

26. HÜLSENBERGER GESPRÄCHE

Bedeutung des gastrointestinalen Mikrobioms

Jun.-Prof. Dr. Jana Seifert, Institut für Nutztierwissenschaften, Universität Hohenheim

Der tierische Verdauungstrakt ist in verschiedene Kompartimente unterteilt. Diese unterscheiden sich nicht nur in ihrer Anatomie und Physiologie, sondern auch in der Zusammensetzung und somit Funktionalität ihrer mikrobiellen Bewohner. Mikrobielle Lebensgemeinschaften (Mikrobiome) im tierischen Verdauungstrakt formen eine einzigartige Symbiose mit dem Wirtstier. Sie agieren als zentrale Einheit zur Aufrechterhaltung der Stoffwechsellistung und des Immun- und Ernährungsstatus des Tieres. Die mikrobielle Vielfalt und Funktionalität ist wichtig für die effiziente Ausnutzung der vorhandenen Futterressourcen und einer verringerten Bildung unerwünschter Stoffwechselprodukte.

Die Kolonisierung des Verdauungstraktes beginnt während der Geburt und unterliegt einer dynamischen Entwicklung im Verlauf des Lebens. Die Zusammensetzung des Mikrobioms ist je nach Individuum unterschiedlich. Somit können die Ernährung, die Umwelt und die Genetik der Tiere als wesentlichste Einflussgrößen auf das intestinale Mikrobiom genannt werden. Bakterien, Archaeen, Pilze, Protozoen und Viren sind die wichtigsten Gruppen des gastrointestinalen Mikrobioms. Neben den positiv kommensalen Arten, welche z.B. für die Bereitstellung von leicht-verdaulichen Kohlenstoffquellen verantwortlich sind, gibt es unerwünschte potentiell pathogene Spezies. Die Entwicklung neuer Sequenzierverfahren und bioanalytischer Methoden erlaubt nun, dieses bereits bekannte Wissen vertiefend zu untersuchen. Nukleinsäure-basierte Verfahren geben Einblicke in die Struktur des Mikrobioms und deren potentiellen Funktionen. Protein-basierte Analysen erlauben zusätzliche Aussagen zur Expression der mikrobiellen Proteine und Stoffwechselwege.

Die Analyse von Metaboliten zeigt die Stoffwechselprodukte, ohne jedoch Aussagen zum Produzenten treffen zu können. Die Verknüpfung dieser Methoden stellt einen enormen Mehrwert bei der funktionellen Beschreibung des Mikrobioms dar. So können nun mögliche Veränderungen des Mikrobioms präziser beschrieben werden. Eine eigene Studie zeigte zum Beispiel den Einfluss von verfügbarem Phosphor auf die Vitalität des Mikrobioms. Metaproteomische Analysen des Mikrobioms im Kropf und Caecum des Broilers zeigten Indizien für eine veränderte und gestresste bakterielle Gemeinschaft unter Phosphor-limitierenden Bedingungen. Eine Studie im Schwein zeigte die Sukzession des fäkalen Mikrobioms bei Umstellung des Versuchsfutters im Verlauf von vier Wochen. Hier konnte eine dynamische Entwicklung erstmalig im Detail gezeigt werden. Dies erlaubt, Handlungsempfehlungen über zukünftige Adaptationszeiten bei Fütterungsversuchen geben zu können. Das Schwein erlangt nicht nur als Nutztier, sondern auch als Modelltier für den Menschen derzeit immer mehr an Bedeutung. Der Verdauungstrakt und deren Mikrobiome sind ähnlich aufgebaut. Diese Gemeinsamkeiten können genutzt werden, um zukünftige Forschungsfragen auch aus dem Humanbereich zu bearbeiten. Ein verbessertes Verständnis über die Struktur und Funktion des Mikrobioms und deren interne und externe Einflussfaktoren ist somit unumgänglich.