

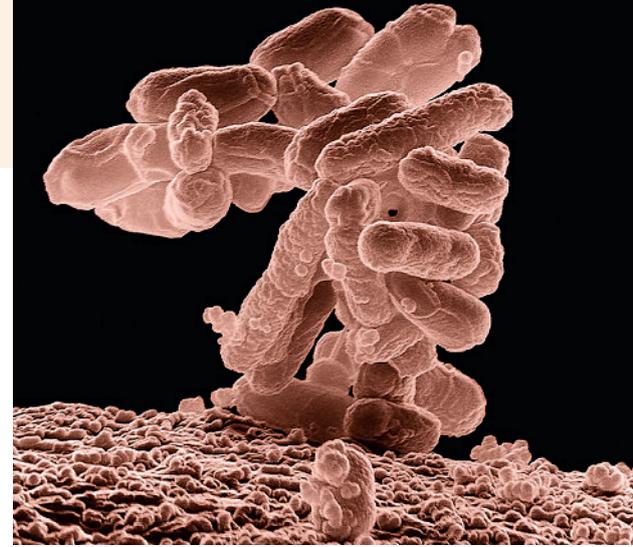
Das Menschenbiotop

Erhard Taverna

Der Lehrsatz «Ohne Säure kein Ulcus» war ein Mantra für viele Studentengenerationen. 1983 verweigerten die Gutachter des Lancet die Publikation einer Studie aus Australien, die den erstmals nachgewiesenen *Helicobacter pylori* als Ursache von Magengeschwüren bezeichnete. Nach einem heroischen Selbstversuch mit dem Nachweis der entzündeten Schleimhaut, wurde das Manuskript in der zweiten Auflage veröffentlicht und Warren und Marshall wurden 2005 mit dem Nobelpreis für Medizin geehrt.

Nur ein Bruchteil der im menschlichen Körper bekannten Mikroorganismen lassen sich in Kulturen züchten, zudem vermuten Biologen, dass mehr als 90% aller Bakterien und Viren, die gesunde Menschen bewohnen, noch gar nicht bekannt sind. Kaum war das Grossprojekt der Entschlüsselung des humanen Genoms abgeschlossen, begann vor wenigen Jahren das noch ehrgeizigere Unternehmen, die Genome dieser mikrobischen Mitbewohner zu sequenzieren. Ein gewaltiges Vorhaben, wenn man die Grössenverhältnisse bedenkt. Denn die Zahl der Bakterien, Pilze und eukaryotischen Lebewesen in unserem Körper wird auf das Zehnfache der zehn Billionen Körperzellen, die Zahl der Gene auf das Hundertfache der rund 25000 menschlichen Gene geschätzt. Die artübergreifende Einheit bakterieller und menschlicher Erbanlagen wird als humanes Mikrobiom oder Metagenom bezeichnet. Eine symbiotische Einheit mit weitgehend unbekanntem Folgen für Immunsystem, Stoffwechsel, Stammzellen und genetische Mutationen durch intrazelluläre bakterielle und virale Genome.

Zahlreiche Forschungsgruppen sollen dazu beitragen, chronische Krankheiten, Alterungsprozesse (Telomerabbau), Übergewicht und weitere Pathologien zu erklären, für die bisher keine Infektursache vermutet wurde. Das Human Microbiome Project (HMP) der National Institutes of Health (NIH) wird dazu 600 Referenzgenome beitragen, die EU mit dem Projekt Metagenomics of the Human Intestinal Tract (MetaHIT) mit dreizehn Partnern aus acht Ländern über 100 weitere. Seit 2005 werden die Resultate unter Aufsicht eines internationalen Consortiums in jährlichen Konferenzen ausgetauscht und die Daten zentral in Heidelberg verarbeitet. Die Entzifferung der bakteriellen Genome der menschlichen Mundhöhle, der Vagina, der Haut und des Darms verändern das biologisch-medizinische Bild des Menschen schon heute. Allein die Sequenzierung der artspezifischen 16S-ribosomalen Bakterien RNS aus tiefgefrorenen Stuhlproben von 124 Gesunden hat den Nachweis von 160 Arten mit rund 3,3 Millionen Genen im menschlichen Darm ermöglicht. Bereits zeichnen sich grosse individuelle Besiedlungs-



Nur einer von unzähligen Besiedlern des Menschen: das E.-coli-Bakterium.

muster, abhängig von Ernährungsgewohnheiten und Darmkrankheiten, ab, die eines Tages Prävention und Therapie bestimmen könnten [1].

Die genetische Vielfalt der Bakterien bleibt unerreicht, insgesamt wiegen sie mehr als alle Tiere und Pflanzen zusammen. Wer in siedenden Quellen und auf radioaktiven Abfällen gedeiht, findet im Säugetier Mensch paradisiische Verhältnisse. Zehn Prozent unseres Trockengewichts sind Bakterien, jeder Erwachsene trägt zwei Kilogramm davon mit sich herum. Dieser komplexe Lebensraum unterschiedlichster Mikroorganismen wird anschaulich und auf neuem Stand im Buch von Jörg Blech «Leben auf dem Menschen» beschrieben. Sollten Ausserirdische jemals einen Homo Sapiens treffen, würden sie ihn korrekt als Ansammlung kleiner Lebewesen, die sich auf einem grossen niedergelassen haben, beschreiben: «Wir haben eine irdische Lebensform entdeckt. Sie besteht aus 988 Spinnentieren, 100000000003009 Bakterien, 1 Mensch, 74 Amöben und 497 Madenwürmern.» Wie die Weichteilkontinente dieses Trabanten bewohnt sind, schildern zehn Kapitel locker und humorvoll, immer wissenschaftlich genau, einschliesslich dem Zusammenleben mit Flöhen, Bettwanzen, Milben, Geisseltieren, Pilzen und Würmern. Vermutlich sind einzelne Zellorganellen wie die Mitochondrien durch die Fusion verschiedener Bakterien entstanden.

Ob Symbionten, Kommensalen oder Schmarotzer, sind Mikroben gesamthaft mehr nützlich oder mehr schädlich? Für beide Wirkungen gibt es genug Beispiele, die Frage bleibt dennoch offen. Zudem sind die Aktivitäten einer Bakteriengemeinschaft vielfältiger als das Verhalten einer einzigen Art.

1995 wurde das erste vollständige Genom eines Bakteriums entschlüsselt, 2010 hat dasselbe Team von J. Craig Venter in den USA eine neue Art mit maschinell nachgebauter DNS hergestellt. Früher oder später werden neue Organismen das Menschenbiotop besiedeln, mit welchen Folgen auch immer.



Jörg Blech
Leben auf dem Menschen
Die Geschichte unserer
Besiedler

Hamburg: Rowohlt
Taschenbuch; 2010.
237 Seiten, zahlr. Abb.
17.90 CHF.
ISBN 978-3-499-62494-0

1 The bacteria boom – implications of the Human Microbiome Project
<http://bacteriality.com/2008/07/27/microbiome/print/>