

VAAM-Fachgruppe Mikrobiom

Neugründung einer Fachgruppe zum Mikrobiom

■ Das Mikrobiom bezeichnet die Gesamtheit aller Mikroorganismen (Bakterien, Archaeen, Eukaryoten) und ihre Interaktionen (über Phagen/Viren, Metabolite, Nukleinsäuren, Nahrungsnetze) in einem bestimmten Biotop, beispielsweise im menschlichen Darm, im Wurzelgeflecht einer Pflanze oder im Ackerboden. Die Analyse von Mikrobiomen ist eines der im Moment am dynamischsten wachsenden Forschungsfelder weltweit.

In den letzten Jahren wurde eine Reihe neuer Erkenntnisse publiziert über wichtige grundlegende Fragen zu den Faktoren, die die Zusammensetzung und Funktionalität von Mikrobiomen beeinflussen. Daneben gibt es eine Reihe vielversprechender angewandter Forschungsarbeiten in den Bereichen Landwirtschaft, Biotechnologie und Medizin, die auf der Basis neuer Daten Anwendungen beschreiben, die unsere Gesundheit und die unserer Umwelt gezielt verbessern. An diesen Arbeiten sind maßgeblich auch Forschende beteiligt, die Mitglied der VAAM sind.

Im Rahmen der diesjährigen Jahrestagung haben wir eine neue Fachgruppe gegründet, die sich zum Ziel gesetzt hat, das gesamte Spektrum der Mikrobiomforschung innerhalb der VAAM und auch nach außen hin zu vertreten. Als vorläufige Sprecher/in fungieren die Initiatoren Christine Moissl-Eichinger (Medizinische Universität Graz) und Michael Schloter (Helmholtz Zentrum München und Technische Universität München).



Die Fachgruppe soll die Sichtbarkeit der Mikrobiomforschung in Deutschland, Österreich und der Schweiz verbessern und eine Plattform bieten, um gemeinsame Forschungsvorhaben zu entwickeln. Eine enge Zusammenarbeit mit der DGHM wird angestrebt.

Insgesamt haben 92 Mitglieder der VAAM ihre Unterstützung für die Fachgruppe bekundet. Ein erster gemeinsamer Workshop ist für den Herbst 2021 in Graz geplant, wo im Rahmen des **8. Theodor-Escherich-Symposiums (21./22.10.2021)** eine Session zum Thema *Microbiomes and One Health* geplant ist. Einer der Redner wird Stefan Niemann vom Leibniz Forschungszentrum Borstel sein, der zum Thema „Evolution von Antibiotikaresistenzen“ referieren wird. Ein detailliertes Programm erhalten alle

Interessierten in den kommenden Wochen über die Fachgruppenleitung. ■

Christine Moissl-Eichinger,
christine.moissl-eichinger@medunigraz.at

Michael Schloter,
schloter@helmholtz-muenchen.de



Michael Schloter

1984–1989 Studium der Biologie an der LMU München. 1990–1993 Promotion an der Universität Bayreuth im Fachbereich Genetik und Mikrobiologie. 1994–2007 PostDoc und Arbeitsgruppenleiter am GSF Forschungszentrum in

München. Seit 2008 Professor für Mikrobiologie an der TU München. Seit 2011 Leiter der Abteilung für vergleichende Mikrobiomanalysen.



Christine Moissl-Eichinger

1995–2000 Studium der Biologie an der Universität Regensburg. 2000–2004 Promotion an der Universität Regensburg im Fach Mikrobiologie. 2004–2005 PostDoc am Universitätsklinikum Regensburg. 2005–2006 Postdoc am NASA

Jet Propulsion Laboratory (JPL)/California Institute of Technology (Caltech), Pasadena, USA. 2007–2014 Projekt- und Gruppenleiterin am Lehrstuhl für Mikrobiologie und Archaeenzentrum in Regensburg. Seit 2014 Professorin für Interaktive Mikrobiomforschung an der Medizinischen Universität Graz, Österreich.

VAAM-Fachgruppe Weltraummikrobiologie

„DNA lässt sich auch im All sequenzieren“

■ Ja, Astronauten sequenzieren DNA im Weltraum. DNA-Sequenziergeräte wie die MinION befinden sich auf ISS, und weitere Gensequenzierungsmaschinen sind auf dem Weg zur ISS, um diese Technologie für die zukünftige Erforschung des Weltraums, wie zum Beispiel für Langzeitaufhalte in Raumstationen oder auf dem Mond, auszuprobieren und zu testen. Wenn eines Tages Menschen im Raumschiff zum Mars aufbrechen, benötigen sie Methoden zur Diagnose möglicher Krankheiten der Besatzung. Entsprechend praktisch wäre es, eine passende Sequenziermaschine an Bord zu haben, um

beispielsweise bakterielle oder virale Infektionen zu erkennen.

Astronauten wie die Mikrobiologin und NASA-Astronautin Kate Rubins untersuchen, ob und wie DNA-Sequenzierung in Schwerelosigkeit, bei limitierter „Laborfläche“ und mit überschaubaren Ressourcen in der ISS möglich sind. Mit Hilfe der DNA-Sequenzierung hoffen die Forscher/innen an Bord der ISS, in Zukunft besser überwachen zu können, welche Bakterien oder gar Krankheitserreger sich in der Raumstation befinden und wo Desinfektionsmaßnahmen nötig sind.

Mit diesen Einblicken begann das erste virtuelle Symposium der Fachgruppe Weltraummikrobiologie auf der virtuellen VAAM-Jahrestagung. Die eingeladene Sprecherin Sarah Wallace (Johnson Space Center der NASA in Houston) berichtete in ihrem Hauptvortrag über verschiedene mikrobiologische Experimente und Missionen, die aktuell in der Raumstation laufen bzw. geplant sind. Wallace war nur eine von insgesamt zwölf Vortragenden. Sie berichteten über *microbial monitoring* (Bestimmung von Keimbelastung in der ISS), das Erproben und Bewerten verschiedener Sequenzierplattformen sowie der