



Mikroben ganz persönlich

Das kollektive Genom unserer Darmbakterien ist individuell verschieden und bleibt über längere Zeit stabil

Heidelberg, 5. Dezember 2012 – Wir alle haben *E. coli* Bakterien in unserer Darmflora, doch ist die genetische Zusammensetzung dieser Bakterien bei jedem von uns ein bisschen anders. Das Gleiche gilt für die meisten Mikroben im Darm: unser persönliches Metagenom – das heißt die Summe der Genome aller unserer Darmmikroben – ist scheinbar individuell verschieden und die individuellen Bakterienvarianten bleiben über einen längeren Zeitraum hinweg stabil. Zum ersten Mal haben nun Wissenschaftler am Europäischen Laboratorium für Molekularbiologie (EMBL) dieses Metagenom mit so hoher Auflösung untersucht, dass individuelle Mutationen in verschiedensten Bakterienstämmen analysiert werden konnten. Die Ergebnisse der Studie, die heute in der Fachzeitschrift *Nature* veröffentlicht werden, könnten weitreichende Folgen für die Medizin haben, denn Mikroben nehmen im Darm wichtige Aufgaben wahr, wie zum Beispiel bei der Verdauung der Nahrung oder der Versorgung mit Vitaminen. Und als Träger von Mutationen können sie sogar an der Entstehung von Krankheiten beteiligt sein.

Die Wissenschaftler analysierten die Metagenome von 207 Personen aus Europa und den USA, indem sie über 7 Milliarden kleine DNA-Schnipsel von jeweils hundert Buchstaben Länge mit den Genomen der am häufigsten auftretenden Mikroben im Darm verglichen. "Diese breit angelegte Studie hat gezeigt, dass sich in unserem Darm eine unverwechselbare Kombination von Bakterienstämmen und individuellen Mutationen befindet. Und deren Zusammensetzung bleibt über längere Zeit stabil – zumindest solange wir gesund sind," so Peer Bork, der die Studie am EMBL leitete. "Das ist vergleichbar mit einem zweiten individuellen genetischen Code, der möglicherweise jedoch nicht von den Eltern geerbt, sondern in frühester Kindheit umweltbedingt erworben wurde."

Beim Vergleich einzelner personenbezogener Mutationen über einen bestimmten Zeitraum hinweg stellten die Wissenschaftler fest, dass die Zusammensetzung des Metagenoms gesunder Menschen mindestens ein Jahr lang unverändert blieb. Trotzdem fanden sie lediglich geringfügige geographische Unterschiede zwischen den Metagenomen von Europäern

und Nordamerikanern, was darauf schließen lässt, dass ein gradueller Austausch dennoch stattfinden kann.

Bei jedem der Probanden wurden ca. 6 Milliarden DNA-Basenpaare des Metagenoms der Darmflora analysiert, die Zahl liegt damit deutlich über den 3,3 Milliarden Basenpaaren der menschlichen DNA, die uns von unseren Eltern vererbt werden. Sie können Hunderten von Mikroben zugeordnet werden, die jeweils aus Tausenden von unterschiedlichen Stämmen oder Bakterienvarianten bestehen, was die Zuordnung der einzelnen DNA-Schnipsel des Metagenoms zu ihrer entsprechenden Position im jeweiligen Bakteriengenom so außerordentlich komplex macht. Um diesen Durchbruch zu erzielen, mussten die Wissenschaftler zunächst eine Reihe neuer computergestützter Verfahren entwickeln, um so die Auflösung bis hin zu einzelnen Basenpaaren zu erreichen. Im Rahmen der aktuellen Studie wurden bei den 207 Probanden über 10 Millionen Mutationen bei einzelnen Basenpaaren entdeckt.

Die Daten sind im Detail in öffentlichen Datenbanken, wie zum Beispiel der dbSNP, gespeichert und somit der wissenschaftlichen Gemeinschaft frei zugänglich. Die Forschungsergebnisse könnten weitreichende Folgen für die Entwicklung neuer Ansätze bei der Erkennung von Darmkrankheiten, Pathogenen oder Antibiotikaresistenzen haben und eventuell sogar individuelle Therapien ermöglichen. ●

Quelle

Genomic variation landscape of the human gut microbiome

Siegfried Schloissnig, Manimozhiyan Arumugam, Shinichi Sunagawa, Makedonka Mitreva, Julien Tap, Ana Zhu, Alison Waller, Daniel R. Mende, Jens Roat Kultima, John Martin, Karthik Kota, Shamil R. Sunyaev, George M. Weinstock and Peer Bork. *Nature*, Advanced online Publication: 5 December, 2012

Kontakt:

Lena Raditsch, Head of Communications, EMBL Heidelberg, Germany, Tel: +49 6221 387 8125, www.embl.org, lana.raditsch@embl.de

Über EMBL

Das Europäische Laboratorium für Molekularbiologie (EMBL) ist ein Grundlagenforschungsinstitut, das sich über öffentliche Forschungsgelder aus 20 Mitgliedstaaten und Australien als assoziiertem Mitglied finanziert (Belgien, Dänemark, Deutschland, Finnland, Frankreich, Griechenland, Großbritannien, Irland, Island, Israel, Italien, Kroatien, Luxemburg, Niederlande, Norwegen, Österreich, Portugal, Schweden, Schweiz und Spanien). Etwa 85 unabhängige Forschungsgruppen arbeiten am EMBL zu Themen des gesamten Spektrums der Molekularbiologie. Das Institut ist in fünf Einheiten gegliedert: das Hauptlaboratorium in Heidelberg (900 Mitarbeiter) sowie Außenstellen in Hinxton (Europäisches Bioinformatik-Institut) (400 Mitarbeiter), Grenoble (70 Mitarbeiter), Hamburg (100 Mitarbeiter) und Monterotondo bei Rom (65 Mitarbeiter). Die Kernaufgaben des EMBL sind: molekularbiologische Grundlagenforschung; Ausbildung von Studenten, Wissenschaftlern und Gastwissenschaftlern; Serviceleistungen für Wissenschaftler in den Mitgliedstaaten; Entwicklung neuer Instrumente und Methoden für die Biowissenschaften sowie aktiver Technologietransfer. Im internationalen Doktorandenprogramm des EMBL forschen rund 190 Studenten. Darüber hinaus fördert das Institut den Austausch mit der Öffentlichkeit durch Vortragsreihen, Besucherprogramme und aktive Wissenschaftskommunikation.

Nutzungsbedingungen

EMBL Pressemitteilungen, Photos, Grafiken und Videos unterliegen dem EMBL copyright. Sie können für nicht-kommerzielle Nutzung frei reproduziert und verbreitet werden. Wir bitten um Nennung der Autoren und Institution.