

**Wiener Biometrische Sektion
der Internationalen Biometrischen Gesellschaft
Region Österreich – Schweiz**

<http://www.akh-wien.ac.at/wbs/>

Einladung zum

Biometrischen Kolloquium

am Mittwoch, dem 11. Oktober 2000, 16:30 Uhr

im Seminarraum des
Instituts für Medizinische Statistik
Schwarzspanierstr.17 (Gebäude der Physiologie, 3. Stock)
Tel. 4277 63201
A-1090 Wien

Es spricht Frau Prof. Dr. Christine Mannhalter, Klinisches Institut für
Medizinische und Chemische Labordiagnostik der Universität Wien,
zum Thema:

**Molekularbiologische Untersuchungen in
der Medizin - Grundlagen für Statistiker**

**Statistische Genetik gewinnt immer mehr an Bedeutung. Der Vortrag soll einen Beitrag
zum Einstieg in das biologische Umfeld leisten. Zum Thema „Statistische Genetik“ sind
weitere Vorträge geplant .**

Barbara Schneider
Präsidentin

Thomas Waldhör
Sekretär

Abstract:

Die gesamte genetische Information eines Menschen wird als Genom bezeichnet. Dieses baut sich aus Desoxyribonukleinsäure (DNA) auf und enthält die Instruktionen für alle Bedürfnisse des Organismus während dessen ganzen Lebens. Das Genom ist auf 46 Chromosomen, 23 väterliche und 23 mütterliche, verteilt, besteht aus 3 Milliarden Nukleotiden und ist im Zellkern jeder Zelle des Körpers vorhanden. Nach heutigem Wissen befinden sich im menschlichen Genom 30 000 bis 150 000 Gene, die die Information für die verschiedenen Proteinbausteine des Körpers enthalten.

Bei jeder Zellteilung wird das ganze Genom verdoppelt. Dabei ist von essentieller Bedeutung, daß die vollständige und richtige Information an die neue Zelle weitergegeben wird. Passieren Fehler, sogenannte genetische Defekte oder Mutationen, so kann dies schwerwiegende Folgen haben. Mutationen in Körperzellen können Krankheiten, wie z.B. Krebs auslösen. Wenn sie in Keimzellen passieren, führen sie zu angeborenen Defekten beim Kind.

Wie wir heute wissen, ist aber nicht jede genetische Veränderung gleich gewichtig. Manche bewirken unmittelbar eine schwere Krankheit, andere haben einen großen Einfluß darauf, ob ein Mensch auf Umwelteinflüsse, Infektionen, Chemikalien, oder Therapien mit Krankheit reagiert oder nicht, und eine weitere Gruppe hat nach jetzigem Kenntnis Stand keine funktionellen Auswirkungen, ist aber wertvoll als genetischer Fingerprint.

Es ist anzunehmen, dass es etwa 10 Millionen solcher genetischen Veränderungen im menschlichen Genom gibt. Die Zielsetzung der nächsten Jahre ist es, jene Veränderungen zu identifizieren, die mit Erkrankungen wie Herzinfarkt, Schlaganfall, Zuckerkrankheit, Morbus Alzheimer oder anderen Geisteskrankheiten assoziiert sind. Diese Aufgabe ist schwierig, da bei jeder der genannten Erkrankungen mehrere Gene und wahrscheinlich auch mehrere genetische Marker beteiligt sind. Erst eine gute und sorgfältige epidemiologische Charakterisierung der Patientenkollektive und die Entwicklung geeigneter Analysenprogramme wird die Auswertung der erhobenen Daten ermöglichen und wesentlich zu deren Aussagekraft beitragen