

7. Internationales Yakult-Symposium am 22./23. April in London Einfluss der intestinalen Mikrobiota auf die Gesundheit

Wir können nur gesund bleiben, wenn unsere Mikrobiota im Gleichgewicht ist. Das war die Kernbotschaft des 7. Internationalen Yakult Symposiums Ende April in London, bei dem Experten aus aller Welt den rund 300 Zuhörern ihre aktuellen Forschungsergebnisse präsentierten (*The Intestinal Microbiota and Probiotics: Exploiting Their Influence on Health*). Die Ernährung rückt dabei immer mehr in den Fokus der Forscher, denn das Nahrungsangebot steuert die Stoffwechselaktivität der Bakterien. Dass wir unser Konzept von gesunder Ernährung vermutlich in den nächsten Jahren komplett überdenken müssen, war deshalb eine weitere wichtige Botschaft.

Prof. Joël DORÉ vom agrarwissenschaftlichen Forschungsinstitut INRA (Frankreich) bezeichnete die intestinale Mikrobiota sogar als ein *Organ in einem Organ*. Es gäbe eine steigende Evidenz für wechselseitige Interaktionen zwischen der Mikrobiota und vielen physiologischen Vorgängen innerhalb und außerhalb des Gastrointestinaltrakts (GIT). DORÉ erläuterte,

dass die Mikroorganismen spezifische Funktionen ausüben, die unseren Stoffwechsel ergänzen und sowohl protektive als auch schädliche Auswirkungen haben können. Dabei kommunizieren unsere Körperzellen und die Mikroorganismen über Botenstoffe (z. B. Neurotransmitter), Metabolite (z. B. kurzkettige Fettsäuren) oder andere Substanzen (z. B. Enzyme wie Proteasen) miteinander.

Fortschritte in den Untersuchungsmethoden ermöglichen es inzwischen, das *Metagenom* (♦Glossar) der Mikrobiota zu erforschen. Findet man bei der Metagenom-Analyse der Darmbakterien eines Menschen eine niedrige Genanzahl (Hinweis auf eine geringe Artenzahl der Mikrobiota im Darm), so korreliert dies mit bestimmten Erkrankungen, erläuterte DORÉ. So erlitten Colitis-ulcerosa-Patienten häufiger Rückfälle, wenn ihre Mikrobiota eine niedrige Anzahl von Genen aufwies, und Adipositaspatienten hatten häufiger chronische Entzündungen und ein höheres Risiko für Komorbiditäten. Ob die niedrige Genanzahl in diesen

Fällen Ursache oder Folge der Erkrankungen ist, wird derzeit erforscht. Auf jeden Fall könnte das Artspektrum der Mikrobiota eine Stellschraube sein, die sich therapeutisch beeinflussen ließe, um den Teufelskreis der

Entzündung zu unterbrechen, so DORÉ.

Die Stoffwechselaktivität der Mikroorganismen wird zwar von ihren Genen gesteuert, hängt aber auch in hohem Maß

Glossar:

Anzahl der Gene: Seit Bestehen des Forschungsgebietes der Genetik hat sich sowohl der Begriff „Gen“ als auch die Einschätzung der Gesamtzahl von Genen eines bestimmten Lebewesens mehrfach gewandelt. Beim Menschen ging man zeitweise von > 100 000 Genen aus, derzeit wird eine Zahl von < 25 000 angenommen. Ein Grund dafür ist, dass durch Prozessieren der Erbsubstanz aus einem definierten Gen eine Vielzahl unterschiedlicher Genprodukte entstehen kann. Anders wäre z. B. die prinzipiell unendliche Zahl unserer Antikörper nicht denkbar.

Wenn im vorstehenden Mikrobiota-Beitrag von Gen-Anzahl gesprochen wird (> 3 Mio. Gene in Lit. [2]), so sind DNA-Abschnitte gemeint, die sequenziert wurden und (durch Vergleich mit Gendatenbanken) zumindest einem bekannten Genprodukt bzw. einem sog. Leseraster (Beginn und Stopp der Transkription in RNA) zugeordnet werden konnten. Dabei können theoretisch also sowohl sog. Allele (gleiches Genprodukt, andere DNA-Sequenz) das Zählergebnis erhöhen, als auch verschachtelte genetische Informationen (mehrere Genprodukte werden in einem Bereich überlappend codiert) zu geringen Schätzungen führen. Dennoch ist die gefundene Zahl als Maß für die genetische Vielfalt des Bakterienspektrums der Mikrobiota nützlich.

humoral: hier: an eine Körperflüssigkeit gebunden

Metagenom: die Summe aller genetischen Information aller Lebewesen einer Population bzw. eines Ökosystems

vom Nahrungsangebot ab. Deshalb rückt die Ernährung immer mehr in den Mittelpunkt des Interesses und war auch Gegenstand der sog. ELDERMET-Studie, die Prof. Paul O'TOOLE von der Universität Cork (Irland) vorstellte. Er berichtete, dass die Vielfalt an Mikroorganismen im GIT mit zunehmendem Alter abnimmt. Die Forscher beobachteten, dass die Zusammensetzung der Mikrobiota von Senioren vielfältiger war, wenn sie zuhause lebten und nicht in einem Seniorenheim. Selbst ein relativ kurzer Aufenthalt in einer Reha-Maßnahme führte zu Veränderungen der Bakterienvielfalt. Einen entscheidenden Einfluss hatte die Ernährung: Je abwechslungsreicher die Kost und je größer der Anteil an Gemüse und Obst, desto vielfältiger war die Bakterienwelt. O'TOOLE und seine Kollegen vermuten, dass v. a. die Art und Menge der aufgenommenen Ballaststoffe wichtig ist. Endprodukte des bakteriellen Ballaststoffab-

baus sind kurzkettige Fettsäuren wie Butyrat, Acetat und Propionat. Bei den selbstständig lebenden Senioren wiesen die Forscher höhere Konzentrationen an kurzkettigen Fettsäuren im Stuhl nach. Dies korrelierte auch mit ihrem Gesundheitszustand: Je gebrechlicher die Senioren waren, desto weniger kurzkettige Fettsäuren fanden die Wissenschaftler. Es ist allerdings auch hier noch unklar, was die Ursache und was die Folge ist.

Prof. Stephan C. BISCHOFF (Universität Stuttgart-Hohenheim) wies in seinem Vortrag auf die wichtige Funktion der intestinalen Barriere hin, die das Darm-lumen vom Inneren des Wirtes trennt. Sie beruht auf einem komplexen Zusammenspiel zwischen mechanischen (Mucus, Epithel), humoralen (Defensine, IgA) und immunologischen Elementen (Lymphozyten, angeborenes Immunsystem). Ist die Permeabilität der Darmbarriere

erhöht, kommt es zu einem intensiveren Austausch von Botenstoffen und zu einer erhöhten Aufnahme von Antigenen aus dem Darmlumen. Dies ist wahrscheinlich eine Mitursache für chronische Entzündungsprozesse. Der Verlust der Darmbarriere kann abrupt (z. B. bei einer Sepsis) oder schleichend erfolgen. Die Ursachen sind multifaktoriell. Neben den Genen spielen auch bestimmte Mikroorganismen und die Ernährung eine wichtige Rolle.

*Dr. Maike Groeneveld, Bonn
auf Einladung der Yakult
Deutschland GmbH*

Weiterführende Literatur:

1. Lepage P et al. (2012) A metagenomic insight into our gut's microbiome. URL: <http://gut.bmj.com/content/62/1/146> [doi:10.1136/gutjnl-2011-301805]
2. Projekt MetaHIT (Metagenomics of the Human Intestinal Tract) (2012) URL: www.metahit.eu/index.php?id=360

 Die Ernährung hat einen bedeutenden Einfluss auf die Mikrobiota und damit auf unsere Gesundheit. Diese Erkenntnis setzt sich langsam bei den Mikrobiologen, die die Bakterien im Gastrointestinaltrakt mit hochmodernen Methoden erforschen, durch. Umso wichtiger ist es, dass jetzt Ernährungswissenschaftler in die Forschung einbezogen werden, denn die Ernährung beschränkt sich nicht nur auf „low oder high fat diet“. Sie ist ein komplexes Geschehen, das nur Ernährungswissenschaftler in ihrer Tragweite überblicken können. Neben der Qualität der Nahrungsinhaltsstoffe (z. B. gesättigte/ungesättigte Fettsäuren, lösliche/unlösliche Ballaststoffe) spielen u. a. auch die Herstellung der Lebensmittel (roh/erhitzt/fermentiert) und die persönliche Lebensmittelhygiene bei der Zubereitung eine Rolle, um nur ein paar Beispiele zu nennen. Es wäre wünschenswert und für den Erkenntnisfortschritt der weiteren Forschungsaktivitäten sicher förderlich, wenn in Zukunft mehr Ernährungswissenschaftler beteiligt würden.

Dr. Maike Groeneveld, Bonn