



Zytogenetische Diagnostik

Chromosomenanalyse und Array-CGH

Einleitung

Chromosomen sind die Träger der Erbanlagen (Gene). Sie befinden sich im Kern einer jeden Körperzelle. Jeder Mensch hat 46 Chromosomen, die zu 23 Chromosomenpaaren angeordnet werden können. Jeweils 22 der Chromosomenpaare werden als Autosomen und ein Paar als Gonosomen (Geschlechtschromosomen) bezeichnet. Die beiden Geschlechtschromosomen einer Frau werden X-Chromosomen genannt. Männer haben ein X- und ein Y-Chromosom. Die Umschreibung für den gesamten Chromosomensatz einer Frau lautet 46,XX. Der gesamte Chromosomensatz eines Mannes wird als 46,XY beschrieben.

Abweichungen von der normalen Anzahl der Chromosomen oder deren Struktur (sog. Chromosomenanomalien) können für die Betroffenen unterschiedliche Konsequenzen haben. Fehlt Chromosomenmaterial oder ist zusätzliches Chromosomenmaterial vorhanden, spricht man von einem unbalancierten Chromosomensatz. Ein unbalancierter Chromosomensatz führt in der Regel zu Störungen der körperlichen und geistigen Entwicklung. Die häufigste Veränderung ist das Down Syndrom. Bei Menschen mit Down Syndrom ist das Chromosom 21 dreimal anstatt zweimal vorhanden (Synonym: Trisomie 21).

Untersuchung der Chromosomen

Konventionelle Chromosomenanalyse

Bei der konventionellen Chromosomenanalyse werden durch den Einsatz spezieller Techniken die Chromosomen aus Körperzellen präpariert, angefärbt und unter dem Lichtmikroskop dargestellt. So können zahlenmäßige (numerische) Veränderungen der Chromosomen sowie Anomalien von deren Struktur (strukturelle Chromosomenanomalien) diagnostiziert werden.

Eine Voraussetzung für den Nachweis struktureller Veränderungen ist jedoch, dass die betroffenen Chromosomenbereiche mehr als 5-10 Millionen Basenpaare (Mb) umfassen. Kleinere Veränderungen können nicht dargestellt werden. Die Limitierung der diagnostischen Aussagekraft dieser Methode

ist durch das Auflösungsvermögens des Lichtmikroskops oder die Bandenauflösung der Chromosomenpräparation bedingt.

Man kennt eine Vielzahl von Erkrankungen, deren Ursache in kleinsten (submikroskopischen) Veränderungen der Chromosomenstruktur liegt, welche mit einem Verlust chromosomalen Materials (sog. Mikrodeletionen) oder zusätzlichem Chromosomenmaterial (sog. Mikroduplikationen) einhergehen. Daher kann bei einem unauffälligen Chromosomenbefund und entsprechendem klinischem Verdacht eine Methode mit höherem Auflösungsvermögen in Erwägung gezogen werden: die Array-CGH (*comparative genomic hybridization*) (1 – 3).

Array-CGH

Technik

Bei der Array-CGH werden sowohl die DNA eines Patienten sowie die einer gesunden Kontrolle (Referenz-DNA) mit jeweils unterschiedlichen Fluoreszenzfarbstoffen markiert und gleichzeitig auf einen Glasträger mit definierten DNA-Sequenzen (Array/DNA-Chip) aufgebracht (Abb. 1a). Die jeweils „passenden“ (komplementären) DNA-Abschnitte der zugegebenen Patienten- und Kontroll-DNA gehen eine Bindung mit der auf dem Chip fixierten DNA ein (Hybridisierung) (Abb. 1b). Ein Vergleich der Farbintensitäten erlaubt eine Aussage über Veränderungen der Kopienzahl ganzer Chromosomen, aber auch kleinster Chromosomenabschnitte beim Patienten: Das Überwiegen der Farbe der Patienten-DNA spricht für eine Kopienzahlerhöhung, (z.B. Duplikation, Abb. 1c) eines chromosomalen Abschnitts, ein Überwiegen der Farbe der Referenz-DNA deutet auf eine Kopienzahlverminderung (z.B. Deletion, Abb. 1c) hin.

Mit der Array-CGH können bis zu 100-fach kleinere Chromosomenveränderungen dargestellt werden als mit der konventionellen Chromosomenanalyse.

Als besonders wertvoll haben sich Array-CGH-Analysen bei Patienten mit verzögerter geistiger und körperlicher Entwicklung, einer autistischen Erkrankung oder angeborenen Fehlbildungen

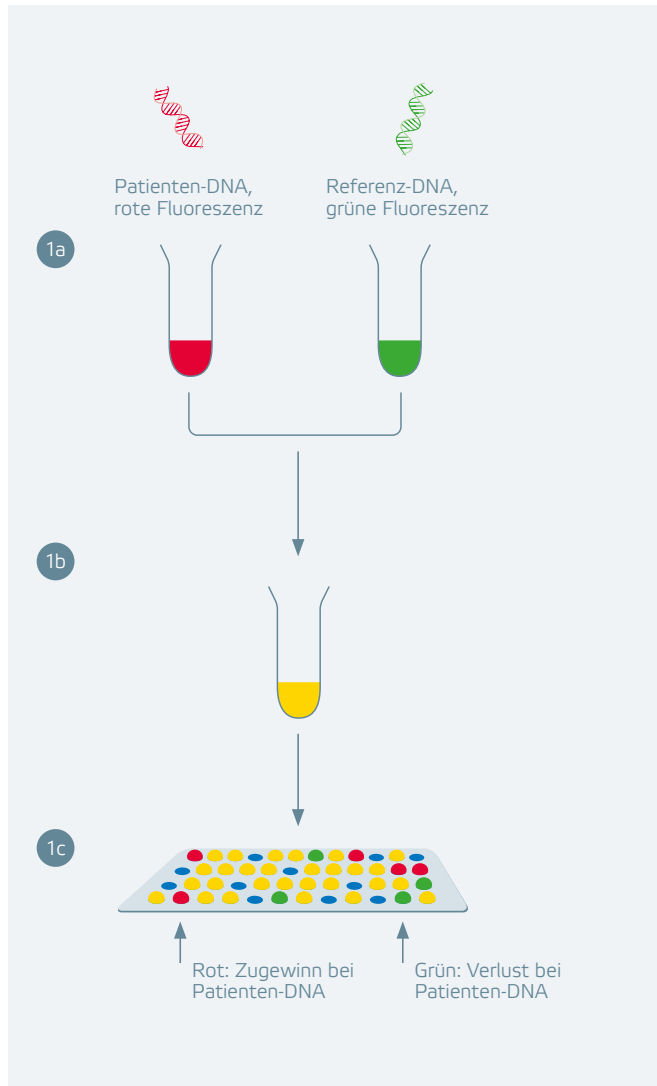


Abb. 1
Schematische
Darstellung einer
Array-CGH

erwiesen (Abb. 2). Während mittels konventioneller Chromosomenanalyse nur bei ca. 3% der Patienten Chromosomenanomalien detektiert werden, kann mittels Array-CGH bei 15 – 20% der Patienten eine chromosomale Ursache identifiziert werden (Fälle mit einer Trisomie 21 wurden nicht eingerechnet) (3).

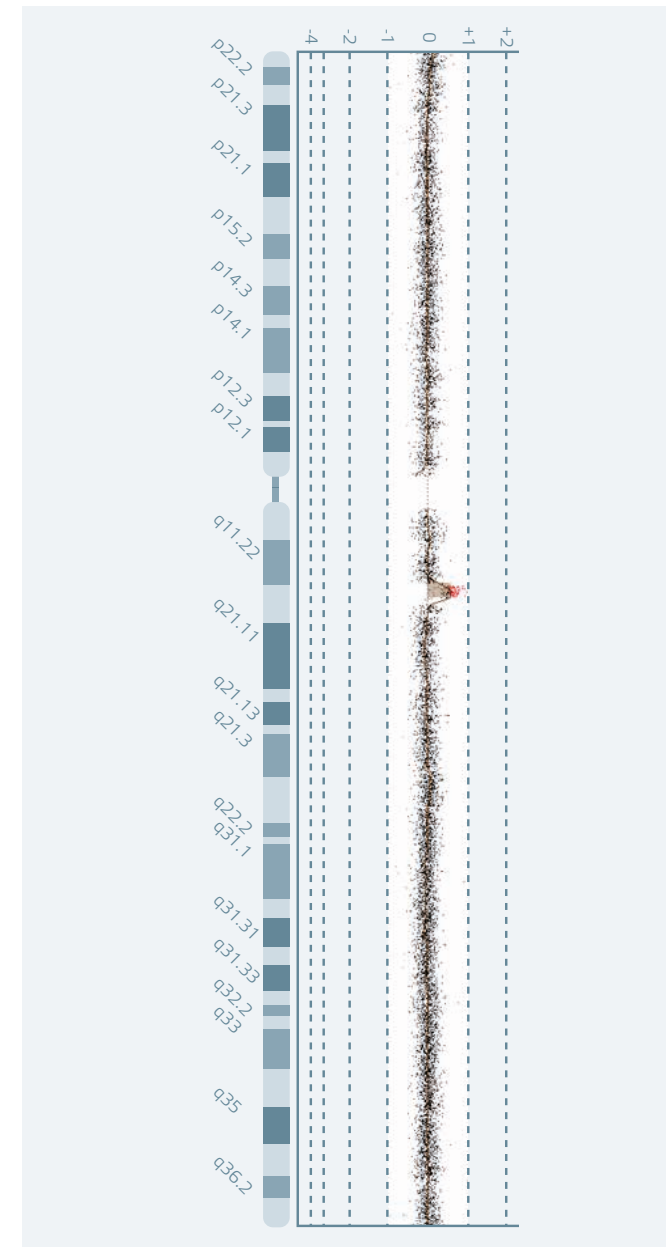


Abb. 2
Ergebnis der Array-CGH-
Untersuchung bei einem
Patienten mit mentaler
Retardierung, bei dem
der Verdacht auf ein fra-
giles X Syndrom bestand.
Sowohl die konventionelle
Chromosomenanalyse als
auch die molekulargenetische
Analyse auf ein fragiles X
Syndrom hatten unauffällige
Befunde ergeben.

Die Kurve stellt das Verhältnis der Farbintensitäten von Patienten- und Referenz-DNA für Chromosom 7 dar. Der schraffierte Abschnitt hebt eine ca. 1,5 Megabasen umfassende Duplikation in der Bande 7q11.23 hervor.

Die konventionelle Chromosomenanalyse hat auch weiterhin eine wichtige Stellung in der Diagnostik, da sie den Nachweis folgender Veränderungen erlaubt:

- Das gleichzeitige Vorkommen von Zellen mit unauffälligem Chromosomensatz neben Zellen mit einer Abweichung hiervon bezeichnet man als „Mosaik“. Mosaik mit einem geringen Prozentsatz an veränderten Zellen, sog. niederfrequente Mosaik, können mittels Array-CGH nicht nachgewiesen werden.
- Auch balancierte Translokationen können mittels Array-CGH nicht nachgewiesen werden. Bei einer Translokation haben Umlagerungen von Chromosomenbruchstücken an ein anderes Chromosom stattgefunden. Bleibt die Menge des genetischen Materials bei solchen Umlagerungen gleich, so spricht man von einer balancierten Translokation.

Werden in der Array-CGH Chromosomenveränderungen nachgewiesen, so wird zur Abschätzung ihrer Konsequenzen versucht, vergleichbare, in der Literatur beschriebene Fälle heranzuziehen. Entsprechende Datenbanken befinden sich noch im Aufbau. Bei der Interpretation der nachgewiesenen Veränderungen ist die Kenntnis der klinischen Daten eines Patienten besonders wichtig. Wir bitten daher um entsprechende Angaben bei der Anforderung einer solchen Untersuchung.

Indikation für Array-CGH

Die Array-CGH erfordert einen besonderen Untersuchungsaufwand. Für eine möglichst rationale Diagnostik ist daher eine sorgfältige Indikationsstellung notwendig. Postnatale Indikationen sind laut aktuellem EBM:

- Isolierte Intelligenzminderung bei einem Kind > 3 Jahren (IQ Test < 70)
- Geistige Behinderung mit Dysmorphiezeichen in mind. zwei Systemen
- Tiefgreifende Entwicklungsstörung des Autismus-Formenkreises

- Fehlbildungen/schwere Funktionsstörung des Gehirns unbekannter Ursache
- Multiple angeborene Fehlbildungen
- Multiple dysmorphologische Merkmale bei unauffälligem Karyotyp

Im Pränatalbereich stellt die Array-CGH derzeit keine Regelleistung der GKV dar. Um in begründeten Einzelfällen eine Kostenübernahme durch die jeweilige Krankenkasse zu klären, lassen wir Ihnen gerne einen Kostenvorschlag zukommen. Indikationen für eine pränatale Array-CGH sind:

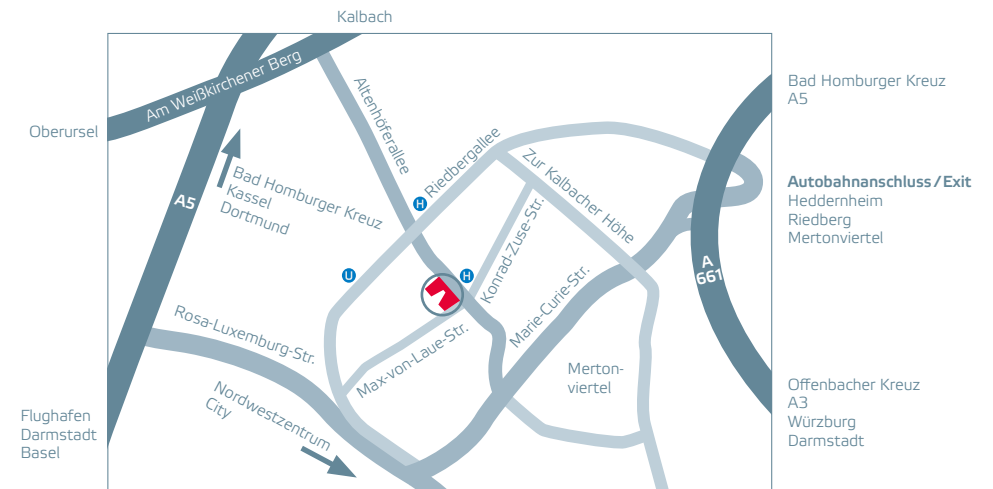
- Eindeutige Ultraschallauffälligkeiten
- Verdacht auf einen unbalancierten Karyotyp nach unauffälliger pränataler Chromosomenanalyse

In der Präimplantationsdiagnostik (PID) kann bei Trägern balancierter Translokationen eine Array-CGH an Trophoektodermzellen und Polkörperchen angewendet werden.

Referenzen

- (1) Rauch A. Molekulare Karyotypisierung in der klinischen Diagnostik. Med Gen 2008;20: 386-394.
- (2) Koolen DA, Pfundt R, de Leeuw N et al. Genomic microarrays in mental retardation: a practical workflow for diagnostic applications. Hum Mutat 2009; 30: 283-292.
- (3) Miller DT, Adam MP, Aradhya S et al. Consensus statement: chromosomal microarray is a first-tier clinical diagnostic test for individuals with developmental disabilities or congenital anomalies. Am J Hum Genet 2010;86: 749-764.

bio.logis Zentrum für Humangenetik
am FIZ Frankfurter Innovationszentrum Biotechnologie



Anreise mit dem Auto:

A5 Richtung Bad Homburg • Ausfahrt Bad Homburger Kreuz auf die A 661 Richtung Offenbach • Ausfahrt Hedderheim • an der zweiten Ampel rechts in die Altenhöferallee abbiegen • direkt nach dem Kreisell befindet sich das FIZ auf der linken Seite

Aus Richtung Norden

A 661 Richtung Offenbach • Ausfahrt Hedderheim • weiter wie oben

Aus Richtung Süden

A 661 Richtung Bad Homburg • Ausfahrt Hedderheim • weiter wie oben

Aus Richtung Wiesbaden

A 66 Richtung Frankfurt • Ausfahrt Frankfurt/Main Miquelallee in Richtung Oberursel, Bad Homburg, Nordweststadt • der Rosa-Luxemburg-Straße folgen • Ausfahrt Mertonviertel, Riedberg • an der ersten Ampel links in die Altenhöferallee abbiegen • weiter wie oben

Parkmöglichkeiten

Parkbuchten vor dem Haupteingang
Tiefgarage (Einfahrt: am Kreisell in Richtung Max von Laue Straße, nach 50 Metern rechts)

Anreise mit öffentlichen Verkehrsmitteln:

Von U-Bahn-Station Hauptwache

- U1** Richtung Ginnheim • Ausstieg Nordwestzentrum
- U2** Richtung Bad Homburg, Gonzenheim • Ausstieg Sandelmühle • Bus 29 Richtung Frankfurt/Main Kalbach • Ausstieg Uni Campus Riedberg
- U3** Richtung Oberursel-Hohemark • Ausstieg Niederursel • U9 Richtung Nieder-Eschbach • Ausstieg Uni Campus Riedberg
- U8** Richtung Riedberg • Ausstieg Uni Campus Riedberg

Von Nordwestzentrum

- Bus 29** Richtung Frankfurt/Main Hohe Brück • Ausstieg Uni Campus Riedberg
- Bus 251** Richtung Kronberg im Taunus Berliner Platz • Ausstieg Max-Planck-Institut /FIZ

Von Hauptbahnhof bis Hauptwache

erreichbar über S1-S6; S8; S9; U4; U5



bio.logis Zentrum für Humangenetik

Prof. Dr. med. Daniela Steinberger
Fachärztin für Humangenetik

Altenhöferallee 3
60438 Frankfurt am Main
T + 49 69-5308437-0
F + 49 69-5308437-11
info@bio.logis.de
bio.logis.de

Autoren

Prof. Dr. med. Daniela Steinberger
Dr. biol. hum. Jochen Bruch
Dr. med. Stefanie Groß
Dr. phil. Maike Post

akkreditiert durch:
College of American Pathologists (CAP)