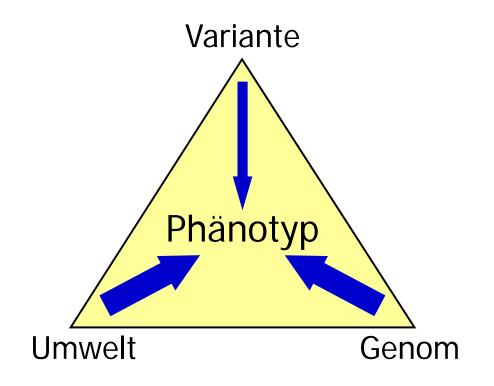
Öffentliche Anhörung des Deutschen Ethikrates Möglichkeiten und Grenzen prädiktiver genetischer Diagnostik multifaktorieller Erkrankungen

3. Mai 2012

Prof. Dr. Michael Krawczak Institut für Medizinische Informatik und Statistik Christian-Albrechts Universität, Kiel

Genetische Epidemiologie

multifaktorielle ("komplexe") Erkrankungen



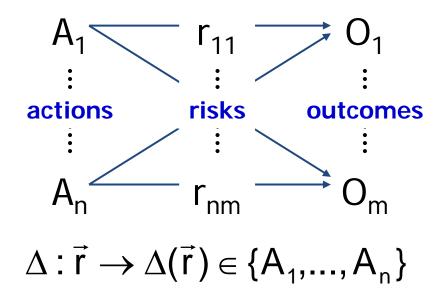
Diabetes, koronare Herzkrankheit neuropsychiatrischer Erkrankungen, Krebs Autoimmunerkrankungen

Ziele und Erwartungen



"The characterisation of genes involved in the aetiology of these [complex] diseases will open ways for a **better understanding of the pathophysiology** and will not only **improve diagnostics** but will also allow the development of **new therapeutic and preventive strategies**."

Entscheidungstheorie



$$\Delta(\vec{\mathbf{r}}_{\mathsf{pre-test}}) \neq \Delta(\vec{\mathbf{r}}_{\mathsf{post-test}})$$

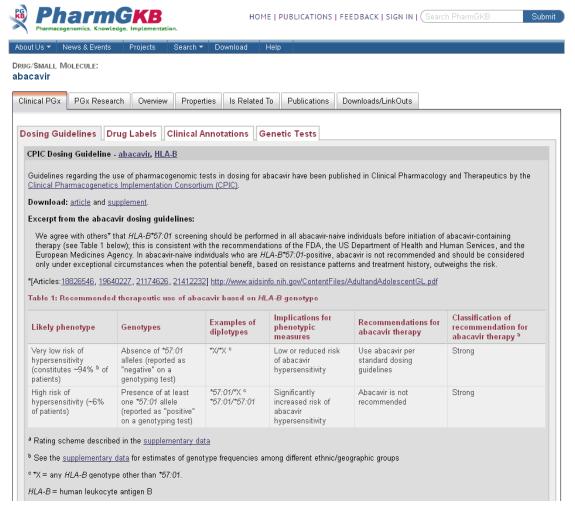
für hinreichend viele Testpersonen (Stichwort: "G×E Interaktion")

Entscheidungstheorie

- "Resources should be distributed according to healthrelated needs."
- "[Need is] something instrumental or goal-related.
 [...] Need as internal tension cannot be applied to health services since, e.g., even unconscious people have needs."
- "A goal-related need is by nature a relation, or gap, between an actual state concerning the individual and a norm that prescribes something desirable."

G×E Interaktion

Pharmakogenetik



www.pharmgkb.org

G×E Interaktion

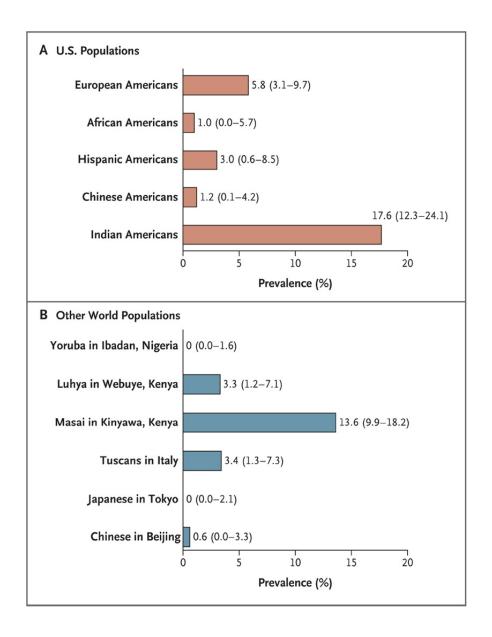
Pharmakogenetik

Abacavir: Reverse-Transkriptase-Inhibitor zur Behandlung von AIDS; mit schweren möglichen Nebenwirkungen wie Fieber, Ausschlag, Übelkeit, Bauchschmerzen und Atemnot.

Subgroup	Positive for HLA-B*5701	Negative for HLA-B*5701	Total	Performance Characteristic for Hypersensitivity Reaction
	number of patients			
Clinically diagnosed hypersensitivity reaction				
Total population that could be evaluated				
Hypersensitivity reaction	30	36	66	Sensitivity: 45.5 (33.1–58.2)
No hypersensitivity reaction	19	762	781	Specificity: 97.6 (96.2-98.5) PPV: 61.2 (46.2–74.8) NPV: 95.5 (93.8–96.8)

OR = 33.4 (95%CI: 17.2 - 65.0)

Mallal S, et al. (2008) N. Engl. J. Med. 358: 568-579.

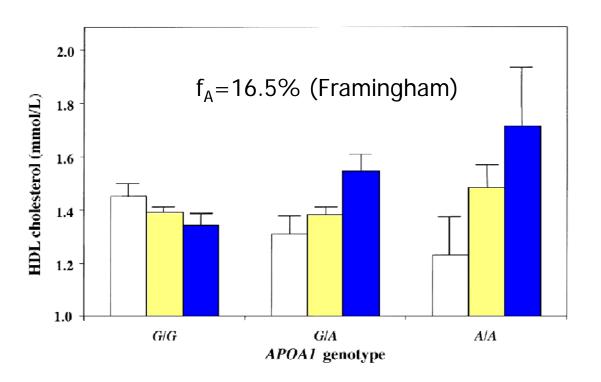


Populationshäufigkeit HLA-B*5701 (rs2395029)

Rotimi CN, Jorde LB (2010) N. Engl. J. Med. 363: 1551-1558.

G×E Interaktion

APOA1 -75G>A

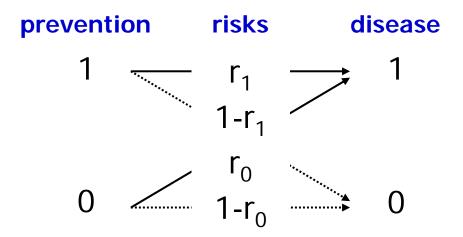


Nahrungsanteil mehrfach ungesättigter Fettsäuren



Ordovas et al. (2002) Am. J. Clin. Nutr. 75: 38-46.

G×E Interaktion



Szenario 1

$$\Delta(\vec{r}_{pre-test}) = 1, \Delta(\vec{r}_{post-test}) = 0$$

$$\frac{r_0}{r_1} >> \frac{r_{0,g}}{r_{1,g}}$$

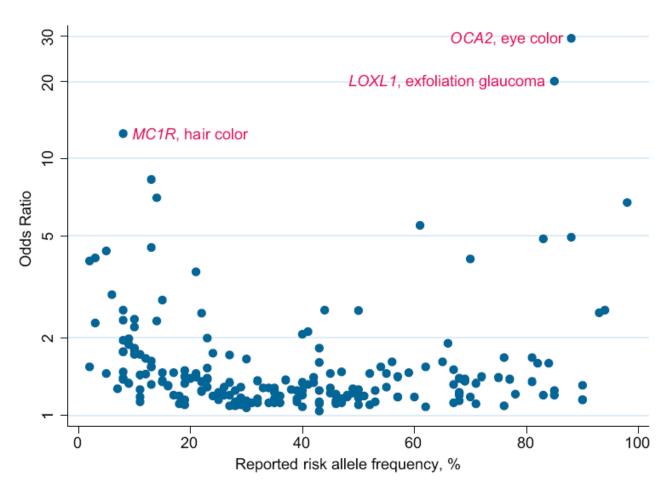
Szenario 2

$$\Delta(\vec{r}_{pre-test}) = 0, \Delta(\vec{r}_{post-test}) = 1$$

$$\frac{\mathbf{r}_{0}}{\mathbf{r}_{1}} << \frac{\mathbf{r}_{0,g}}{\mathbf{r}_{1,g}}$$

Genomweite Assoziationsstudien (GWAS)

Effektstärken



227 Assoziationen

OR Median: 1.33

OR IQR: 1.20 - 1.61

Hindorff LA, et al. (2010) Proc. Natl. Acad. Sci. USA 106: 9362-9367.



Prädiktive Diagnostik

LOXL1 und Glaukom

"Jeder Mensch besitzt zwei Gene jedes Typs und mehr als die Hälfte (etwa 65%) der Europäer tragen einen Defekt in beiden Genen eines Typs und haben ein 27-fach höheres Krankheitsrisiko als Personen, die keinen Gendefekt tragen."

"Bei diesem Krankheitsrisiko ist vor allem die Früherkennung wichtig. Daher ist es für Betroffene von großer Bedeutung, von ihrem Risiko zu wissen und entsprechend auf Früherkennungsmaßnahmen zu achten, sodass eine Behandlung rechtzeitig beginnen kann."

Prädiktive Diagnostik

LOXL1 und Glaukom

Glaukom-Lebenszeitrisiko eines Mitteleuropäers: 4%

$$0.65.27 \cdot r + 0.35 \cdot r = 0.04$$

$$17.9 \cdot r = 0.04$$

$$r = 0.0022$$

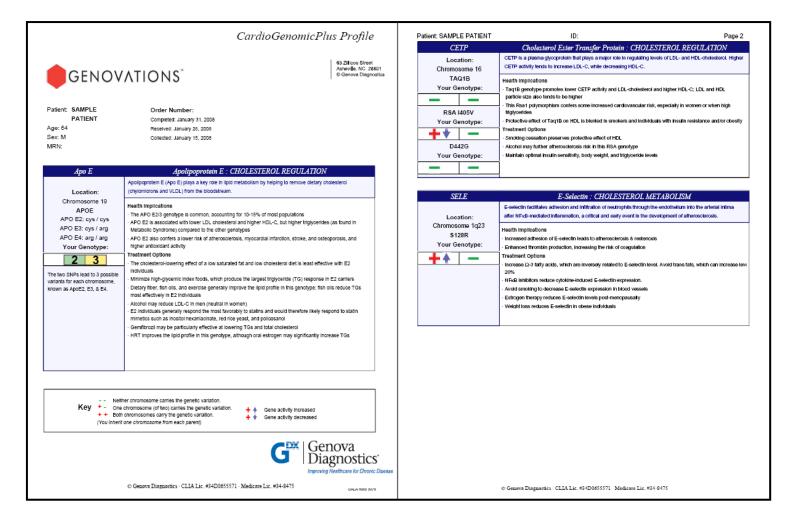
$$27 \cdot r = 0.0594$$

In 35% der Bevölkerung fällt das Glaukom-Risiko durch den Test von 4% auf 0.2%, während es bei 65% von 4% auf 6% steigt.

Kombination genetischer Prädiktoren



CardiGenomiPlus Profile (13 Polymorphismen)



Kombination genetischer Prädiktoren

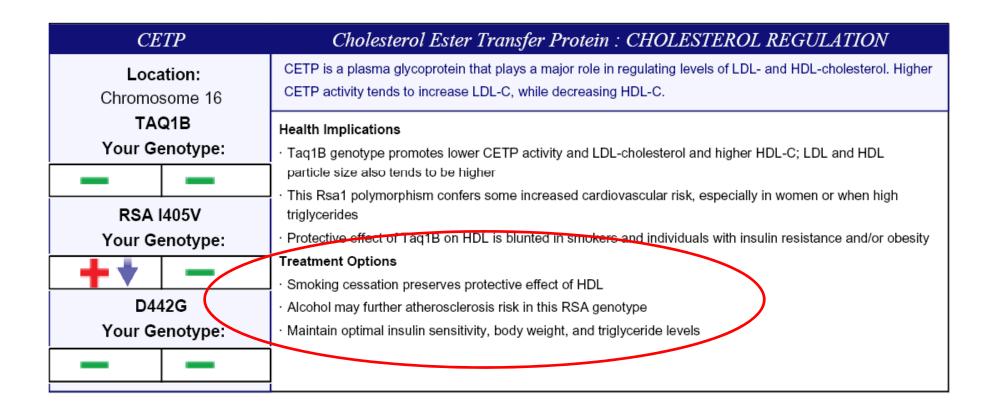
Die Multiplikation relativer Risiken ist nur zulässig, wenn es bekanntermaßen keine G×G Interaktion gibt.

Genotyp	A +	A-
B+	0.4	0.2
B-	0.3	0.1

$$rr(A+,B+)=4.00$$

f(A+)	f(B+)	rr(A+)	rr(B+)	rr(A+)·rr(B+)
0.10	0.10	2.82	1.83	5.16
0.10	0.50	2.33	1.83	4.26
0.50	0.10	2.82	1.50	4.23
0.50	0.50	2.33	1.50	3.50

CardiGenomiPlus Profile (13 Polymorphismen)



Schlussfolgerungen

- 5. Wie schätzen Sie den Einfluss von Exogenen- und Zufallsfaktoren auf die Prädiktion komplexer Krankheiten ein? Wie wirken sich diese auf die statistische Verteilung aus?
 - Maßgebliche G×E Interaktionen sind für komplexe Erkrankungen entweder nicht bekannt oder nicht hinreichend präzise quantifiziert, um sie in einer prädiktiven Diagnostik adäquat berücksichtigen zu können.
- 6. Wie schätzen Sie die bisherige Entwicklung der Auffindung von Assoziationen zwischen genetischen Informationen und krankheitsrelevanten Symptomen ein? Diese Assoziationen sind von großem grundlagenwissenschaftlichen Wert, haben aber – außer in der Pharmakogenetik – keine oder nur eine geringe klinische Bedeutung.

Schlussfolgerungen

- 7. Was halten Sie von großen Bevölkerungsscreenings hinsichtlich GWAS (genome-wide association studies)? Populationsgenetische Aspekte? Populationsweite GWAS sind weder praktisch durchführbar noch wissenschaftlich sinnvoll. Der Powergewinn käme einer kleinen Anzahl wissenschaftlich relevanter zu Lasten einer Vielzahl irrelevanter Assoziationen zugute.
- 10. Welche Voraussetzungen (Aussagesicherheit von Tests, Ausbildungsstandard von Ärzten) müssen für eine klinische Anwendung der Risikovorhersage geben sein? Die post-test Modifikation des individuellen Risikos muss bei hinreichend vielen Personen handlungsrelevant sein.

Schlussfolgerungen

- 13. Wie beurteilen Sie den möglichen Einsatz prädiktiver genetischer Tests in Screeningprogrammen? Screening verlangt einen hohen negativ prädiktiven Wert, der sich bei den meisten genetischen Tests nur auf Kosten der Effizienz erreichen ließe (d.h. nur eine geringer Teil der Bevölkerung würde damit "negativ" getestet).
- 15. Wie sollte man mit Überschussinformationen gegenüber dem Patienten umgehen? Bei der gezielten Analyse bekannter genetischer Varianten entsteht keine "Überschussinformation"! Für Varianten, die im Rahmen einer Vollsequenzierung entdeckt werden, hängt die Antwort von der Evidenzbasis für der Krankheitswert ab. Die letztliche Entscheidung über den Umgang damit liegt beim Patienten.