

CED: Biologika-Therapieerfolg auf Basis von Darmbakterien vorhersagen

Datum: 25.08.2025

Original Titel:

Gut Microbial Signatures Associated With Clinical Remission in Inflammatory Bowel Disease Treated With Biologics: A Comprehensive Multi-Cohort Analysis

Kurz & fundiert

- Können mikrobielle Muster im Darm Therapieerfolg vorhersagen?
- Analyse der Darmmikrobiota von 231 Menschen mit CED unter Biologika-Therapie
- Signifikante Unterschiede in der mikrobiellen Vielfalt zwischen CED-Patienten mit und ohne Remission
- 10 Bakteriengattungen wurden für das Vorhersagemodell verwendet
- Modell zeigte hohe Genauigkeit zur Vorhersage des Therapieerfolgs
- Mikrobielle Muster könnten für personalisierte Therapien genutzt werden

MedWiss - Aktuelle Forschungsdaten zeigen, dass bestimmte mikrobielle Muster im Darm mit einer klinischen Remission bei Menschen mit chronisch-entzündlichen Darmerkrankungen (CED) assoziiert sind. Ein Vorhersagemodell auf Basis dieser Mikrobiomdaten erreichte eine hohe Genauigkeit und könnte zukünftig personalisierte Therapien ermöglichen.

Die Beziehung zwischen der Zusammensetzung der Darmmikrobiota und dem Ansprechen auf eine Biologika-Behandlung bei chronisch-entzündlichen Darmerkrankungen ist bisher nur unzureichend verstanden. Das Ziel einer Studie aus China war es, mikrobielle Muster zu identifizieren, die mit einer klinischen Remission assoziiert sind.

Zusammensetzung der Darmmikrobiota: Relevant für Therapiewirkung?

Es wurden 16S-rRNA-Gensequenzdaten aus 2 öffentlichen Kohorten (n = 231) analysiert. Die Probanden wurden mit Biologika behandelt (Infliximab: n = 23; Adalimumab: n = 22; Ustekinumab: n = 186). Die mikrobielle Diversität und die taxonomische Zusammensetzung wurden zwischen der Remissions- und der Nicht-Remissionsgruppe verglichen. Ein Algorithmus wurde verwendet, um ein Vorhersagemodell basierend auf unterschiedlichen Bakteriengattungen und klinischen Merkmalen zu erstellen. Das Modell wurde in einer weiteren Kohorte validiert (n = 29).

Analyse verschiedener Kohorten zur Berechnung eines Vorhersagemodells

Es zeigten sich signifikante Unterschiede in der mikrobiellen Diversität (Alpha- und Beta-Diversität) zwischen den Gruppen mit und ohne Remission ($p < 0,05$). Für das Modell wurden die 10 wichtigsten Gattungen ausgewählt, die bei Menschen mit Remission vermehrt auftraten (Parabacteroides_B_862066, Agathobaculum, Ruminococcus_E, Sutterella, Clostridium_R_135822, Hominilimicola, Onthenecus, Butyricimonas, Bariatricus, Hominenteromicrobium). Das Vorhersagemodell zeigte eine hohe Genauigkeit (Fläche unter der Kurve, AUC: 0,895) und wurde in einer lokalen Kohorte validiert (AUC: 0,750).

Unterschiede zwischen Remission und Nicht-Remission: Grundlage für personalisierte Therapien bei CED?

Die Studienergebnisse zeigen, dass zwischen der Zusammensetzung der Darmmikrobiota und dem Ansprechen auf Biologika bei Menschen mit chronisch-entzündlichen Darmerkrankungen ein Zusammenhang besteht. Ein Vorhersagemodell auf Basis dieser Darmmikrobiota könnte laut der Autoren helfen, die Entwicklung von personalisierten Therapien zu ermöglichen.

Referenzen:

Zheng Q, Zhong Y, Lian H, Zhuang J, Wang L, Chen J, Wang H, Wang H, Ye X, Huang Z, Yang K. Gut Microbial Signatures Associated With Clinical Remission in Inflammatory Bowel Disease Treated With Biologics: A Comprehensive Multi-Cohort Analysis. United European Gastroenterol J. 2025 Jun 17. doi: 10.1002/ueg2.70064. Epub ahead of print. PMID: 40526755.