Professor Martin Dichgans, Dr. Tobias Freilinger und Dr. Rainer Malik vom Institut für Schlaganfall- und Demenzzforschung (ISD) am Klinikum der Universität München, die die Federführung bei der Studie hatten. An dieser häufigsten Migräneform, bei der der pochende Kopfschmerz nicht zusätzlich noch von neurologischen Symptomen wie Sehstörungen, der sogenannten Aura, begleitet ist, leiden zwei Drittel der Patienten.

„Für unsere Untersuchung haben wir das Erbgut von beinahe 5000 Migräne-Patienten mit dem von über 7000 Kontrollpersonen verglichen“, sagt Martin Dichgans. Dabei untersuchen die Wissenschaftler, ob bei Migräne-Patienten bestimmte der unzähligen vielen Polymorphismen statistisch gehäuft auftreten. „Unsere Ergebnisse sind

ein entscheidender Schritt zu einem besseren Verständnis der Pathophysiologie der Migräne“, so Tobias Freilinger. „Die Lage der nun identifizierten Risikovarianten legt nahe, dass neben einer gesteigerten Erregbarkeit des Gehirns auch vaskuläre Prozesse von Bedeutung sind.“

Schon für die Migräne mit Aura hatten die Forscher einen genetischen Risikofaktor finden können – und einen möglichen physiologischen Zusammenhang. Danach könnte eine übermäßige Anhäufung des Botenstoffes Glutamat an den Synapsen, den Kontaktstellen der Nervenzellen, eine wichtige Rolle bei Migräne spielen. Arbeiten an noch größeren Patientenkollektiven, hofft Freilinger, könnten nun weitere Risikofaktoren identifizieren helfen.

Die Arbeit wurde durch das „Nationale Genomforschungsnetz“, NGFN-Plus, im Rahmen von EMINET, kurz für „Epilepsy and Migraine Integrated Network“, gefördert.

Literaturhinweis: „Genome-wide association analysis identifies susceptibility loci for migraine without aura“ – T. Freilinger, V. Anttila, B. de Vries et al. Nature Genetics, AOP, 10. Juni 2012, doi: 10.1038/ng.2307