

Unbekannte Welt der Mikrobiome

Von **Susanne S. Renner**

Mikrobiome sind Gemeinschaften von Bakterien, Archaeen, Pilzen, weiteren Einzellern und Viren in einem bestimmten Lebensraum. Sie prägen unser Leben und unsere Umwelt, doch lange Zeit war nur wenig über sie bekannt. Warum sich das mittlerweile massiv geändert hat, zeigte das diesjährige **Rundgespräch des Forums Ökologie**.



Das Foto zeigt Zellen der Kieselalge *Chaetoceros* (gelb angefärbt, mit blau angefärbten Zellkernen), die dicht besiedelt sind mit Flavobakterien (grün, über Fluoreszenz-in-situ-Hybridisierung identifiziert). Flavobakterien stellen während einer Algenblüte einen bedeutenden Anteil des Bakterioplanktons im Meer und sind hauptverantwortlich für den Abbau langkettiger Zuckermoleküle, die als Speicherstoffe und Zellwandbestandteile in den Kieselalgen vorkommen (z. B. Laminarin). Die Kieselalgen sind ca. 30 x 10 Mikrometer groß, die Bakterien ca. 1 x 0,5 Mikrometer. Die Probe wurde am 25. April 2011 aus dem Oberflächenwasser vor Helgoland entnommen.

Foto: I. Bakenhus/MPI für Marine Mikrobiologie, Bremen

W

enn von Mikroorganismen die Rede ist, gerät man schnell an die Grenzen des Vorstellungsvermögens: Ein Gramm Erde enthält etwa eine Milliarde (10^9) Mikroorganismen, ein Sandkorn aus der Nordsee ist von 100.000 Bakterien überzogen. Das Mikrobiom des Menschen ist besonders beeindruckend: Unser Dickdarm enthält im Schnitt 10^{11} Bakterien pro Gramm oder geschätzt 10^{13} bis 10^{14} Bakterien als Ganzes. Auch die Vielfalt der Mikroben sprengt alle Rekorde:

Etwa 500 bis 1.000 Bakterienarten besiedeln allein unseren Darmtrakt.

Ein erster Blick in die bis dahin unbekannte Welt der Mikroorganismen gelang dem Tuchhändler Antoni van Leeuwenhoek aus Delft im 17. Jahrhundert. Mit seinen selbst angefertigten, perfekt geschliffenen Linsen beobachtete er Protozoen und Bakterien, die er als „Animaacula“, also „lebende Tierchen“, beschrieb. Es sollte aber noch etwa 200 Jahre dauern, bis die Begründer

der modernen Bakteriologie, Louis Pasteur und Robert Koch, auf die Bühne traten. In der heutigen Mikrobiomforschung richtet sich das Interesse auf die Gesamtheit der Bakterien in einem Lebensraum, wofür die 1886 erschienene Studie „Die Darmbakterien des Säuglings“ von Theodor Escherich bahnbrechend war. Nach ihm ist auch das wohl bekannteste Darmbakterium, *Escherichia coli* (*E. coli*), benannt.

Moderne Mikrobiomforschung

Lange blieb die Erforschung der Mikroorganismen von der Möglichkeit abhängig, sie im Labor anzuzüchten. Das erweist sich selbst heute noch oftmals als schwierig bis unmöglich, da die zur Kultivierung dieser Organismen nötigen Umweltbedingungen – etwa Temperatur, pH-Wert, entsprechende Nährstoffe, An- oder Abwesenheit von Sauerstoff – zunächst herausgefunden und im Labor geschaffen werden müssen. Erst als es gelang, die Gene der ribosomalen 16S-RNA, die nur in Bakterien und Archaeen vorkommt, zu sequenzieren, konnten Einzelzellen lokalisiert und in einem Stammbaum des Lebens eingeordnet werden – und zwar unabhängig davon, ob sie sich im Labor kultivieren lassen oder nicht.

Mit der fortschreitenden Entwicklung dieses Ansatzes stieg die Zahl der neu entdeckten Bakterien- und Archaeenstämmen rapide an. So kennen wir derzeit etwa 100 Bakterienstämmen, also große taxonomische Einheiten, die Gruppen von Organismen mit ähnlicher Gestalt bzw. ähnlichem „Bauplan“ zusammenfassen. Um die Größenordnung dieser Entdeckungen zu verdeutlichen: Bei den Höheren Tieren bilden die Wirbeltiere, also sämtliche Fische, Amphibien, Reptilien, Vögel und Säugetiere, lediglich einen Unterstamm innerhalb des Stammes der Chordatiere. Die RNA-Sequenzierung hat unser Wissen über Bakterien also ganz enorm erweitert: Nur von 30 der derzeit bekannten 100 Bakterienstämmen kennen wir Vertreter aus Kulturen, von allen anderen Stämmen konnte bislang kein Vertreter im Labor angezüchtet werden.

Die Ergebnisse der RNA-Sequenzierung werden in Datenbanken gespeichert. Dort gibt es mittlerweile auch weit mehr Proteinsequenzen unbekannter Funktion als bekannter. Der nötige Forschungsbedarf, um die Funktion der in Umweltproben

Der noch
nötige
Forschungs-
bedarf,
um die Funk-
tion der
in Umwelt-
proben
entdeckten
Gene bzw.
Proteine
aufzuklären,
ist riesig.

Im Labor des 17. Jahrhunderts: Antoni van Leeuwenhoek, hier auf einem Gemälde von Robert Thom, untersucht mit geschliffenen Linsen Mikroorganismen. Die moderne Mikrobiomforschung basiert hauptsächlich auf RNA-Sequenzierung.



Foto: akg-images/Fototheca Giliardi

entdeckten Gene bzw. Proteine aufzuklären, ist riesig. Geeignete Modellsysteme sind nun der effizienteste Weg, der immensen Vielfalt an Mikroorganismen und ihrer Wechselwirkung mit ihrem Lebensraum experimentell näherzukommen. Zum Beispiel kann man im Labor künstliche Porenräume aus 3D-Druckern schaffen, denen kontrolliert organisches Substrat, sterile Nährstofflösungen und ein Bakterien-Inokulum zugegeben werden. Mikrobielle Bodenprozesse lassen sich so über längere Zeit verfolgen. In der Medizin wird für gezielt zusammengestellte „Minimal-Mikrobiome“, die aus wenigen Bakterienarten verschiedener Stämme bestehen, in keimfreien Mäusen untersucht, ob sie die ihnen zugeschriebene positive oder negative Wirkung tatsächlich zeigen.

Wo kann man Ergebnisse der Mikrobiomforschung anwenden?

Neben vielen Informationen zu den einzelnen behandelten Mikrobiomen (Meer- und Süßwasser, Boden, Pflanzen, Tiere, Mensch und Umweltexposition) ging es bei den Vorträgen und Diskussionen des diesjährigen Rundgesprächs auch um Verbindungen zwischen den Mikrobiomen und möglichen Nutzenanwendungen, z. B. beim Abbau von Schadstoffen, in der landwirtschaftlichen

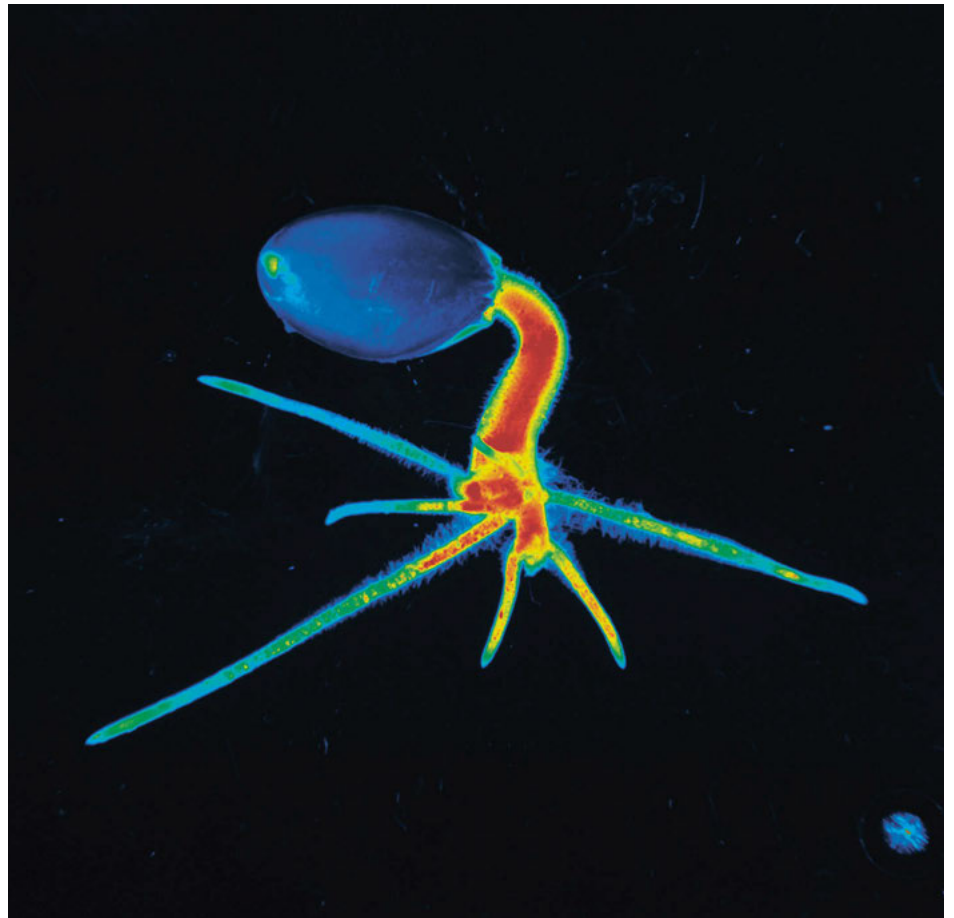
Praxis, in der Tiergesundheit oder in der Humanmedizin, etwa bei der Prävention von Asthma.

Der Mensch ist wie alle Tiere in seinem Energiestoffwechsel auf organische Kohlenstoffverbindungen (z. B. Zucker) angewiesen, die unter Energiegewinnung zu Kohlendioxid oxidiert werden. Mikroorganismen dagegen können eine Vielzahl anderer Substrate nutzen, darunter Ammoniak, Schwefelwasserstoff oder aromatische Verbindungen wie Benzol oder Toluol. Auf diese Weise können komplexe Verbindungen, die als Pestizide oder Pharmazeutika in die Umwelt gelangen, von Mikroorganismen ganz oder teilweise abgebaut werden. Gleichzeitig können Mikroorganismen anstelle von Sauerstoff noch andere Elektronenakzeptoren nutzen und dadurch auch unter sauerstoffarmen bzw. sauerstofffreien Bedingungen leben. So können sie Verunreinigungen in der Tiefsee oder in Sedimenten abbauen.

Fachlicher Austausch und Nachwuchsförderung

Wie immer bei den Rundgesprächen des Forums Ökologie war die kritische Diskussion zwischen Publikum und Experten von besonderer Bedeutung. Die Vorträge und Diskussionsbeiträge erscheinen in der Reihe „Rundgespräche Forum Ökologie“. Ihre Bände richten sich an Leserinnen und Leser, die sich für Umweltgeschehen und Naturschutz interessieren, insbesondere an Lehrende und Lernende der Naturwissenschaften, sowie an Entscheidungsträger in Behörden und Umweltverbänden. Ab Band 43 sind die Einzelbeiträge auf dem Publikationsserver (BADW digital) eingestellt.

Unter den Teilnehmern des Rundgesprächs waren dieses Jahr erstmals Preisträger aus den Wettbewerben von „Jugend forscht Bayern“: zum einen besonders engagierte Lehrkräfte, die ihre Schülerinnen und Schüler bei der Teilnahme an den „Jugend forscht“-Wettbewerben im Bereich Biologie tatkräftig unterstützen, und zum anderen zwei Schüler, die erfolgreich am Landeswettbewerb von „Jugend forscht“ teilgenommen hatten. Mit der Auslobung dieser „Sonderpreise Ökologie der Bayerischen Akademie der Wissenschaften“ möchte das Forum Ökologie dazu beitragen, spannende Ergebnisse aus der aktuellen Forschung auf schnellem Weg an Schülerinnen und Schüler zu vermitteln.



Visualisierung mit modernen bildgebenden Verfahren: ein Kürbissame und sein Mikrobiom (gelb, rot) fünf Tage nach der Keimung.

LITERATUR

Das Rundgespräch am 10. April 2018 wurde organisiert von Johann Bauer (ehemals Lehrstuhl für Tierhygiene der TU München) und Erika von Mutius (Dr. von Hauner'sches Kinderspital der LMU München). Der Tagungsband ist in Vorbereitung (Rundgespräche Forum Ökologie 47, Verlag Pfeil, München; www.oekologie.badw.de), mit

Beiträgen von Rudolf Amann (Bremen), Johann Bauer (Ismaning), Gabriele Berg (Graz), Thomas Clavel (Aachen), Dirk Haller (Freising), Tillmann Lüders (Neuherberg), Erika von Mutius (München), Jamie Newbold (Edinburgh), Michael Schloter (Neuherberg), Bärbel Stecher-Letsch (München) und Michael Wagner (Wien).

Prof. Dr. Susanne S. Renner

hat den Lehrstuhl für Systematische Botanik und Mykologie der Universität München inne. Sie ist Mitglied sowie Vizepräsidentin der Bayerischen Akademie der Wissenschaften und leitet das Forum Ökologie.