

26 november 2013.

## Sleutels in de Darmen

**Gen-sequentie met hoge verwerkingssnelheid van 16S rRNA onthult veranderingen in de darmflora bij patiënten met Myalgische Encefalomyelitis/ Chronisch Vermoeidheids Syndroom.**

*Frémont M, Coomans D,  
Massast S, De Meirleir K.*



### Samenvatting

De darmflora van de mens speelt een belangrijke rol bij de instandhouding van zijn gezondheid doordat zij hem voorziet van energie, voedingsstoffen en immunologische bescherming.

Het verstoord functioneren van de darmen is een veel voorkomende klacht bij patiënten met Myalgische Encefalomyelitis/ Chronisch Vermoeidheids Syndroom (ME/cvs), en eerdere studies doen vermoeden dat een verstoring van het evenwicht tussen de organismen, ofwel de woekering van abnormale bacteriepopulaties in de darm, gekoppeld is aan de wijze van het ontstaan en de ontwikkeling van de ziekte.

We gebruikten gen-sequentie met hoge verwerkingssnelheid van 16S rRNA om het vóórkomen van specifieke veranderingen te onderzoeken in de darmflora van ME/cvs patiënten uit België en Noorwegen. 43 ME/cvs patiënten en 36 gezonde proefpersonen werden in de studie meegenomen.

Uit ontlastingsmonsters werd DNA van bacteriën gewonnen. Uit dit DNA kon men de 16S rRNA-gen groepen halen en vermenigvuldigen met polymerase-kettingreacties, ook wel PCR genoemd. De gevonden deeltjes werden in kaart gebracht met behulp van een machine (Roche FLX 454 sequencer).

De samenstelling van de darmflora verschilde tussen de Belgische en de Noorse controlegroep: de Noorse groep liet een duidelijk hoger percentage van Firmicutes- culturen (*Roseburia Holdemania*) zien en een lager percentage van de meeste bacteriën uit het Bacteroidetes-geslacht. Er kon een overduidelijke scheiding kon worden gemaakt tussen de Noorse controlegroep en de Noorse patiënten: bij patiënten bleek er een duidelijke stijging te zijn van hoeveelheden van de Lactonifactor en *Alistipes*, en een daling in diverse Firmicutes-culturen.

In Belgische studies was het verschil tussen de patiënten- en de controlegroep minder uitgesproken, hoewel abnormaliteiten die bij Noorse patiënten waren gevonden óók bij Belgische patiënten werden gevonden.

Deze resultaten laten zien dat de darmflora aan verandering onderhevig is bij ME/cvs.

Gen-sequentie met hoge verwerkingsnelheid is een geschikte methode om verstoringen te diagnosticeren bij patiënten, en kan helpen bij het ontwikkelen van behandelingen gebaseerd op veranderingen van de darmflora (door antibiotica, pre- en probiotica supplementen).

**Bron: : Anaerobe. 19 juni 2013. pii S1075-9964(13)00092. doi: 10.1016/j.anaerobe.2013.06.002 (Epub ahead of print)**

R.E.D. Laboratoriums NV, Z-1 Researchepark 100, 1731 Zellik, België.

Email adres: [mfremont@redlabs.be](mailto:mfremont@redlabs.be)

\* \* \*

### **Verklarende woordenlijst**

*Dysbiose*: verstoring van het evenwicht van organismen in een biotoop (hier de darmen)

*gen-sequentie met hoge verwerkingsnelheid*: een methode waarbij men op een snelle manier de basenparen kan uitvinden in DNA en RNA genen

*PCR of polymerase chain reaction*: een methode om uit zeer kleine hoeveelheden DNA specifiek een deel te multipliceren tot er genoeg van is om het te analyseren

*Ribosomen*: bolvormige structuren in het velplasma, die betrokken zijn bij de synthese van eiwitten

*rRNA*: ribosomaal RNA, vormt samen met bepaalde eiwitten ribosomen.