

Asthma bei Kindern: Darmmikrobiota in Prävention und Diagnostik einbeziehen

Datum: 17.04.2026

Original Titel:

Gut microbiota and childhood asthma: A 2-sample bidirectional Mendelian randomization study

Kurz & fundiert

- Zusammenhang zwischen Darmmikrobiota und Asthma im Kindesalter?
- Mendelsche Randomisierungsanalyse, Forschungsteam aus China
- Bestimmte Bakteriengruppen im Darm signifikant mit reduziertem Risiko für kindliches Asthma assoziiert
- Einzelne Bakterienarten mit höherem Asthmarisiko bei Kindern assoziiert
- Potenzial für neue Präventions- und Diagnosestrategien für Asthma im Kindesalter

MedWiss - Daten einer Genetikstudie zeigen, dass bestimmte Bakterien des Darmmikrobioms mit einem verringerten Risiko für kindliches Asthma assoziiert sind, während andere Bakterien in Zusammenhang mit höherem Risiko stehen. Diese Ergebnisse eröffnen laut der Autoren neue Perspektiven für Prävention und Diagnostik von kindlichem Asthma.

Eine mögliche kausale Beziehung zwischen Darmmikrobiota und Asthma im Kindesalter wird in der Wissenschaft diskutiert. Um diesen potenziellen Zusammenhang zu untersuchen, wurde eine bidirektionale Mendelsche Randomisierungsanalyse mit zwei Stichproben durchgeführt.

Verursacht die Zusammensetzung des Darmmikrobioms Asthma bei Kindern?

Die mendelsche Randomisierung nutzt genetische Varianten, um kausale Zusammenhänge zwischen Darmmikrobiom und Asthma zu prüfen, unabhängig von Störfaktoren. Grundlage für die Analyse waren öffentlich zugängliche Daten aus genomweiten Assoziationsstudien.

Genetikstudie in Form einer mendelschen Randomisierungsanalyse

Die Mendelsche Randomisierungsanalyse zeigte eine potenziell kausale Beziehung zwischen Darmmikrobiota und kindlichem Asthma. Genetisch vorhergesagte Bakterien wie Klasse Coriobacteriia (Odds Ratio, OR: 0,807; 95 % Konfidenzintervall, KI: 0,661 - 0,986; p = 0,036), Familie Coriobacteriaceae (OR: 0,807; 95 % KI: 0,661 - 0,986; p = 0,036), Gattung Bilophila (OR: 0,825; 95 % KI: 0,684 - 0,995; p = 0,044) und Ordnung Enterobacteriales (OR: 0,807; 95% KI: 0,661 - 0,986; p = 0,036) waren mit einem verringerten Risiko für Asthma bei Kindern verbunden.

Dagegen war die Gattung *Catenibacterium* (OR: 1,201; 95 % KI: 1,017 - 1,418; p = 0,031) positiv mit einem erhöhten Risiko assoziiert.

Die reverse Mendelschen Randomisierungsanalyse ergab, dass folgende mikrobielle Gemeinschaften signifikant negativ mit kindlichem Asthma korrelierten:

- *Blautia*: OR: 0,953; 95 % KI: 0,910 - 0,999; p = 0,046
- *Marvinbryantia*: OR: 0,930; 95 % KI: 0,881 - 0,981; p = 0,008
- *Ruminococcus1*: OR: 0,951; 95 % KI: 0,908 - 0,996; p = 0,032
- *Tyzzarella3*: OR: 0,896; 95 % KI: 0,808 - 0,994; p = 0,039
- Stamm *Lentisphaerae*: OR: 0,917; 95 % KI: 0,841 - 1,000; p = 0,049

Darmmikrobiom hat Potenzial für Prävention und Diagnostik von kindlichem Asthma

Die Ergebnisse der Analyse unterstützen laut der Studienautoren eine mögliche kausale Rolle mikrobieller Gemeinschaften im Darm für die Entstehung von Asthma im Kindesalter. Umgekehrt sprechen die Ergebnisse der reversen mendelschen Randomisierungsanalyse gegen eine kausale Wirkung von Asthma auf die Darmmikrobiota. Dieses Wissen könnte den Weg für neue präventive Strategien, die gezielt die Darmmikrobiota beeinflussen sowie für biomarkerbasierte diagnostische Ansätze bei Kindern ebnen, so das Fazit der Autoren.

Referenzen:

Li Y, Li D, Fang M, Wu P, Zhang N, Li Y, Liu H, Dai X, Xu X. Gut microbiota and childhood asthma: A 2-sample bidirectional Mendelian randomization study. *Medicine (Baltimore)*. 2025 Aug 15;104(33):e44023. doi: 10.1097/MD.00000000000044023. PMID: 40826690; PMCID: PMC12366925.