

Überraschendes aus der Mikrobiomforschung

Menschliches Genom hat mehr Einfluss auf Darmflora als gedacht

Im menschlichen Darm lebt eine Vielzahl von unterschiedlichen Bakterien, die einen wichtigen Einfluss auf unsere Gesundheit haben. Um das komplexe Zusammenspiel und den Einfluss der menschlichen Darmflora auf die Entstehung von Krankheiten besser zu verstehen, wurde jetzt in der bislang größten Studie dieser Art die Zusammensetzung der Darmbakterien von über 1800 Norddeutschen untersucht [1]. Dabei wurden eine Reihe von Faktoren wie Ernährung, Lebensgewohnheiten und genetische Variationen identifiziert, welche die Zusammensetzung des Darmmikrobioms beeinflussen.

Bild: istockphoto

Genom beeinflusst rund 10% der Bakterienvielfalt im Darm

Insgesamt beeinflussen demnach 42 Bereiche im humanen Genom die Vielfalt der Darmflora. 42 weitere haben darüber hinaus einen Einfluss auf das Vorkommen und die Häufigkeit bestimmter Bakterienarten im Verdauungstrakt. Insgesamt sind diese genetischen Faktoren für rund 10% der Bakterienvielfalt im Darm verantwortlich. „Dass unser Genom einen so großen Einfluss auf die Darmbakterien hat, war eine große Überraschung für uns“, sagte der Studienleiter Prof. Andre Franke, Kiel. Ein spezielles Gen, das die Wissenschaftler identifiziert haben, ist besonders interes-

sant: Es kodiert für den Vitamin-D-Rezeptor, der Gallensäuren bindet, die wiederum für die Fettverdauung wichtig sind. „Den Einfluss jedes einzelnen von uns identifizierten Faktors wollen wir nun genauer untersuchen“, sagte Louise Thingholm, Kiel, die Hauptautorin der Studie.

Literatur

- 1 Wang J et al. Nature Genetics 2016 Oct 10; doi: 10.1038/ng.3695 [Epub ahead of print]

Quelle: Presseinformation „Unsere Gene beeinflussen die Darmflora: Überraschende Erkenntnisse aus der Mikrobiom-Forschung“ vom 10.10.2016, herausgegeben von der Christian-Albrechts-Universität zu Kiel