Az iparosodott életmód nyomot hagy az emberi bélbaktériumok genomjában

Az iparosodott társadalmakban élő emberek bélbaktériumai nagyobb génkészletet hordoznak, és a többletgének jelentős részét a közelmúltban más mikrobáktól szerezték meg. A Cell folyóiratban megjelent nemzetközi tanulmány közel hatezer baktériumgenom összehasonlításával mutatta ki, hogy az iparosodott életmóddal együtt járó környezet a bélbaktériumok evolúciójában is felismerhető nyomot hagy. A kutatásban Szöllősi Gergely, a HUN-REN Ökológiai Kutatóközpont Evolúciótudományi Intézetének tudományos főmunkatársa is részt vett.

Nemcsak az számít, milyen baktériumok élnek bennünk

A bélrendszerünkben élő mikroorganizmusok közösségét számos tényező alakítja. Az étrend, a higiéniai körülmények és a gyógyszerhasználat jelentősen különbözhet az iparosodott és a nem iparosodott társadalmakban, és régóta ismert, hogy ezek a különbségek a bélmikrobiom összetételével is összefüggnek. Más szóval: nem mindenütt ugyanazok a baktériumok és nem ugyanolyan arányban élnek az emberi szervezetben.

A mostani kutatás egy lépéssel tovább ment. A kutatók arra keresték a választ, hogy nemcsak a baktériumközösség összetétele változik-e, hanem maguknak a baktériumoknak a genomja, vagyis teljes örökítő információja is felismerhető módon különbözik-e az eltérő életmódú emberi közösségekben. Az eredmények szerint igen: egymástól független baktériumfajokban is hasonló evolúciós mintázatok rajzolódtak ki.

Közel hatezer genom és tíz baktériumfaj

A nemzetközi kutatócsoport nem kizárólag székletmintákból kinyert DNS-töredékekből összeállított genomokra támaszkodott. A baktériumokat laboratóriumban is kitenyésztették, ami lehetővé tette a genomok pontosabb vizsgálatát, valamint a funkcionális elemek és a horizontális génátadások jobb felismerését.

A kutatók 1841 újonnan meghatározott genommal bővítették az adatbázist, és összesen 5981 baktériumgenomot elemeztek 9 ország 56 donorától. Tíz olyan baktériumfajra összpontosítottak, amelyekből iparosodott és nem iparosodott életmódot folytató emberek szervezetéből is elegendő számú törzs állt rendelkezésre az összehasonlításhoz.

Mind a tíz vizsgált faj esetében az iparosodott társadalmakban élő emberekből származó törzsek hordoztak több fehérjekódoló gént; a különbség nyolc fajnál statisztikailag is szignifikáns volt. Ezeknek a törzseknek a génkészlete egymástól is változatosabbnak bizonyult.

Gének, amelyek egyik baktériumból a másikba kerülnek

A nagyobb génkészlet önmagában még nem árulja el, hogyan alakult ki. Elképzelhető, hogy a baktériumtörzsek a közelmúltban jutottak új génekhez, de az is, hogy a géneket már az őseik is hordozták, és az iparosodott környezet az ilyen törzsek fennmaradásának kedvezett.

A két lehetőség elkülönítéséhez a kutatók az egyes géncsaládok leszármazási fáit vetették össze a baktériumtörzsek evolúciós fáival. Ez az úgynevezett filogenetikai rekonciliáció megmutatta, hogy a génnyereségek jelentős része a törzsfák legfiatalabb ágain, vagyis evolúciós értelemben a

közelmúltban történt, és gyakoribb volt az iparosodott társadalmakból származó baktériumtörzsek evolúciós vonalain.

A génnyereségek 80–90 százaléka horizontális géntranszferhez köthető. A baktériumok tehát nem a szokásos módon, az őseiktől örökölték ezeket a géneket, hanem más mikrobáktól vették át őket. A gének mozgásában plazmidok, bakteriofágok és más mobilis genetikai elemek is szerepet játszhatnak. A horizontális géntranszfer a baktériumok evolúciójának egyik fontos motorja: segítségével olyan tulajdonságokhoz juthatnak, amelyek megváltozott környezetben előnyt jelenthetnek.

> „Azt már régóta tudjuk, hogy az életmódunk megváltoztatja, milyen baktériumok élnek bennünk. Most azt láttuk, hogy maguk a baktériumok is változnak, ráadásul egymástól független fajok hasonló módon: főleg úgy, hogy más mikrobáktól vesznek át géneket. Hogy ez mit jelent az egészségünkre nézve, azt még ki kell deríteni.” – mondta Szöllősi Gergely.

Hasonló válaszok egymástól független fajokban

A kutatók nemcsak a génkészlet bővülését figyelték meg, hanem a természetes szelekció nyomait is azonosították. Különösen érdekes, hogy több, egymástól független baktériumfajban hasonló funkciókhoz kapcsolódó változásokat találtak. Ezek között szerepeltek a stresszválasz, a sejtburok átalakítása és a központi anyagcsere folyamatai.

A változások többek között érintették a B12-vitamin előállításában részt vevő géneket, valamint a lipopoliszacharid nevű sejtfelszíni molekulához kapcsolódó géneket. A lipopoliszacharidot az emberi immunrendszer is felismeri, ezért ezek a genetikai eltérések hosszabb távon az ember és a bélmikrobiom kölcsönhatásának megértéséhez is fontosak lehetnek. A kutatás ugyanakkor nem bizonyít közvetlen egészségügyi hatást; ennek tisztázásához további vizsgálatok szükségesek.

Mit tudunk, és mit nem?

Az eredmények azt mutatják, hogy az iparosodott életmóddal együtt járó környezet és a bélbaktériumok genomjának evolúciója között következetes kapcsolat van. A tanulmányból azonban nem derül ki, hogy az étrend, a gyógyszerhasználat, a higiéniai körülmények vagy más tényezők közül pontosan melyik alakítja legerősebben ezt a folyamatot.

Az sem állítható még biztosan, hogy a nagyobb génkészlet önmagában alkalmazkodást jelent. Részben az is magyarázhatja, hogy az adott környezetben gyengébb szelekció hat a szükségtelenné vált gének eltávolítására. A vizsgálat tíz baktériumfajra terjedt ki, ezért azt is ellenőrizni kell, mennyire általánosíthatók az eredmények a bélmikrobiom többi tagjára.

Egy globális mikrobiomgyűjtemény tette lehetővé a kutatást

A vizsgálat adatai a Global Microbiome Conservancy, vagyis a GMbC gyűjteményéből származnak. A nemzetközi kezdeményezés egyik célja, hogy csökkentse a mikrobiom-kutatás földrajzi torzítását: jelenlegi tudásunk jelentős része ugyanis iparosodott országokban, főként európai származású népességek vizsgálatából származik.

A GMbC több mint 20 ország több mint 70 emberi közösségéből származó, kétezernél is több

mikrobiommintát őriz, biobankjában pedig több mint tízezer tenyésztett baktériumtörzs található. A kezdeményezés nyitott, nonprofit kutatási erőforrást épít, miközben a résztvevők a mintáik és az azokból kitenyésztett baktériumok tulajdonosai maradnak.

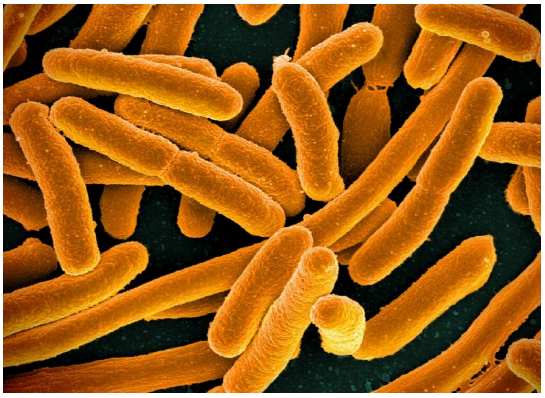
Magyar részvétel a nemzetközi kutatásban

A kutatást **Mathilde Poyet** és **Mathieu Groussin**, a Kieli Egyetem kutatói vezették **Eric Alm**, a Massachusetts Institute of Technology kutatójának közreműködésével. A tanulmány egyik szerzője **Szöllősi Gergely, a HUN-REN Ökológiai Kutatóközpont Evolúciótudományi Intézetének tudományos főmunkatársa**, aki az Okinavai Tudományos és Műszaki Egyetem Modellalapú Evolúciós Genomikai Egységét is vezeti.

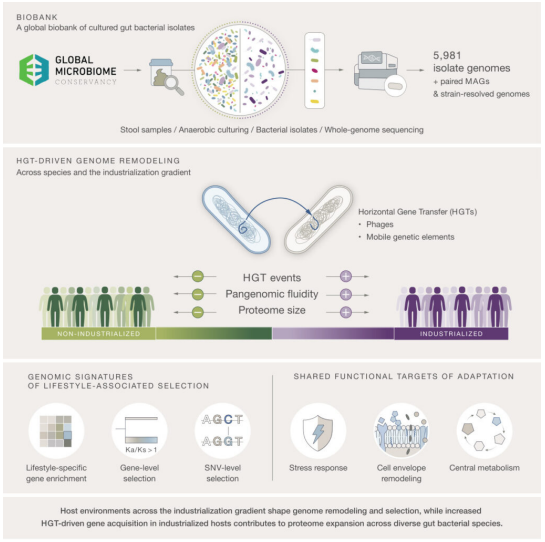
Publikáció
Malte Rühlemann, Yue Ma, Lénárd L. Szánthó és munkatársaik: Convergent genomic evolution of human gut bacteria along an industrialization gradient. Cell, online megjelenés: 2026. november 2. DOI: [10.1016/j.cell.2026.10.014](https://doi.org/10.1016/j.cell.2026.10.014)

Sajtókapcsolat:

- Tóth Réka, kommunikációs vezető
- toth.reka@ecolres.hun-ren.hu



© NIAID, CC BY 2.0.
Escherichia coli baktériumok színezett elektronmikroszkópos felvétele.



© Rühlemann et al., Cell (2026), https://doi.org/10.1016/j.cell.2026.10.014, CC BY 4.0.
Az iparosodott és nem iparosodott életmódot folytató emberek bélbaktériumainak genomját összehasonlító kutatás grafikai összefoglalója.

Eredeti tartalom: Ökológiai Kutatóközpont

Továbbította: Helló Sajtó! Üzleti Sajtószolgálat

Ez a sajtóközlemény a következő linken érhető el:
https://hellosajto.hu/?p=34240