

The blood microbiome as clinical biomarker in CF lung disease

Beteiligte Wissenschaftler: Prof. Dr. Robert Bals, Universitätsklinikum des Saarlande
Innere Medizin 5, Homburg
Prof. Burkhard Tümmler
Klinik für Pädiatrische Pneumologie, Allergologie und
Neonatologie, Medizinische Hochschule Hannover
Dr. Lutz Wiehlmann
Zentrale Forschungseinrichtung Genomics, Medizinische
Hochschule Hannover

Laufzeit: 12 Monate; 01. März 2019 – 29. Februar 2020

Fördervolumen: 50.000 €

Ziel des Projekts:

Das Ziel dieses Projektes war es, die Behandlung von Patienten mit Mukoviszidose zu verbessern, indem neue Mechanismen der Erkrankung identifiziert werden und diese in die klinische Anwendung übersetzt werden. Hier ging es um die Hypothese, dass im Rahmen der Lungenerkrankungen Bakterien oder deren Bauteile von der Lunge in das Blut übertragen werden. Dies könnte erklären, warum die schwere Lungenerkrankung auch Auswirkung auf andere Organe hat. Zum anderen kann dieser Mechanismus dazu verwendet werden, neue Labormethoden zu entwickeln, die es erlauben, anhand der Bestimmung von bakteriellen Molekülen im Blut eine Aussage über die Erkrankungsschwere, die Prognose, oder das Vorliegen einer akuten Verschlechterung zu treffen.

Unsere vorläufigen Daten zeigten, dass bei Mukoviszidose deutlich erhöhte Konzentrationen von bakteriellen Molekülen im Blut vorhanden sind. Nun wollten wir mithilfe moderner Methoden das Mikrobiom des Blutes bei Patienten mit Mukoviszidose analysieren. Das Mikrobiom ist eine Bezeichnung für die Gesamtheit aller Mikroorganismen in einem Untersuchungsmaterial. Hier zeigte sich in den letzten Jahren, dass das Mikrobiom der Lunge bei Mukoviszidose starke Abweichungen vom Mikrobiom bei Gesunden aufweist. Im Rahmen des aktuellen Projektes lag der Fokus auf der Untersuchung des Mikrobioms des Blutes.

Ergebnisse:

Das Projekt wurde als Pilot-Versuch durchgeführt, um die prinzipielle Möglichkeit der Durchführung zu testen. Von mehreren Studienteilnehmern wurde nach deren Einverständnis Blut abgenommen (gesunde Kontrollen, stabile und CF Patienten mit akuter Entzündung, Sepsispatienten). DNA wurde aus dem Blut isoliert. Als Kontrolle wurden auch Leerproben sowie Blut mit hinzugegebenen Bakterien verwendet.

Die Analyse mittels DNA-Sequenzierung zeigte die Anwesenheit großer Mengen an DNA, die jedoch zum überwiegenden Großteil vom Menschen stammte. Trotz der Verwendung empfindlicher Analyse- Algorithmen konnten wir keine bakterielle DNA in Blutproben finden, die eine sinnvolle Assoziation zu den eingesetzten Proben habe.



Es muss daher geschlussfolgert werden, dass mit der aktuell verfügbaren Technologie kein Nachweis eines Mikrobioms im Blut durchgeführt werden kann.