

Press release**Christian-Albrechts-Universität zu Kiel****Eva Sittig**

11/05/2021

<http://idw-online.de/en/news778853>Research projects, Research results
Biology, Medicine
transregional, national**Was Zootiere über ein gesundes Mikrobiom lehren****Umfangreiche Vergleichsstudie an der CAU zur Zusammensetzung der Bakterienbesiedlung von Zootieren liefert neue Erkenntnisse über den Verlust an mikrobieller Vielfalt im menschlichen Körper**

Im Mittelpunkt der lebenswissenschaftlichen und medizinischen Forschung steht seit einigen Jahren die Frage, wie die in und auf einem Körper lebenden Mikroorganismen zentrale Lebensprozesse und damit Gesundheit und Krankheit ihres Wirtslebewesens beeinflussen. Wissenschaftlerinnen und Wissenschaftler unter anderem an der Christian-Albrechts-Universität zu Kiel (CAU) konnten zahlreiche Belege sammeln, dass es Zusammenhänge zwischen der Gesamtheit der mikrobiellen Besiedlung des Körpers, dem sogenannten Mikrobiom, und der Entstehung von Krankheiten gibt. Speziell chronisch-entzündliche Darmerkrankungen (CED) sind eng mit der Zusammensetzung und Balance des Mikrobioms verknüpft. Gemeinsam mit zahlreichen anderen sogenannten Umwelterkrankungen hat ihre Häufigkeit in den vergangenen Jahrzehnten stark zugenommen. Eine mögliche Ursache sehen Forschende im massiven Rückgang der mikrobiellen Artenvielfalt des menschlichen Mikrobioms. Dessen Verarmung geht vermutlich auf die radikale Änderung der Lebensbedingungen in der westlichen Gesellschaft zurück, die unter anderem von industriell hergestellten Lebensmitteln, umfassenden Hygienemaßnahmen, massiver Antibiotikanutzung und sozial isolierten Lebensweisen geprägt sind. Großes Potenzial sehen Forschende in künftigen Interventionen zur Wiederherstellung eines gesunden Mikrobioms. Wichtige Anhaltspunkte, um einen solchen gesunden Zustand zu definieren, liefern vergleichende Mikrobiomstudien - sowohl mit ursprünglich lebenden menschlichen Gesellschaften, als auch mit Tieren.

Forschende der CAU haben nun in einer umfangreichen Vergleichsanalyse im Rahmen des Sonderforschungsbereichs (SFB) 1182 „Entstehen und Funktionieren von Metaorganismen“ insgesamt 368 Stuhlproben von 38 verschiedenen Tierarten von Wiederkäuern bis hin zu Primaten analysiert, um die Einflüsse der evolutionären Verwandtschaftsverhältnissen der verschiedenen Arten untereinander und der äußeren Lebensbedingungen auf die Zusammensetzung des Mikrobioms zu untersuchen. Das Probenmaterial sammelten sie in sieben deutschen Zoos und verglichen es sowohl untereinander als auch mit menschlichen Proben, indem sie darin enthaltenen Mikrobenarten per Genomsequenzierung bestimmten und so jeweils die verschiedenen Mikrobiomzusammensetzungen der diversen Tierarten charakterisieren konnten. Das Forschungsteam vom Institut für Klinische Molekularbiologie (IKMB) unter Leitung von Professor Andre Franke stellte fest, dass das Vorkommen bestimmter Bakterienarten zum Beispiel bei einigen Affenarten aber auch beim Menschen zurückgeht und ihr Mikrobiom offenbar insbesondere in Anpassung an Veränderungen ihrer Lebensbedingungen verarmt. Ihre Ergebnisse veröffentlichten die Forschenden, die auch an der DFG-Forschungsgruppe miTarget beteiligt sind, kürzlich in der Fachzeitschrift BMC Microbiology.

Lebensweise beeinflusst das Mikrobiom bei Mensch und Tier

Die Zusammensetzung des Mikrobioms hängt von vielen verschiedenen Faktoren ab. Dazu zählen unter anderem die Ernährung, Umwelteinflüsse oder die Verwandtschaftsbeziehungen der Wirtslebewesen untereinander. Um ihre Daten unter kontrollierten Bedingungen gewinnen zu können, sammelten die Kieler Forschenden Proben von in Gefangenschaft lebenden und nach einheitlichen Standards gefütterten Tieren, unter anderem in Zoos in Hamburg, Berlin und Neumünster. Für die Wissenschaft sind solche Kooperationen von hohem Wert, da sie einfach zugängliches

Probenmaterial und damit wichtige Datenquellen für ein ganzes Spektrum von Forschungsfragen zur Verfügung stellen können. In der aktuellen Arbeit bildet das in den Zoos gesammelte Probenmaterial zum Beispiel die Grundlage einer neuartigen Biobank, die teilweise noch gänzlich unbekannte Mikrobenarten beinhaltet und daher von großem wissenschaftlichem Interesse ist. „Bei der Analyse der Mikrobiomdaten stellten wir zunächst fest, dass die Geografie keinen großen Einfluss auf die Bakterienbesiedlung des Darms zu haben scheint und die Zusammensetzung der Mikroorganismen weitgehend unabhängig vom Standort ist“, sagt Erstautorin Dr. Corinna Bang, Leiterin des Mikrobiomlabors am IKMB. „Die Phylogenie, also die evolutionären Verwandtschaftsverhältnisse von Lebewesen – und damit auch das eigene Erbgut – spielt dagegen grundsätzlich die wichtigste Rolle für die Mikrobiomkomposition. Je näher verschiedene Arten miteinander verwandt sind, desto ähnlicher ist auch ihr Mikrobiom, denn es hat sich über lange evolutionäre Zeiträume weitgehend parallel entwickelt“, so SFB 1182-Mitglied Bang weiter.

Unter gewissen Umständen kann es aber im Tierreich dazu kommen, dass dieser eigentlich bestimmende Faktor in den Hintergrund tritt und von den Auswirkungen spezieller Lebensbedingungen überlagert wird. Diesen Aspekt konnten die Forschenden des SFB 1182 nun beleuchten, als sie die Mikrobiomdaten bestimmter afrikanischer Affenarten mit jenen von Affen aus Südamerika verglichen. Obwohl sie relativ nah verwandt sind, weichen ihre Lebensweisen stark voneinander ab: Im Falle der afrikanischen Tiere leben sie in großen sozialen Verbänden am Boden, ihre südamerikanischen Verwandten leben, vor allem in Zoos, auf Bäumen in relativ isolierten Kleingruppen. Überraschenderweise spiegelten sich ihre gegensätzlichen Lebensweisen auch in deutlichen Unterschieden in der Zusammensetzung ihres jeweiligen Mikrobioms wider: „Die Unterschiede in der Lebensweise überlagern hier also den Einfluss der relativ engen Verwandtschaft. Konkret bedeutet dies, dass es bei den südamerikanischen Affen zu einem deutlichen Rückgang charakteristischer einzelner Bakterienarten im Vergleich mit den afrikanischen Tieren kommt. Wir vermuten, dass diese Verarmung ihres Mikrobioms mit ihrer vergleichsweise kontaktarmen Lebensweise zusammenhängt“, so Bang weiter.

In diesem Aspekt sehen die Kieler Forschenden eine wichtige Parallele zur Entwicklung des menschlichen Mikrobioms. „Der Verlust bestimmter Bakterienarten des Mikrobioms – insbesondere Spirochaeta und Prevotella, die bei der Verdauung ballaststoffreicher, pflanzlicher Nahrungsbestandteile helfen – ist nicht nur bei den südamerikanischen Affen, sondern auch beim Menschen zu beobachten. Diese übereinstimmenden Muster untermauern die Annahme, dass die Verarmung des Mikrobioms mit den schnell geänderten menschlichen Lebensbedingungen zusammenhängen könnte“, betont Dr. Louise Thingholm, Bioinformatikerin am IKMB.

Gesundes Mikrobiom fördern

Der Übergang zur industriell und urban geprägten Lebensweise in der westlichen Welt hat in den vergangenen Jahrzehnten aus evolutionärer Sicht in sehr kurzer Zeit stattgefunden. Eine Hypothese der Forschenden ist daher, dass sich die menschlichen Mikrobengemeinschaften – nachdem sie sich wie im Tierreich über Jahrtausende nur wenig veränderten – an das abrupte Aufkommen des westlichen Lebensstils nicht mehr anpassen konnten. So sei der drastische Rückgang der mikrobiellen Vielfalt mit seinen zahlreichen gesundheitlichen Folgen zu erklären. „Eine fundamentale Aufgabe für die künftige Mikrobiomforschung wird es daher sein, genau zu definieren, welche Bestandteile der ursprünglichen Bakterienbesiedlung des Körpers wiederhergestellt werden müssen, um bestimmte Mikrobiom-assoziierte Krankheiten zu lindern oder zu vermeiden“, fasst miTarget-Sprecher Franke zusammen, der auch ein Teilprojekt im SFB 1182 leitet. „Dies könnte künftig einerseits durch gezielte Eingriffe in das Mikrobiom auf therapeutischem Wege geschehen. Ebenso wichtig wird es aber sein, eine präventive Lebensweise zu fördern, die wieder mehr mikrobielle Diversität zulässt“, so Franke weiter. Bei der Identifizierung von therapeutischen Zielen im Mikrobiom steht die Forschung trotz vielversprechender Perspektiven zurzeit noch am Anfang. Eine Mikrobiom-freundliche Lebensweise hingegen lässt sich bereits heute realisieren und besteht im Wesentlichen darin, die aus mikrobiologischer Sicht problematischen Aspekte des westlichen Lebensstils zumindest abzumildern und in vielfältiger Weise wieder mehr Kontakte mit Mikroorganismen zuzulassen.

Abbildungen steht zum Download bereit:

<https://www.uni-kiel.de/de/pressemitteilungen/2021/240-bang-thingholm-bmc.jpg>

Bildunterschrift: Anhand der Analyse von 368 Stuhlproben von 38 verschiedenen Tierarten haben die CAU-Forschenden die Einflüsse von Verwandtschaftsverhältnissen und äußeren Lebensbedingungen auf die Mikrobiom-Zusammensetzung untersucht.

© Dr. Corinna Bang / A. Starke

Weitere Informationen:

Arbeitsgruppe Genetik und Bioinformatik,
Institut für Klinische Molekularbiologie, CAU / UKSH:
<http://www.ikmb.uni-kiel.de/research/genetics-bioinformatics>

SFB 1182 „Entstehen und Funktionieren von Metaorganismen“, CAU:
<http://www.metaorganism-research.com>

DFG-Forschungsgruppe 5042 „miTarget: Das Mikrobiom als therapeutisches Target bei chronisch entzündlichen Darmerkrankungen“, CAU:
<http://www.miTarget.org>

contact for scientific information:

Dr. Corinna Bang
Arbeitsgruppe Genetik und Bioinformatik,
Institut für Klinische Molekularbiologie, CAU / UKSH
Tel.: 0431-500-15132
E-Mail: c.bang@ikmb.uni-kiel.de

Prof. Andre Franke
Leiter Arbeitsgruppe Genetik und Bioinformatik,
Institut für Klinische Molekularbiologie, CAU / UKSH
Tel.: 0431 / 500-15 110
E-Mail: a.franke@ikmb.uni-kiel.de

Original publication:

Louise B. Thingholm, Corinna Bang, Malte C. Rühlemann, Annika Starke, Florian Sicks, Verena Kaspari, Anabell Jandowsky, Kai Frölich, Gabriele Ismer, Andreas Bernhard, Claudia Bombis, Barbara Struve, Philipp Rausch and Andre Franke (2021): Ecology impacts the decrease of Spirochaetes and Prevotella in the fecal gut microbiota of urban humans. BMC Microbiology First published 11. October 2021
<https://doi.org/10.1186/s12866-021-02337-5>

URL for press release: <http://www.ikmb.uni-kiel.de/research/genetics-bioinformatics>

URL for press release: <http://www.metaorganism-research.com>

URL for press release: <http://www.miTarget.org>



Anhand der Analyse von 368 Stuhlproben von 38 verschiedenen Tierarten haben die CAU-Forschenden die Einflüsse von Verwandtschaftsverhältnissen und äußeren Lebensbedingungen auf die Mikrobiom-Zusammensetzung untersucht.

© Dr. Corinna Bang / A. Starke

© Dr. Corinna Bang / A. Starke