

## DNA-Modifikationen zeigen Anfälligkeit für allergische Erkrankungen

### **Forscher des CiiM und der Universität Groningen identifizieren Biomarker in den Atemwegen der Nase**

Die Häufigkeit von allergischen Erkrankungen wie Asthma und Rhinitis, einer Entzündung der Nasenschleimhaut, hat in den vergangenen Jahrzehnten stark zugenommen. Eine Kombination aus genetischen und Umweltfaktoren ist die Ursache der Krankheiten. Forscher des Zentrums für Individualisierte Infektionsmedizin (CiiM), einer gemeinsamen Einrichtung des Helmholtz-Zentrums für Infektionsforschung (HZI) in Braunschweig und der Medizinischen Hochschule Hannover (MHH), und der Universität Groningen haben eine Studie durchgeführt, um potenzielle Biomarker für diese Erkrankungen zu identifizieren. In einer Kohorte von mehr als 400 niederländischen Kindern fanden sie molekulare DNA-Veränderungen in den nasalen Atemwegen, die mit Asthma und Rhinitis assoziiert sind. Die Ergebnisse wurden im Journal of Allergy and Clinical Immunology veröffentlicht.

„Wir untersuchen chemische Modifikationen der DNA, die die Nukleotidsequenz nicht verändern. Diese epigenetischen Markierungen sind wichtige Regulatoren für die Aktivität der betroffenen Gene“, sagt Dr. Cheng-Jian Xu, der seit Juni 2019 die CiiM-Forschungsgruppe „Bioinformatik und Computergestützte Genomik“ leitet. Xu und sein Team konzentrieren sich auf ein besseres Verständnis von immunbedingten Krankheiten. Dafür verbinden die Forscher epigenetische Profile und Einzelzelltechnologien. Derzeit ist Xus Forschungsgruppe im TWINCORE – Zentrum für Experimentelle und Klinische Infektionsforschung angesiedelt, einer gemeinsamen Einrichtung der MHH und des HZI. In Zusammenarbeit mit Forschern der Universität Groningen und anderen internationalen Partnern analysierte Xu Zusammenhänge zwischen den epigenetischen Veränderungen in Zellen der nasalen Atemwege und dem Auftreten von allergischen Erkrankungen. „Anhand solcher Assoziationsstudien lässt sich bestimmen, wie epigenetische Faktoren mit Krankheiten zusammenhängen“, sagt Cancan Qi, Doktorandin in Xus Gruppe und Erstautorin der Studie. Die Forscher fanden unterschiedliche epigenetische Muster zwischen gesunden und an Asthma und Rhinitis leidenden Personen. Die DNA-Modifikationen können als Biomarker dienen, um das Auftreten der Krankheiten bei Kindern vorherzusagen.

Die Forscher fanden auch Hinweise darauf, dass der Kontakt mit Haustieren im frühen Alter möglicherweise das Risiko verringert, Asthma und Rhinitis zu entwickeln. Die Modifizierung eines Gens, das in Zellen der nasalen Atemwege hochaktiv ist, ist verantwortlich für den Effekt. „Unsere Studie zeigt einen molekularen Mechanismus, durch den ein Umweltfaktor die Entwicklung von Asthma und Rhinitis beeinflusst. Dies trägt zu einem besseren Verständnis dieser sehr komplexen Krankheiten bei“, sagt Xu.

### **Originalpublikation:**

Cancan Qi\*, Yale Jiang\*, Ivana V. Yang, Erick Forno, Ting Wang, Judith M. Vonk, Ulrike Gehring, Henriëtte A. Smit, Edith B. Milanzi, Orestes A. Carpaij, Marijn Berg, Laura Hesse, Sharon Brouwer, Jonathan Cardwell, Cornelis J. Vermeulen, Edna Acosta-Pérez, Glorisa Canino, Nadia Boutaoui, Maarten van den Berge, Sarah A. Teichmann, Martijn C. Nawijn, Wei Chen, Juan C. Celedón+,

Cheng-Jian Xu+, Gerard H Koppelman+. (\*trugen zu gleichen Teilen als Erstautoren bei, + trugen zu gleichen Teilen als Seniorautoren bei)  
Nasal DNA methylation profiling of asthma and rhinitis.  
Journal of Allergy and Clinical Immunology (2020)  
<https://doi.org/10.1016/j.jaci.2019.12.911>