

Meine Mikroben und ich



■ Man stelle sich vor: Intelligente Außerirdische schnappen sich einen Menschen und schleusen ihn komplett durch einen Supersequenzierer. Gut möglich, dass sie den Organismus „Mensch“ am Ende für einen Riesen-Bakterienhaufen halten.

Vor einem Jahr veröffentlichten etwa US-Forscher ihre Studien zur „räumlichen und zeitlichen Diversität“ des „Mikrobioms“ der Menschenhaut (*Science* 324: 1190-2). Zehn gesunde Personen lieferten jeweils Proben von zwanzig verschiedenen Hautstellen. Am Ende hatten die Autoren darin 112.283 verschiedene bakterielle 16S rRNA-Sequenzen aufgespürt.

Und das ist nur die Oberfläche. Im März diesen Jahres legten die Forscher des europäischen MetaHIT-Projekts (von *Metagenomics of the Human Intestinal Tract*) entsprechende Daten zu unserer Darmflora nach (*Nature* 464: 59-65). Über 3,3 Millionen Mikrobengene hatten deren Computer in der DNA aus Stuhlproben von insgesamt 124 Europäern identifiziert. Damit kamen sie auf über 1.150 verschiedene Arten, die sich in menschlichen Dickdärmen tummeln.

Wenn auch damit die beiden größten „Mikroben-WGs“ auf und im Menschen abgedeckt sind, steuern beispielsweise Mundhöhle sowie Geschlechts- und respiratorischer Trakt sicherlich noch ein paar hunderttausend Gene dazu. Demnach kommen – nur mal grob überschlagen – gut 20 Mikroben-Gene auf jedes einzelne unserer etwa 23.000 Humangene.

Man könnte nun folgenden Schluss ziehen: Nehmen wir nur die genetische Vielfalt als Maß, steckt in jedem Menschen, dem wir begegnen, nur 0,5% „wirklicher Mensch“. Doch das stimmt so nicht. Ein einzelner Mensch beherbergt natürlich nicht mal annähernd all diese Mikrobenarten auf einmal. So fanden etwa die MetaHIT-Forscher in jedem *einzelnen* Dickdarm ihrer Probanden im Schnitt knapp 540.000 Gene – also gerade mal 16,4 % des Gesamt-Pools. Davon wiederum waren 204.000 in mindestens der Hälfte der Individuen präsent – woraus die Autoren schließen, dass

38% der Mikroben-Gene in *einem* Dickdarm zu einer Art gemeinsamen „Kern-Mikrobioms“ der Darmflora gehören. Bleiben im Einzelfall also ganze 62% für eine deutlich flexiblere Mikroben-Mieterschaft.

Oder auch für die Variationen zwischen verschiedenen Populationen. Auf einen solchen Unterschied zwischen den Darmfloraen japanisch-stämmiger Menschen und den restlichen Artgenossen stießen unlängst französische Meeresbiologen (!) – und lieferten damit zugleich eine eindrucksvolle Geschichte, wie die typischen Ernährungsgewohnheiten einer Population die genetische Ausstattung ihrer Darmflora mitsteuern können (*Nature* 464: 908-12).

Nett am Rande: Eigentlich waren die Franzosen an etwas ganz anderem interessiert – an Enzymen nämlich, die die Polysaccharide bestimmter Meeresalgen aufbrechen. Sieben Kandidaten hatten sie in der Genomsequenz des Meeresbakteriums *Zobellia galactanivorans* ausgemacht; zwei davon kodierten für eine neue Klasse von Enzymen, die die Porphyrane von Rotalgen abbauen konnten. Als die Autoren nun die Datenbanken nach weiteren Genen für solche Porphyranasen durchsuchten, stolpernten sie über *Bacteroides plebeius*.

Dieses bewohnt nun beileibe nicht das weite Meer, sondern ausschließlich die Därme japanisch-stämmiger Menschen. Und damit war das Szenario schnell klar: Seit Menschengedenken wickeln die Japaner für ihr Sushi die Zutaten in Blätter von Rotalgen ein. Mit diesen gelangten etwa genauso lange fast täglich *Zobellia*-Bakterien in japanische Därme. Irgendwann übernahmen dort *Bacteroides*-Ahnen via horizontalem Gentransfer die zwei so überaus nützlichen Gene. Und nicht nur die – die Autoren fanden im *Bacteroides*-Genom zudem noch eine Handvoll weitere Gene für Kohlehydrat-spaltende Enzyme, die deren Vorfahren sich offenbar ebenfalls aus weiteren Meeresbakterien „schnappten“.

Irgendwie bekommt der Spruch „Du bist, was Du isst“ auf diese Weise eine völlig neue Note.

RALF NEUMANN