

A KÁBITÓSZERFÜGGÉS GENETIKAI HÁTTERÉNEK VIZSGÁLATI MÓDSZEREI

Boór Krisztina¹, Gaszner Péter², Barta Csaba³, Kalász Huba¹, Sasvári-Székely Mária³

¹Semmelweis Egyetem, Farmakológiai és Farmakoterápiás Intézet

²Országos Pszichiátriai és Neurológiai Intézet

³Semmelweis Egyetem, Orvosi Vegytani, Molekuláris Biológiai és Pathobiokémiai Intézet

METHODS TO INVESTIGATE THE GENETIC BACKGROUND OF DRUG ADDICTION

The knowledge of the sequence of humane genome and the rapid development of molecular genetic techniques have opened up a new prospect not only to rare, monogenetic disorders but to the investigation aiming to map the genetic background of frequent, complex diseases. Using different techniques, several sequence variants have been identified on genes which may count with minimal effect separately but together may significantly increase or decrease the risk of the development of a disease characterized by complex phenotype feature, like drug addiction.

The next few pages give an overview of the most frequently used methods in the study of genetic risk factors involved in the susceptibility for drug dependence. Results of classic genetic analyses show that besides the environmental factors, the contribution of genetic components is also significant in the development of dependence (40-60%). Studies applying recent methodological advances of molecular genetics are aiming at identifying genetic variants involved in the development of drug abuse. Results from our laboratory support the view that genetic polymorphisms of the dopaminergic and serotonergic systems can play a role in the development of substance dependence.

KEYWORDS: drug addiction - genetic risk factors - association studies - dopamine - serotonin

ÖSSZEFOGLALÁS

A humán genom szekvenciájának megismerése és a molekuláris genetikai technikák rohamos fejlődése a ritka, monogénes betegségek mellett a gyakori, komplex betegségek genetikai hátterének megismerését célzó vizsgálatok számára is új távlatokat nyitott. Különböző módszerekkel számos génen azonosítottak olyan szekvencia variánsokat, melyek ugyan minimális hatással, de együttesen már jelentős mértékben megnövelhetik, illetve csökkenthetik a kockázatát annak, hogy egy komplex fenotípusos jegyekkel jellemezhető betegség, például a kábítószer-függőség kialakuljon. A következő néhány oldal áttekintést nyújt azokról a leggyakoribb módszerekről, melyekkel a kábítószerfüggésre való hajlam genetikai rizikófaktorait kutatják. A klasszikus genetikai vizsgálatok eredményei azt mutatják, hogy a függőség kialakulásában a környezeti tényezők mellett jelentős genetikai hatás (40-60%) is található. A molekuláris genetika újabb módszereit felhasználó kutatások azonosítani kívánják azokat a génváltozatokat, melyek a drogfüggőség kialakulásában szerepet játszhatnak. Munkacsoportunk eredményei alátámasztják azt a nézetet, miszerint a dopaminerg és a szerotoninerg rendszer genetikai polimorfizmusai szerepet játszhatnak a drogfüggőség kialakulásában.

KULCSSZAVAK: kábítószerfüggőség, genetikai rizikófaktorok, asszociáció analízis, dopamin, szerotonin
