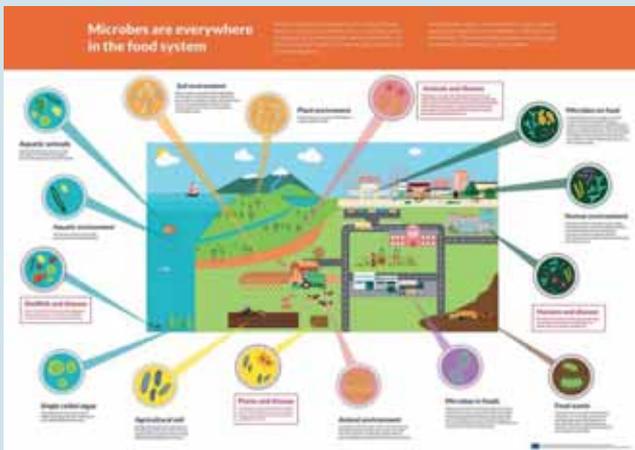


VAAM-Fachgruppe Identifizierung und Systematik Symposium zur Kultivierung und Identifizierung von Mikroorganismen aus Mikrobiomen

■ National und international werden zunehmend Mikrobiome aus der Natur, von Pflanzen, Tieren und Menschen hinsichtlich der enthaltenen Diversität und deren Funktion untersucht. Aus diesem Grund organisierte die VAAM-Fachgruppe Identifizierung und Systematik eine Vortragsreihe mit dem Fokus auf Forschungsprojekte, bei denen Methoden zur Kultivierung und Identifizie-

rung von Mikroorganismen aus Mikrobiomen im Vordergrund standen. Die Vorträge berichteten von der Bekämpfung von Mikroben, die mit kindlicher Verkümmern in Verbindung gebracht werden, sowie von Untersuchungen mit *Caenorhabditis elegans*, die zeigen, dass Wirt und Mikrobiom gemeinsam zur Anpassung an eine komplexe Umwelt beitragen.



Quelle: <https://www.microbiomesupport.eu/microbes-are-everywhere-in-the-foodsystem/>

Auf Wunsch des VAAM-Vorstands gab es zusätzlich das Angebot, sich über die notwendigen Formalien bei einer validen Publikation eines Speziesnamens zu informieren. Je ein Sprecher für den SeqCode und den ICSP wurden eingeladen, um – insbesondere jungen Wissenschaftler:innen – Einblicke in die jeweiligen Regeln und



Sprecherteam der VAAM-Fachgruppe Identifizierung und Systematik Richard Hahnke (rechts außen) und Matthias Labrenz (links außen) mit Kostas Konstantinidis (SeqCode, Mitte links) und Markus Göker (ICNP, Mitte rechts).

Schritte zu vermitteln. Eine einheitliche Benennung von Taxa ist wichtig, gerade in der Erforschung von Mikrobiomen und bei zunehmender Nutzung bioinformatischer Methoden. ■

*Richard L. Hahnke, Braunschweig;
Matthias Labrenz, Warnemünde*

VAAM-Fachgruppe Mikrobiom Substanzen mit antibiotischer Wirkung und Mikrobiome

■ Nachdem 2022 der 1. Workshop der Fachgruppe Mikrobiom im Rahmen der Jahrestagung der VAAM nur virtuell stattfinden konnte, waren wir sehr froh, uns dieses Mal in Göttingen real im Rahmen eines Minisymposiums austauschen zu können. Wir hatten den Workshop unter das Motto „Substanzen mit antibiotischer Wirkung und Mikrobiome“ gestellt. Die Vorträge zeigten eindrucksvoll die Vielfältigkeit dieses Themas.

Mehrere Redner:innen, darunter die eingeladene Keynote-Sprecherin Kornelia Smalla (Braunschweig) präsentierten Daten, die auf eine deutliche Zunahme von Antibiotikaresistenzgenen in der Umwelt und damit einhergehenden Verschiebungen im Mikrobiom der jeweiligen Ökosysteme hinweisen. Smalla fokussierte sich in ihrem Vortrag auf Agrarökosysteme und den Eintrag von Gülle, die mit Antibiotika kontaminiert ist. Sie konnte eindrucksvoll die Rolle von horizontalem Gentransfer für die Ausbreitung von Antibiotikaresistenzgenen innerhalb von Mikrobiomen zeigen, wies aber auch darauf hin, dass z. B.

durch den Verzehr von Salat Antibiotika-resistente Mikroorganismen und die entsprechenden Gene auch mit dem menschlichen Darmmikrobiom interagieren können und somit auch Resistenzgene auf das menschliche Mikrobiom übertragen werden können. Andere Redner, darunter Tjorven Hinzke (Greifswald) zeigten eine ähnliche Problematik, was die zunehmende Ausbreitung von Antibiotikaresistenzgenen in Kläranlagen betrifft.

Es wurde deutlich, dass Antibiotikaresistenzen auch unabhängig von anthropogenen Einflüssen in der Natur eine wichtige Rolle spielen. So zeigte Igor Iatsenko (Berlin) in seinem Vortrag, dass die natürliche Resistenz gegen Antimikrobielle Peptide von Mikroorganismen im Darm von *Drosophila melanogaster* die Stabilität des Darmmikrobioms nach Infektionen stark beeinflusst.

Therapeutische Ansätze, zum Beispiel die Empfindlichkeit des oralen Mikrobioms gegen Roseoflavin zur Behandlung von Karies präsentierte Nadja Schwendenmann (Furtwangen).

Am Ende der Fachgruppensitzung bestätigten die anwesenden Fachgruppenmitglieder Christine Moissl-Eichinger und Michael Schloter als Sprecher:in in ihrem Amt.

Im Rahmen des **Theodor-Escherich-Symposiums im Januar 2024 in Graz** wird die Fachgruppe eine Session zum Thema „Moderne Methoden zur Analyse von Mikrobiomen“ organisieren. ■

Michael Schloter

Michael.Schloter@helmholtz-munich.de



Michael Schloter ist Sprecher der Fachgruppe Mikrobiom. Er untersucht primär die Interaktion von Umwelt- und humanen Mikrobiomen und deren Rolle für unsere Gesundheit bzw. die Entwicklung von Krankheiten. Er leitet den Lehrstuhl für Umweltmikrobiologie an der TU München und ist Direktor der Abteilung für vergleichende Mikrobiomanalysen bei Helmholtz München.