

Proteinkartierung afrikanischer Genome eröffnet neue Perspektiven im Kampf gegen Typ-2-Diabetes

New Research Findings, Diabetes, Computational Health, ITG

Erstmals haben Forschende in großem Umfang untersucht, wie Plasmaproteine mit genetischen Varianten bei Menschen afrikanischer Herkunft zusammenhängen. Damit rücken Bevölkerungsgruppen in den Fokus, die in der medizinischen Forschung bislang stark unterrepräsentiert waren. Die Ergebnisse könnten dazu beitragen, Typ-2-Diabetes früher und präziser zu diagnostizieren – und Therapien zu entwickeln, die gezielter auf afrikanische Patient:innen zugeschnitten sind. Die Studie wurde von Helmholtz Munich in Zusammenarbeit mit der Queen Mary University of London, der Technischen Universität München, dem Medical Research Council/Uganda Virus Research Institute sowie der London School of Hygiene & Tropical Medicine Uganda Research Unit durchgeführt.

Typ-2-Diabetes in Afrika bleibt oft unerkannt

Typ-2-Diabetes (T2D) entwickelt sich in Subsahara-Afrika zunehmend zu einem ernsthaften Gesundheitsproblem, wird jedoch häufig nicht erkannt oder falsch diagnostiziert. Ein wesentlicher Grund dafür ist, dass viele der bislang verwendeten Diagnosemarker, wie etwa das glykierte Hämoglobin (HbA1c), ursprünglich in europäischen Populationen entwickelt wurden. Aufgrund genetischer und biologischer Unterschiede sind sie bei afrikanischen Bevölkerungsgruppen möglicherweise weniger zuverlässig. Bislang fehlen groß angelegte genetische und proteomische Studien in Afrika, was zu erheblichen Wissenslücken bei der Entwicklung wirksamer Diagnose- und Therapieansätze für diese Gemeinschaften führt.

„Indem wir afrikanische Populationen gezielt in den Fokus rücken, gewinnen wir biologische Erkenntnisse, die in der globalen Diabetesforschung bislang gefehlt haben“, erklärt Dr. Opeyemi Soremekun, Erstautor der Studie und Postdoktorand bei Helmholtz Munich. „Unsere Ergebnisse zeigen: Ein ‚One-size-fits-all‘-Ansatz reicht bei Diagnose und Behandlung nicht aus – wir brauchen Lösungen, die der Vielfalt der menschlichen Biologie gerecht werden.“

Einzigartige Proteinmuster liefern neue Erkenntnisse über Typ-2-Diabetes

Durch die Kombination genomischer Daten mit Plasmaproteom-Analysen einer ugandischen Kohorte haben Forschende fast 400 genetische Regionen identifiziert, die die Konzentration zirkulierender Proteine beeinflussen – darunter 58, die bislang bei Menschen afrikanischer Abstammung unbekannt waren. Zudem wurden 18 Proteine entdeckt, die vermutlich kausal mit Typ-2-Diabetes in Verbindung stehen. Einige davon könnten bereits durch bestehende Medikamente gezielt beeinflusst werden.

Besonders bemerkenswert: Mehrere Proteine (darunter Apolipoprotein F und Lipoproteinlipase) zeigten bei den ugandischen Teilnehmenden einzigartige Muster, die bei europäischen Populationen nicht beobachtet wurden. Dies unterstreicht die Relevanz populationspezifischer Erkenntnisse. Die Ergebnisse vertiefen nicht nur das Verständnis der biologischen Grundlagen von Typ-2-Diabetes, sondern stellen der internationalen Forschungsgemeinschaft auch einen öffentlich zugänglichen

Datensatz zur Verfügung.

„Unsere Analyse hat Proteinveränderungen und genetische Signale aufgedeckt, die spezifisch für Populationen afrikanischer Abstammung sind“, erklärt Prof. Segun Fatumo, Vorsitzender des Precision Healthcare University Research Institute an der Queen Mary University of London. „Die Ergebnisse zeigen potenzielle neue Biomarker für Typ-2-Diabetes auf und eröffnen Wege für Therapien, die gezielt auf die biologischen Profile dieser Gemeinschaften zugeschnitten sind.“

Forschung auf ganz Afrika ausweiten

Das Forschungsteam plant, seine Arbeit auf weitere afrikanische Bevölkerungsgruppen auszudehnen. Die genetische, kulturelle, ernährungs- und umweltbedingte Vielfalt des Kontinents zeigt deutlich, dass Typ-2-Diabetes keinem einheitlichen biologischen Muster folgt. Eine detaillierte Kartierung dieser Unterschiede könnte dazu beitragen, repräsentative Biomarker und maßgeschneiderte Therapieansätze zu entwickeln – und so letztlich Millionen Menschen eine präzisere und wirksamere Gesundheitsversorgung ermöglichen.

„Unsere Ergebnisse legen den Grundstein für zukünftige klinische Anwendungen – von verbesserten Diagnosemarkern bis hin zu potenziellen therapeutischen Zielstrukturen“, sagt Prof. Eleftheria Zeggini, Direktorin des Instituts für Translationale Genomik bei Helmholtz Munich und Professorin an der Technischen Universität München. „Indem wir genetische Vielfalt in der Forschung berücksichtigen, kommen wir einer Präzisionsmedizin, die für alle funktioniert, einen großen Schritt näher.“

Original-Publikation

Soremekun et al., 2025: Linking the plasma proteome to genetics in individuals from continental Africa provides insights into type 2 diabetes pathogenesis. Nature Genetics.

DOI: [10.1038/s41588-025-02421-w](https://doi.org/10.1038/s41588-025-02421-w)