

Menschliches Erbgut beeinflusst Darmflora

Risikogene und Bakterien spielen eine wichtige Rolle bei der Anfälligkeit für Darmerkrankungen wie Morbus Crohn. Bisher ist wenig bekannt darüber, wie sich die beiden Faktoren gegenseitig beeinflussen. Eine neue Erkenntnis über dieses Zusammenspiel von Genotyp und Darmflora haben jetzt John Baines und seine Kollegen vom Exzellenzcluster Entzündungsforschung gewonnen. Ihre Forschungsergebnisse zeigen, wie das Gen FUT2 auf die Bakteriengemeinschaften im Darm wirkt und was das für den Menschen bedeuten kann.

Das Gen FUT2 sorgt dafür, dass ABO-Blutgruppenantigene nicht nur im Blut, sondern auch in Körpersekreten, wie z.B. Tränen, Speichel und auch in der Darmschleimhaut zu finden sind. Darüber hinaus kann das Gen vor verschiedenen Infektionskrankheiten schützen. Ob sich diese Eigenschaft entfalten kann, hängt davon ab, ob ein Mensch eine funktionierende Genvariante von FUT2 trägt. Circa 80 Prozent der Bevölkerung besitzen diese Genvariante. Die übrigen 20 Prozent der Bevölkerung genießen aber ebenfalls Vorteile: Sie sind zum Beispiel besser geschützt gegen bestimmte Virenarten wie den Norovirus. Jedoch gibt es auch einen sehr großen Nachteil: Sie sind anfälliger für Morbus Crohn, eine der beiden häufigsten chronisch entzündlichen Darmkrankheiten, die bislang als nicht heilbar gilt.

Diese Eigenschaften des Gens FUT2 waren der Grund für John Baines vom Max-Planck-Institut für Evolutionsbiologie, Plön, Mitglied im Exzellenzcluster Entzündungsforschung an der Christian-Albrechts-Universität zu Kiel, sich intensiver mit dem Gen und seiner Wirkung im Darm zu beschäftigen. Da die im Darm angesiedelten Bakteriengemeinschaften für das Entstehen von Krankheiten eine wichtige Rolle spielen, standen besonders die Interaktionen von FUT2 mit den Darmbakterien im Mittelpunkt. Die Wissenschaftler vermuteten, dass etwaige Unterschiede in diesen Bakteriengemeinschaften die höhere Anfälligkeit für Morbus Crohn bei Menschen ohne eine funktionierende Variante von FUT2 erklären könnten.

In ihrer Studie mit 29 mit Morbus-Crohn-Patienten und 18 gesunden Probanden beobachteten die Forscher eindeutige Unterschiede innerhalb der Bakteriengemeinschaften, die von den verschiedenen FUT2-Varianten abhängig sind. Die bakteriellen Gemeinschaften sind nicht nur zwischen gesunden Personen und Morbus-Crohn-Patienten stark ausgeprägt, sondern sie werden auch von der Funktionstüchtigkeit des FUT2-Gens beeinflusst. So besitzen Menschen mit einem funktionierenden FUT2-Gen beispielsweise mehr Lactobacillus-Bakterien. Diesen Bakterien wird unter anderem eine probiotische Wirkung im Darm zugesprochen. „Die Veränderungen in der Zusammensetzung der Bakteriengemeinschaft könnten so die Träger zweier nicht funktionsfähiger FUT2-Gene anfälliger für Morbus Crohn machen, da wichtige Bakterien es nicht schaffen, solch

einen Darm zu kolonisieren“, erklärt John Baines.

Die Wissenschaftler führen das Ergebnis auf die Eigenschaft von FUT2 zurück, die Bildung bestimmter Zuckerketten, die als Blutgruppenantigene fungieren, zu regulieren. Denn die im Darm lebenden Bakteriengemeinschaften interagieren mit diesen Zuckerketten. Wahrscheinlich haben sich die Bakterien im Laufe ihrer Evolution an diese „Andockstellen“ bzw. „Nahrungsquellen“ angepasst. Ein Verlust dieses Faktors führt deshalb auch zu einem Verlust der daran angepassten Bakterien. „Die Darmflora wird also teilweise vom menschlichen Erbgut kontrolliert. Je mehr wir über die Zusammenhänge erfahren, desto mehr Möglichkeiten gibt es für eine bessere und individualisiertere Therapie und Prävention von Morbus Crohn“, sagt Baines.

Pressemitteilung

15.11.2011

Quelle: MPI für Evolutionsbiologie (10.11.11)

Weitere Informationen

Prof. John Baines
MPI für Evolutionsbiologie
Leiter der Arbeitsgruppe Evolutionäre Genomik
Tel.: +49 45 2276 - 3367
E-Mail: j.baines(at)iem.uni-kiel.de



MAX-PLANCK-GESELLSCHAFT