

Im Internet findet man viele Angebote für Stuhltests zur Mikrobiomanalyse, die Therapieempfehlungen gleich mitliefern. Wie seriös ist das?

Prof. Gessner: Diese Angebote entbehren jeder wissenschaftlichen Basis. Da stimme ich der DGVS* zu, die solche Stuhltests als teuer und sinnlos bezeichnet und abrät. Die Mikrobiomdiagnostik ist noch nicht so weit, dass sie in der medizinischen Routine angewandt werden kann.

Ist die Analytik noch nicht zuverlässig?

Prof. Gessner: Wir sind seit fünf Jahren europäisches Ringversuchszentrum für Mikrobiomanalysen bei INSTAND e.V.** und schicken im Jahresrhythmus gründlich analysierte und mit einem patentierten Verfahren behandelte Stuhlproben an verschiedene Labore in Europa, von Norwegen bis Österreich. Das Ergebnis ist ein Desaster: Die Labore kommen bei ein- und derselben Stuhlprobe zu völlig unterschiedlichen Ergebnissen, und das ist in den letzten fünf Jahren keinen Deut besser geworden.

Woran liegt das?

Prof. Gessner: Die verschiedenen Verfahren der Standardmethodik, dem Next-Generation Sequencing, unterscheiden sich in vielen Teilschritten – und bei jedem liegt der Teufel im Detail. Derzeit erarbeiten wir gemeinsam mit dem Deutschen Institut für Normung internationale Normen für Mikrobiomanalysen, aber es wird noch drei bis vier Jahre dauern, bis wir eine Standardisierung haben.

Wie können derzeit die Ergebnisse von Mikrobiomanalysen interpretiert werden?

Prof. Gessner: Bis auf wenige Ausnahmen gar nicht. Um herauszufinden, ob Verschiebungen im Mikrobiom an eine Krankheit gekoppelt sind, braucht man erstens lokale Kontrollen, denn Kohorten aus verschiedenen Regionen sind nicht miteinander vergleichbar. Zum anderen muss man nachweisen, dass Verschiebungen funktionell relevant sind. Das ist mühsam und derzeit vor allem mithilfe von gnotobiotischen, also keimfrei aufgezogenen Tieren möglich, die dann wieder mit einzelnen Bakterien besiedelt werden.

Die Interpretation ist also noch im Stadium der Grundlagenforschung?

Prof. Gessner: Ja, aber dennoch erhalten Patienten bei Stuhltests bereits Empfehlungen für Probiotika. Und manche Arztpraxen bieten fäkale Mikrobiota-Transplantation (FMT) als Serviceleistung im Rahmen eines individuellen Heilversuchs an. Das macht mir Sorgen, denn diese Maßnahmen ohne Evidenz anzuwenden, ist nicht risikofrei; es gibt Fälle von lebensgefährlicher Sepsis nach Probiotikagabe, ebenso von lebensgefährlich verlaufenden Stuhltransplantationen. Gute Evidenz für den Einsatz von FMT gibt es derzeit nur bei rekurrenten Clostridium difficile-Infektionen und der Graft-versus-Host Disease.

Wie schätzen Sie das zukünftige Potenzial mikrobiombasierter Therapien in der Medizin ein?

Prof. Gessner: Ich bin optimistisch, dass sie die personalisierte Medizin voranbringen. Wir verstehen zum Beispiel immer besser, wie manche Bakterien die Wirkung bestimmter Arzneimittel verändern. Auf Basis dieser Erkenntnisse versuchen wir, Pharmakotherapien abhängig vom Mikrobiom individuell anzupassen bzw. das Mikrobiom entsprechend zu korrigieren. Hier gibt es gute Ansätze, etwa bei Checkpoint-Inhibitoren in der Krebstherapie, deren Erfolg wesentlich vom Mikrobiom abhängt.

Gibt es weitere Ansätze?

Prof. Gessner: Spannend ist „Drugging the Microbiome“ mit dem Ziel, eines Tages nicht mehr den Menschen, sondern den Bakterienstoffwechsel zu behandeln. Ein Beispiel aus der Herz-Kreislaufforschung: Bestimmte Bakterien im Mikrobiom enthalten Enzyme, die Nahrungsfette in Trimethylamin (TMA) umwandeln – eine Substanz, die nach der Resorption und Oxidation in der Leber stark atherosklerotisch wirkt. Derzeit werden Medikamente entwickelt, die die bakteriellen Enzyme blockieren und die Entstehung von TMA verhindern. Gelingt das, könnten solche Medikamente zur Vorbeugung von Herzinfarkt und Schlaganfall beitragen.

Vielen Dank für das Gespräch!

Mit Prof. Gessner sprach Dorothee Hahne

*DGVS: Deutsche Gesellschaft für Gastroenterologie, Verdauungs- und Stoffwechselkrankheiten

**INSTAND e.V.: Gesellschaft zur Förderung der Qualitätssicherung in medizinischen Laboratorien e.V.