

Zur Bedeutung des Mikrobioms im Exposomkonzept

Gabriele Berg

Zusammenfassung

Im Rahmen der Exposomforschung wird die menschliche Gesundheit im Zusammenhang mit Umweltfaktoren analysiert. Neben der Exposition gegenüber Umweltchemikalien, Lärm und Urbanisierung ist auch das Mikrobiom ein wichtiger Expositionsfaktor, der insbesondere über die Ernährung und den Lebensstil vermittelt wird. Jede Mahlzeit mit Gemüse, Obst und Kräutern enthält potenziell Billionen von Mikroorganismen mit diverser genetischer Kapazität; deshalb wurde das Konzept des »essbaren Mikrobioms« eingeführt. Die Vernetzung zwischen Mikrobiomen ist wichtig, um die Bedeutung für die Gesundheit zu verstehen. Exemplarisch wird das Mikrobiomnetzwerk vom Boden über die Pflanze (bis in deren essbare Teile) bis zum menschlichen Darm dargestellt. Gleichzeitig wird die Wirkung urbaner Faktoren wie Luftschadstoffe auf das Mikrobiom bewertet. Unsere Forschungsergebnisse zeigen, dass die mikrobielle Diversität der Umwelt mit der des Menschen verbunden und essenziell für unsere Gesundheit ist. Die Mikrobiomforschung hat hier einen Paradigmenwechsel vom Krankheits- zum Gesundheitserreger geschafft.

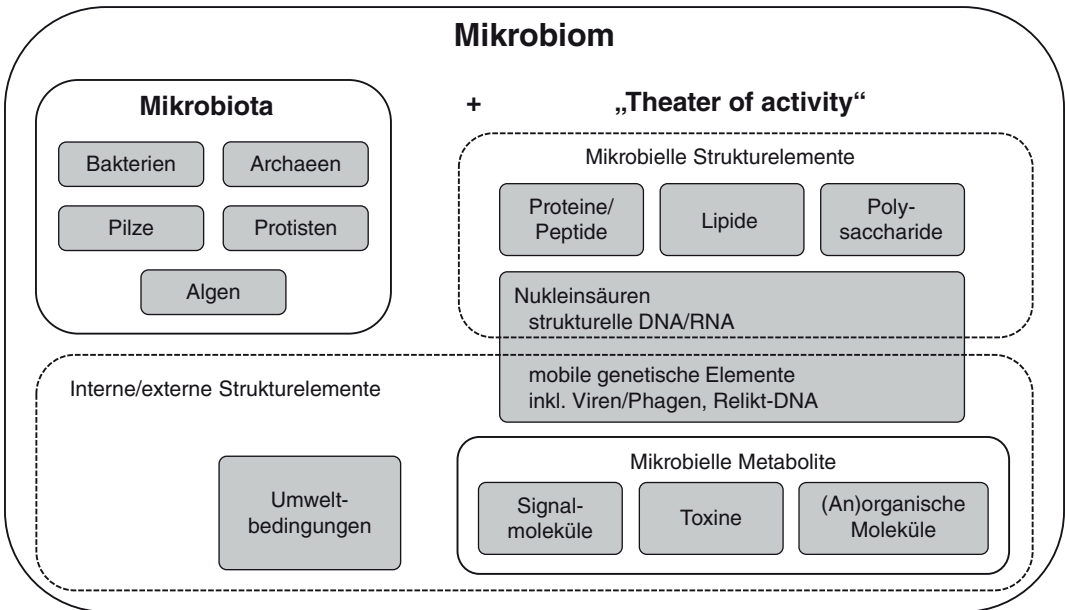
Summary

The importance of the microbiome in the exposome concept

Within the framework of the exposome concept, human health in relation to environmental factors is analyzed. In addition to exposure to environmental chemicals, noise, and urbanization, the microbiome is also an important exposure factor, mediated in particular by diet and lifestyle. Each meal of vegetables, fruits, and herbs potentially contains trillions of microorganisms with diverse genetic capacity; hence the concept of the 'edible microbiome' was introduced. The interconnectedness between microbiomes is important for understanding their significance for health. The microbiome network from the soil to the plant (including the edible parts) and to the human gut is presented as an example. At the same time, the effect of urban factors such as air pollutants on the microbiome is assessed. Our research results show that the microbial diversity of the environment is linked to that of humans and is essential for our health. Microbiome research has achieved a paradigm shift from pathogens to causal agents (»beneficials«) of health.

Der Beitrag basiert auf einem von der Autorin überarbeiteten Transkript ihres Vortrags vom 9. April 2024 in der Bayerischen Akademie der Wissenschaften.

✉ Prof. Dr. Gabriele Berg, TU Graz, Institut für Umweltbiotechnologie, Petersgasse 12, 8010 Graz, Österreich; gabriele.berg@tugraz.at



Biom: Habitat mit definierten biologisch-physikalisch-chemischen Grenzen

Abb. 1. Schematische Darstellung zur Zusammensetzung des Mikrobioms. – Nach Berg et al. (2020).

Einführung

Das European Human Exposome Network der Europäischen Union (EHEN)¹ hat es sich zur Aufgabe gemacht, den Einfluss der Umweltexposition auf die menschliche Gesundheit zu untersuchen. Dazu gehören u. a. die Exposition gegenüber Luftschadstoffen, Lärm, Chemikalien, Urbanisierung und anderer Faktoren, die unsere Gesundheit von der Zeit im Uterus bis zum hohen Alter beeinflussen.

Das Exposomkonzept stammt aus der Medizin. Seine Entwicklung begann 2005, als klar wurde, dass über das Genom nicht alle Krankheiten erklärt werden können, und daher die alte Diskussion über Umwelt und Gene bis hin zu den politischen Auswirkungen, die sie jahrelang hatte, erneut an Bedeutung gewann. Wir untersuchen jetzt die Rolle der Umwelt für unsere Gesundheit, was angesichts der komplexen Einflussfaktoren sehr schwierig ist. So spielen neben den bereits genannten Faktoren z. B. auch die Ernährung, sozioökonomische Faktoren, eine

urbane, grüne oder »blaue« Umwelt und der Lebensstil eine Rolle. Das Mikrobiom ist in dem Exposomkonzept derzeit noch wenig abgebildet. Eine Ausnahme stellen Erreger von Infektionskrankheiten dar, die sehr gut untersucht sind. Im Folgenden werde ich einige Studien vorstellen, in denen das Mikrobiom als Teil des Exposoms einen wesentlichen Einfluss auf die menschliche Gesundheit hat.

Zunächst wird das Mikrobiom eingeführt, welches nach 30 Jahren Mikrobiomforschung diskutiert und von einem internationalen Konsortium definiert wurde (Berg et al. 2020). Zum Mikrobiom gehören die Mikrobiota (alle Mikroorganismen inklusive Bakterien, Archaeen, Pilze, Protisten und Mikroalgen) und ihr »Theatre of Activity«, d. h. Strukturelemente, Metaboliten und Signalmoleküle eingebettet in die Umweltbedingungen (Abb. 1). Die Viren gehören nicht zu den Mikrobiota, da sie nicht leben, aber gemeinsam mit Plasmiden und mobilen genetischen Elementen zum Mikrobiom. Der Mensch ist wie alle höheren Organismen ein Holobiont, d. h., er lebt mit einer Vielzahl von mikrobiellen Arten eng zusammen, und sein Mikrobiom verbindet ihn mit seiner Umwelt. Das Mikrobiom ist ein entscheidender

¹ www.humanexposome.eu [abgerufen 25.05.2024], gegründet 2020 im Rahmen von Horizon 2020.

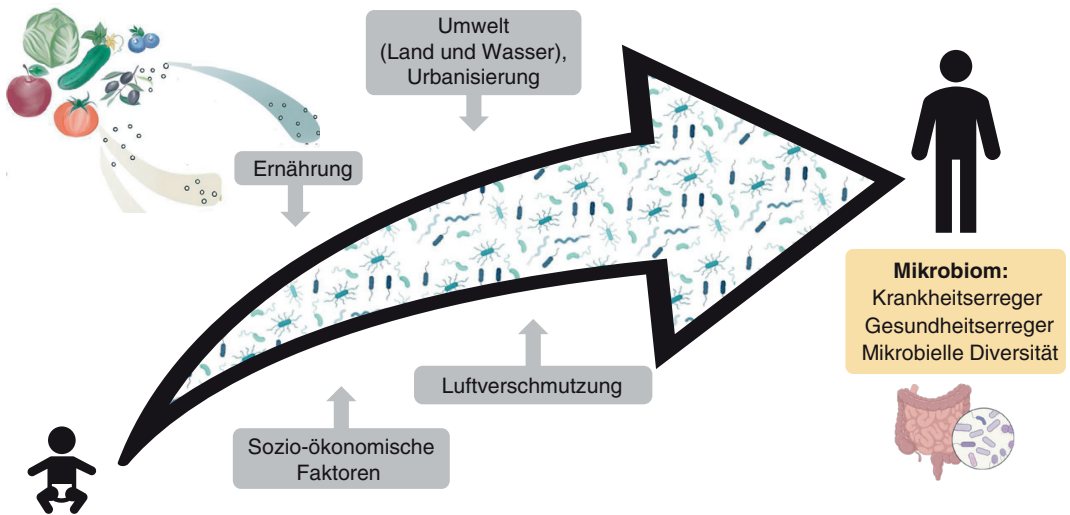


Abb. 2. Schematische Darstellung der Vernetzung von Exposom (grau) und dem Mikrobiom des Menschen bzw. seiner Gesundheit.

Mediator innerhalb und zwischen Organismen, aber auch in allen Ökosystemen. Insbesondere die mikrobielle Diversität im Boden verbindet die Organismen untereinander und beeinflusst die Gesundheit auf allen Ebenen. Je größer die Biodiversität auf Ebene der Makroorganismen (Pflanzen und Tiere) ist, desto mehr mikrobielle Diversität spiegelt sich im Boden wider. Mikrobielle Diversität ist ein Indikator für die Gesundheit von Organismen und Ökosystemen; sie ist unsere »Gesundheitsversicherung«. Hierbei ist insbesondere die funktionelle Diversität von Bedeutung, die in der strukturellen Diversität reflektiert wird. Würden wir die Gesundheitskosten zusammenrechnen, die allein durch antibiotikaresistente Krankenhauskeime entstehen, ergäbe dies einen enormen monetären Wert der gesundheitsfördernden mikrobiellen Diversität.

Während einzelne Mikrobiome bereits gut untersucht sind, ist die Vernetzung zwischen ihnen noch wenig verstanden. Sie ist aber entscheidend, um die Bedeutung des Mikrobioms für das humane Exposom zu verstehen. Vom Mikrobiom der Umwelt zur menschlichen Gesundheit führt im Wesentlichen eine Achse über die Luft, die wir einatmen, und eine Achse vom Boden über die Nahrungsmittel, die wir essen (Abb. 2). Exemplarisch soll diese Vernetzung am Beispiel der pflanzlichen Nahrung aufgezeigt werden. Dazu werden die Verbindung vom Mikrobiom

des Bodens, der Pflanze (bis in deren essbare Teile) bis zum menschlichen Darm und seine Bedeutung für unsere Gesundheit dargestellt.

Die Mikrobiomachse zwischen Boden und Mensch: das Pflanzenmikrobiom

Bereits Ende des 20. Jahrhunderts forschte der Agrarwissenschaftler Lorenz Hiltner (1862–1923) zur Verbindung zwischen Bodenbakterien und der Pflanzengesundheit. Aber erst vor einigen Jahren konnte aufgeklärt werden, was tatsächlich passiert, wenn ein Same in die Erde gelangt. Heute wissen wir, dass auch ein Same ein eigenes Mikrobiom hat, zu dem die Mikroorganismen hinzukommen, die aus dem umgebenden Boden über die Rhizosphäre in die Pflanze aufgenommen werden (Abdelfattah et al. 2023). Ähnlich verhält es sich beim Menschen: Wir erhalten das Mikrobiom bei der Geburt von der Mutter und nehmen anschließend zusätzlich das Mikrobiom aus der Umwelt auf (Hourigan & Dominguez-Bello 2023). Während der vererbte Teil des Mikrobioms vorwiegend nützliche Bakterien für den Wirt enthält, sichern die Umweltmikroorganismen die Adaptation an die lokalen Bedingungen.

Hat sich das Umweltmikrobiom im Anthropozän bereits verändert? – Wie sich Ökosysteme und das Pflanzenmikrobiom im Anthropozän

ändern können, lässt sich brennglasartig an der Austrocknung des Aralsees in Zentralasien zeigen, eine der größten vom Menschen verursachten Umweltkatastrophen weltweit. Der abflusslose Salzsee, mit rund 68 000 km² noch bis Anfang der 1960er Jahre der viertgrößte Binnensee der Erde, ist heute bis auf kleine, voneinander getrennte Überreste ausgetrocknet (Abb. 3a). Ursache war die Entnahme großer Wassermengen aus den Hauptzuflüssen für die künstliche Bewässerung riesiger Anbauflächen für Baumwolle in Kasachstan und Usbekistan. Mit der Austrocknung ging eine Versalzung des Sees einher, die u.a. zum Sterben der Fische führte. Verbunden war die intensive Bewässerung mit einem hohen Einsatz von Pestiziden, die sich zusammen mit anderen Toxinen und Schwermetallen in den Böden anreicherten. Epidemiologische Studien zeigen, dass die Gesundheit der Bevölkerung, wie z.B. die Fertilitätsrate der Frauen oder die Kindersterblichkeit, stark beeinträchtigt sind (O'Hara et al. 2020). Die vielen Renaturierungsversuche sind bisher alle gescheitert; *Suaeda acuminata* (Abb. 3b,c) ist die einzige Pflanze, die es geschafft hat, unter diesen Bedingungen in der Salzsteppe zu überleben. Unsere Analysen zeigten, dass das Mikrobiom der Rhizosphäre von *S. acuminata* zu einem großen Teil aus Archaeen besteht und auf eine enge Verbindung zwischen Boden und Pflanze hinweist. Auch konnten wir alle funktionellen Gene, die die Pflanze benötigt, bei den Archaeen nachweisen (Wicaksono et al. 2022a). In einem Gradienten von Böden, die erst seit 5 Jahren ausgetrocknet sind und einen hohen Salzgehalt aufweisen (Abb. 3d), zu Böden, die schon seit 40 Jahre ausgetrocknet sind, sinkt das Verhältnis der Anzahl von Genen aus Archaeen und Bakterien im Rhizosphärenmikrobiom jedoch im Vergleich zum Bodenmikrobiom, d.h., im Laufe der Regeneration bevorzugen Pflanzen Bakterien, da diese effizienter und vermutlich metabolisch aktiver sind. Überraschend war das klare Muster an Viren, die sich in der Rhizosphäre und im Boden fanden. Es gibt Hunderte von Viren im Boden und in der Rhizosphäre und diese sind ein wichtiger Treiber des Pflanzenmikrobioms während der Regeneration (Wicaksono et al. 2023a). Sie lysieren Bakterien oder Archaeen und viele von ihnen haben potenziell nützliche Gene.

Aus diesen und anderen, weltweiten Studien zum pflanzlichen Mikrobiom geht hervor, dass das Pflanzenmikrobiom bereits verändert ist und dass im Anthropozän die intensive Landwirtschaft und die Urbanisierung die Haupttreiber für diese Veränderung sind. Vereinfacht lässt sich sagen, dass durch diese beiden Faktoren die Diversität des Pflanzenmikrobioms abnimmt und es aus weniger Nützlingen und mehr Krankheitserregern besteht. Auch die Gleichmäßigkeit (evenness) und die Spezifität des Mikrobioms nehmen stark ab; stattdessen nehmen Dysbalancen zu. Copiotrophe, d.h. in nährstoffreicher Umgebung schnell wachsende, und hypermutierende Organismen steigen stark an, ebenso die mikrobiellen Antibiotikaresistenzen (Berg & Cernava 2022). Dieses grundsätzliche Muster im Pflanzenmikrobiom gilt im Prinzip auch für das Bodenmikrobiom. Wenn sich dieses Muster über das »essbare Mikrobiom« bis zum Darm überträgt, stellt sich die Frage, ob dadurch Krankheiten wie Autoimmunerkrankungen, Allergien und Darmerkrankungen verursacht bzw. gefördert werden können.

Das »essbare« Mikrobiom

Die Überlegungen zu einem essbaren, d.h. durch Nahrung zugeführten Mikrobiom entstanden vor über 10 Jahren, ausgehend von dem Wissen, dass unsere Lebensmittel auch Mikroorganismen enthalten, diese aber, gemäß damaligem Wissensstand, mit dem pH-Wert im Magen abgetötet werden (Berg et al. 2015). Inzwischen wissen wir, dass es auch ein Magenmikrobiom gibt und große Teile unseres Darmmikrobioms ursprünglich aus der Nahrung stammen. Um der Frage nach dem essbaren Mikrobiom nachzugehen, haben wir zunächst in einem Citizen-Science-Projekt mit Schülern Äpfel untersucht. Jeder Apfel enthält ca. 100 Millionen Bakterien und die Mikroorganismen lassen sich visuell in verschiedenen Geweben nachweisen (Wassermann et al. 2019a). Dies konnte auch für andere Nahrungsmittel festgestellt werden: Jede Mahlzeit mit Gemüse, Obst und Kräutern enthält potenziell Billionen von Mikroorganismen mit verschiedener genetischer Kapazität.

Die Verbindung zwischen dem Mikrobiom der Pflanze und dem des menschlichen Darms war wesentlich schwieriger zu schließen als die Verbindung zwischen Boden- und Pflanzenmikro-



Abb. 3. Ausgetrocknetes Becken des Aralsees (a) mit *Suaeda acuminata* (b,c) an einem seit fünf Jahren ausgetrockneten, stark salzhaltigen Uferbereich (d, im Vordergrund). – Fotos: G. Berg.

biom. Um nachzuweisen, dass es eine Überlapung des Mikrobioms pflanzlicher Lebensmittel und unseres Darms gibt, haben wir alle vorhandenen Metagenomdaten von Früchten und Gemüse mit den menschlichen Metagenomdaten verglichen. Demnach gibt es drei stark überlappende Gruppen, Enterobakterien, Burkholderien und Laktobazillen. Im Durchschnitt stellen diese drei Gruppen nur 2,2 % des Darmmikrobioms; bei Personen, die sich vegetarisch oder vegan ernähren, kann ihr Anteil bis 30 % betragen. Die Zusammensetzung der Bakterien im Darm ändert sich dabei in den ersten zwei Lebensjahren (Wicaksono et al. 2023b). In Verbindung mit den Ergebnissen großer Kohortenstudien² zeigt sich die besondere Rolle des Babyalters. In der Stillperiode bestimmen hauptsächlich Bifidobakterien den Darm, anschließend wird der menschliche Darm weiter besiedelt. In diesem Zeitfenster ist es entscheidend, mehr Gemüse und verschiedene Pflanzenarten zu essen, damit sich der Darm mit einem für die Gesundheit positiven Mikrobiom füllt (EU 2023). Grundsätzlich lässt sich unser Darmmikrobiom durch die Ernährung und durch unseren Lebensstil ändern; beide Faktoren werden nachfolgend erklärt.

Welche Faktoren beeinflussen das Mikrobiom? – Ernährung

Für die Frage nach dem Einfluss der Ernährung haben sich Äpfel als sehr gute Forschungsobjekte erwiesen. Ihr Mikrobiom wird von verschiedenen Faktoren beeinflusst, was wiederum Auswirkungen auf die menschliche Gesundheit hat.

Jeder Apfel enthält etwa 100 Millionen Mikroorganismen und Hunderte verschiedener Arten. Die meisten Mikroorganismen befinden sich im Kerngehäuse und im Fruchtfleisch, die wenigsten auf der Schale. Lange bekannt ist, dass das pflanzliche Mikrobiom die Nährstoffaufnahme unterstützt und die Pflanze vor Krankheitserregern schützt. Neu ist, dass ein Apfel viele potenzielle Probiotika für den Menschen enthält (Wicaksono et al. 2023b). Alle Pflanzen sind in Co-Evolution mit ihrem Mikrobiom entstanden, d. h., das Mi-

krobiom ist natürlicherweise zu einem großen Teil spezifisch (Berg & Smalla 2009). Dieses Mikrobiom wurde vom Menschen durch die Züchtung verändert. Der Anteil des intrinsischen Kernmikrobioms liegt in allen Apfelsorten bei etwa 50 %. In der anderen Hälfte des Mikrobioms unterscheiden sich die einzelnen Apfelsorten (Abdelfattah et al. 2022). Daraus ergibt sich bereits, dass der Verzehr verschiedener Sorten zu einer höheren Diversität und damit zu einer gesünderen Ernährung beiträgt. Im Umkehrschluss ist daher der Anbau einer großen Zahl verschiedener Sorten wichtig für das Umweltmikrobiom.

Die Nahrungsmittel insbesondere der städtischen Bevölkerung stammen häufig aus globalen Quellen. Äpfel werden aus vielen Teilen der Welt importiert und in der Regel lange (oft über ein Jahr) gelagert, bevor sie bei uns verkauft werden. Das Mikrobiom verändert sich bei der Lagerung stark, auch in sog. erntefrischen Äpfeln aus Südafrika, die i. d. R. frühestens 30 Tage nach der Ernte in unsere Supermärkte gelangen. Während im Mikrobiom frischer Äpfel (Sorten Braeburn, Royal Gala) Pseudomonaden dominieren, mit *Pseudomonas* als Hauptvertreter (15–32 % Anteil am bakteriellen Genom), dominieren in gelagerten Äpfeln Enterobakterien, mit *Rahnella* and *Pantoea* als Hauptvertreter (18–12 %) (Wassermann et al. 2022). Auch das Resistom, d. h. die Gesamtheit aller Antibiotika-Resistenzgene innerhalb des Metagenoms, erhöht sich durch Lagerung und Transport (Wassermann et al. 2022). Auch dies zeigt, dass frische und regionale Produkte gesünder als importierte sind, was letztlich auch für die Planung von Städten und ihrem Umland von Bedeutung ist.

Wie bereits erwähnt, ist das erste Lebensjahr wichtig für die Besiedlung des Darms. Traditionell werden Babys Früchte verabreicht, in Deutschland (geriebene) Äpfel und in Finnland frische Blaubeeren. Mit unseren finnischen Kollegen haben wir festgestellt, dass der kommerzielle Anbau die Diversität des Blaubeerenmikrobioms stark einschränkt. Ähnlich zu den Äpfeln aus Hausgärten ist auch das frische Pflücken von Blaubeeren wertvoll. Hinzu kommt, dass bereits das Ernten der Früchte das Immunsystem positiv stimuliert (Wicaksono et al. 2023c, Sikkonen et al., unveröff.). Dies ist eine interessante Erkenntnis, da gerade das Ernten in sehr vielen Fällen Maschinen oder Saisonarbeiterinnen und -arbeitern überlassen wird.

2 DIABIMMUNE Microbiome Project, mit drei großen Kohorten (Typ-1-Diabetes-Kohorte, Dreiländer-Kohorte, Antibiotika-Kohorte); <https://diabimmune.broadinstitute.org/diabimmune> [abgerufen 25.05.2024].

In einer weiteren Studie wurde in Graz der Einfluss der Luftverschmutzung entlang eines Feinstaubgradienten (gemäß World Air Quality Index Project) auf das Mikrobiom von Äpfeln untersucht. Pilzgemeinschaften wurden dabei von der Umweltbelastung stärker beeinflusst als Bakterien. Weiter zeigte sich eine Ähnlichkeit zwischen den staub- und den schalenassoziierten Bakterien, jedoch nicht mit den Bakterien, die auf der Oberfläche der Äpfel waren. Demnach stellen Staubproben eine potenzielle Quelle für 55 % des Frucht-mikrobioms dar (Schweitzer et al., unveröff.). Auch dieser Befund ist wichtig für die Planung von Gärten im urbanen Räumen.

Ein weiterer Faktor, der das Mikrobiom von Äpfeln verändert, ist ihre Verarbeitung. Sehr viele unserer Lebensmittel werden heute sterilisiert, z.B. die Quetschies für Babys, was angesichts des notwendigen Aufbaus des Darmmikrobioms in den ersten Monaten nach der Geburt kritisch zu sehen ist. Demgegenüber werden durch Zerkleinern, durch Kochen (15 min bei 100 °C) und durch Kochen und Pürieren nicht alle Mikroorganismen abgetötet. Am stärksten nimmt die Zahl und die Diversität der Mikroorganismen durch Einwecken und durch Lufttrocknen, d.h. durch längere Hitzeeinwirkung, ab (Wicaksono et al. 2022b).

Insgesamt ist eine pflanzenbasierte Ernährung für die menschliche Gesundheit sehr wertvoll. Eine Übersicht über viele Studien und eine dementsprechende Empfehlung gibt es von der WHO (2021). Die Ursache hierfür liegt in der positiven Wirkung pflanzlicher Sekundärmetabolite, Ballaststoffe, Vitamine, Mineralien und wahrscheinlich im Mikrobiom.

Welche Faktoren beeinflussen das Mikrobiom? – Lebensstil

Unabhängig von Ernährung und Gewicht verbessert Sport das Darmmikrobiom bereits nach sechs Wochen. Dabei produzieren Bakterien verstärkt kurzkettige Fettsäuren (Allen et al. 2018). Dies ist jedoch ein Effekt, der, ähnlich einer Interventionstherapie, sich nur durch permanentes Sporttreiben einstellt.

Auch das Mikrobiom von Innenräumen ist ein entscheidender Faktor, da wir in der Regel sehr viel Zeit in geschlossenen Räumen verbringen. Luftsysteme, in denen die Innenluft über Filter gereinigt wird, sollten sehr kritisch

betrachtet werden. In Gebäuden, in denen die Luft permanent überwacht und die Oberflächen stark gereinigt werden, ist die Anzahl der Mikroorganismen zwar eine ähnliche wie in schlecht isolierten Gebäuden in einer Waldparkanlage, das Mikrobiom ist jedoch weniger divers und anders zusammengesetzt. So ist das Resistom in Gebäuden mit Luftsystemen größer und die Diversität der Resistenzgene ist höher (Mahnert et al. 2019). Zimmerpflanzen, vor allem solche mit vielen oder großen Blättern, haben in Innenräumen eine positive Wirkung auf das menschliche Mikrobiom (Mahnert et al. 2015, Wicaksono et al. 2023d).

Fazit

Insgesamt ist die pflanzliche Biodiversität auf jeder Ebene sehr wichtig. Eine Studie an alpinen Pflanzen zeigte, dass jedes der oft nur unscheinbaren Pflänzchen sein eigenes Mikrobiom hat, das wiederum die Diversität des Bodenmikrobioms erhöht (Wassermann et al. 2019b). Dieser Kreislauf ist immens wichtig und daher ist auch für das urbane Umfeld z.B. das Pflanzen von Bäumen, die sich in ihrer mikrobiellen Diversität unterscheiden, sehr wichtig. Die mikrobielle Diversität ist essenziell für unsere Gesundheit. Sie ist ein wichtiger Stimulator des Immunsystems und ein Mediator für Mikroorganismen, der Pathogene in Schach hält. Die Mikrobiomforschung hat hier einen Paradigmenwechsel vom Krankheits- zum Gesundheitserreger geschafft.

Danksagung

Die Forschung zum Thema Exposom wurde im Rahmen des Horizon-2020-Programms der Europäischen Union im Projekt HEDIMED (Nr. 874864; www.humanexposome.eu/portfolios/hedimed) gefördert. Ich möchte mich bei Dr. Wisnu Wicaksono (Graz), Dिल्фуза Egamberdiyeva (Taschkent) und bei allen Projektmitarbeitern herzlich für die gute Zusammenarbeit bedanken.

Literatur

- Abdelfattah, A., A. J. M. Tack, B. Wasserman, J. Liu, G. Berg, J. Norelli, S. Droby & M. Wisniewski. 2022. Evidence for host-microbiome co-evolution in apple. – *The New Phytologist*, 234: 2088–2100. DOI: [10.1111/nph.17820](https://doi.org/10.1111/nph.17820)
- Abdelfattah, A., A. J. M. Tack, C. Lobato C, B. Wassermann & G. Berg. 2023. From seed to seed: the role of microbial inheritance in the assembly of

- the plant microbiome. – *Trends in Microbiology*, 31: 346–355. DOI: [10.1016/j.tim.2022.10.009](https://doi.org/10.1016/j.tim.2022.10.009)
- Allen, J. M., L. J. Mailing, G. M. Niemiro, R. Moore, M. D. Cook, B. A. White, H. D. Holscher & J. A. Woods. 2018. Exercise alters gut microbiota composition and function in lean and obese humans. – *Medicine and Science in Sports and Exercise*, 50: 747–757. DOI: [10.1249/MSS.0000000000001495](https://doi.org/10.1249/MSS.0000000000001495)
- Berg, G. & T. Cernava. 2022. The plant microbiota signature of the Anthropocene as a challenge for microbiome research. – *Microbiome*, 10: 54. DOI: [10.1186/s40168-021-01224-5](https://doi.org/10.1186/s40168-021-01224-5)
- Berg, G. & K. Smalla. 2009. Plant species and soil type cooperatively shape the structure and function of microbial communities in the rhizosphere. *FEMS Microbiology Ecology*, 68: 1–13. DOI: [10.1111/j.1574-6941.2009.00654.x](https://doi.org/10.1111/j.1574-6941.2009.00654.x)
- Berg, G., A. Erlacher & M. Grube. 2015. The edible plant microbiome: Importance and health issues. – In: Lugtenberg, B. (ed.): *Principles of plant-microbe interactions*. Springer Cham: 419–426. DOI: [10.1007/978-3-319-08575-3](https://doi.org/10.1007/978-3-319-08575-3)
- Berg, G., D. Rybakova, D. Fischer, T. Cernava, M. C. Vergès, ... & M. Schlöter. 2020. Microbiome definition re-visited: old concepts and new challenges. – *Microbiome*, 8: 103. DOI: [10.1186/s40168-020-00875-0](https://doi.org/10.1186/s40168-020-00875-0)
- EU. 2023. Why you should eat your vegetables. – CORDIS EU research results (News, Scientific advances); EU Publications Office, last update: 20 November 2023. <https://cordis.europa.eu/article/id/447899-why-you-should-eat-your-vegetables> [abgerufen 25.05.2024]
- Hourigan, S. K. & M. G. Dominguez-Bello. 2023. Microbial seeding in early life. – *Cell Host & Microbe*, 31: 331–333. DOI: [10.1016/j.chom.2023.02.007](https://doi.org/10.1016/j.chom.2023.02.007)
- Mahnert A., C. Moissl-Eichinger & G. Berg. 2015. Microbiome interplay: plants alter microbial abundance and diversity within the built environment. – *Frontiers in Microbiology*, 6: 887. DOI: [10.3389/fmicb.2015.00887](https://doi.org/10.3389/fmicb.2015.00887)
- Mahnert, A., C. Moissl-Eichinger, M. Zojer, D. Bogumil, J. Mizrahi, T. Rattei, J. L. Martinez & G. Berg. 2019. Man-made microbial resistances in built environments. – *Nature Communications*, 10: 968. DOI: [10.1038/s41467-019-08864-0](https://doi.org/10.1038/s41467-019-08864-0)
- O'Hara, S. L., G. F. Wiggs, B. Mamedov, G. Davidson & R. B. Hubbard. 2000. Exposure to airborne dust contaminated with pesticide in the Aral Sea region. – *The Lancet*. 355: 627–628. DOI: [10.1016/S0140-6736\(99\)04753-4](https://doi.org/10.1016/S0140-6736(99)04753-4)
- Wassermann, B., H. Müller & G. Berg. 2019a. An apple a day: which bacteria do we eat with organic and conventional apples? – *Frontiers in Microbiology*, 10: 1629. DOI: [10.3389/fmicb.2019.01629](https://doi.org/10.3389/fmicb.2019.01629)
- Wassermann, B., T. Cernava, H. Müller, C. Berg & G. Berg. 2019b. Seeds of native alpine plants host unique microbial communities embedded in cross-kingdom networks. – *Microbiome*, 7: 108. DOI: [10.1186/s40168-019-0723-5](https://doi.org/10.1186/s40168-019-0723-5)
- Wassermann, B., A. Abdelfattah, H. Müller, L. Korsten & G. Berg. 2022. The microbiome and resistome of apple fruits alter in the post-harvest period. – *Environmental Microbiome*, 17: 10. DOI: [10.1186/s40793-022-00402-8](https://doi.org/10.1186/s40793-022-00402-8)
- WHO. 2021. Plant-based diets and their impact on health, sustainability and the environment: a review of the evidence. – World Health Organization, Regional Office for Europe, Copenhagen, 11 S. WHO/EURO:2021-4007-43766-61591
- Wicaksono, W. A., D. Egamberdieva, C. Berg, M. Mora, P. Kusstatscher, T. Cernava & G. Berg. 2022a. Function-based rhizosphere assembly along a gradient of desiccation in the former Aral Sea. – *mSystems*, 7: e00739-22. DOI: [10.1128/msystems.00739-22](https://doi.org/10.1128/msystems.00739-22)
- Wicaksono, W. A., A. Buko, P. Kusstatscher, A. Sinkkonen, O. H. Laitinen, S. M. Virtanen, H. Hyöty, T. Cernava & G. Berg. 2022b. Modulation of the food microbiome by apple fruit processing. – *Food Microbiology*, 108: 104103. DOI: [10.1016/j.fm.2022.104103](https://doi.org/10.1016/j.fm.2022.104103)
- Wicaksono, W. A., D. Egamberdieva, T. Cernava & G. Berg. 2023a. Viral community structure and potential functions in the dried-out Aral Sea basin change along a desiccation gradient. – *mSystems*, 8: e00994-22. DOI: [10.1128/msystems.00994-22](https://doi.org/10.1128/msystems.00994-22)
- Wicaksono, W. A., T. Cernava, B. Wassermann, A. Abdelfattah, M. J. Soto-Giron, G. V. Toledo, S. M. Virtanen, M. Knip, H. Hyöty & G. Berg. 2023b. The edible plant microbiome: evidence for the occurrence of fruit and vegetable bacteria in the human gut. – *Gut Microbes*, 15(2): 2258565. DOI: [10.1080/19490976.2023.2258565](https://doi.org/10.1080/19490976.2023.2258565)
- Wicaksono, W. A., A. Buko, P. Kusstatscher, T. Cernava, A. Sinkkonen, O. H. Laitinen, S. M. Virtanen, H. Hyöty & G. Berg. 2023c. Impact of cultivation and origin on the fruit microbiome of apples and blueberries and implications for the exposome. – *Microbial Ecology*, 86: 973–984. DOI: [10.1007/s00248-022-02157-8](https://doi.org/10.1007/s00248-022-02157-8)
- Wicaksono, W. A., T. Reisenhofer-Graber, S. Erschen, P. Kusstatscher, C. Berg, R. Krause, T. Cernava & G. Berg. 2023d. Phyllosphere-associated microbiota in built environment: Do they have the potential to antagonize human pathogens? – *Journal of Advanced Research*, 43: 109–121. DOI: [10.1016/j.jare.2022.02.003](https://doi.org/10.1016/j.jare.2022.02.003)

Diskussion

H.-L. Schmid: Sie haben davon gesprochen, dass sich das Mikrobiom der Staubpartikel zu 50 Prozent mit dem Mikrobiom in der Apfelschale deckt. Was halten Sie im Zuge dessen vom Anbau von urbanem Gemüse? Wie ist hier die Abwägung zwischen dem Schadstoffgehalt und dem Mikrobiom? Viele Menschen in der Stadt haben sonst keine Möglichkeit, in der Umgebung angebaute Lebensmittel für den Verzehr selbst zu ernten.

G. Berg: Ich denke trotzdem, dass ein in Graz gewachsener Apfel gesünder ist als ein Apfel aus Südafrika, der erst dorthin transportiert werden muss. Unsere Studien haben in erster Linie gezeigt, dass das Mikrobiom sowohl durch Luftschadstoffe als auch durch Transport und Lagerung beeinflusst wird. Für eine Abwägung müsste man einen genaueren Vergleich machen. Die Tools dafür sind jetzt vorhanden.

A. Beck: In dem Begriff Mikrobiom bzw. Mikrobiota waren explizit auch die Algen und Protisten eingeschlossen. Gerade die Protisten sind eine hochdiverse Gruppe von ganz verschiedenen eukaryotischen ein- bis vielzelligen Organismen. Ich habe in Ihren Folien nur Daten von Bakterien und vereinzelt von Pilzen gesehen, aber nichts zu Algen oder Protisten. Auch im Vortrag von Herrn Schlöter haben sie gefehlt.³ Liegt das daran, dass es dazu so wenig Daten gibt, oder spielen Sie keine wesentliche Rolle im Mikrobiom?

G. Berg: Mikroalgen sind in aquatischen Lebensräumen von sehr großer Bedeutung und da werden sie auch schon ganz gut erfasst und untersucht. Man fokussiert sich ja immer etwas auf die Schlüsselorganismen, die Keyplayer im System.

M. Schlöter: Bei den Protisten ist es ähnlich wie bei Viren und Phagen: Wir stehen methodisch mit unseren Techniken erst am Anfang. Es gibt eine Reihe sehr guter Studien darüber, Protisten molekular über Barcoding-Ansätze zu erfassen und Aussagen über ihre Diversität zu machen. Für den nächsten Schritt, die Funktionalität zu bestimmen, fehlen uns aber noch die Werkzeuge. Sie haben vollkommen recht, neben Bakterien, Pilzen und Archaeen gehören noch eine ganze Reihe weiterer Mikroorganismen zum Mikrobiom, und natürlich macht die Interaktion dieser ganzen Organismengruppen die Funktionalität eines Mikrobioms aus. Da fehlen uns etliche Glieder, die wir noch nicht verstehen. Ich denke, dass Protisten im urbanen Umfeld durchaus eine Rolle spielen, aber im Moment sind wir nicht wirklich in der Lage, ihr Potenzial zu erfassen, und blenden sie daher noch aus. Da wird sich in den nächsten Jahren mit der Weiterentwicklung der Methoden sicherlich noch einiges tun, auch im Hinblick auf eine gezielte Beeinflussung des Mikrobioms.

3 Schlöter, M. 2024. Das urbane Umfeld – ein Hotspot für antibiotikaresistente Mikroorganismen? – In: Bayer. Akademie der Wissenschaften (Hrsg.): One Health: StadtGesundheit und Biodiversität. Pfeil, Günding: 23–30.