

1 Grundlagen

1

Die Erforschung des Mikrobioms, insbesondere des intestinalen Mikrobioms hat in den letzten Jahrzehnten einen großen Aufschwung erlebt und ist nicht neu. Das Darmbakterium *Escherichia coli* (*E. coli*) wurde bereits 1885 isoliert, und die Milchsäurebakterien wurden schon im Jahr 1899 beschrieben.

Das Konzept der Darm-Hirn-Achse erregt seit Hunderten von Jahren die Aufmerksamkeit von Wissenschaftlern, und die Bedeutung mikrobiomassoziierter Stoffwechselprodukte seit mehr als 40 Jahren. Um das Darmmikrobiom oder den alten Begriff „Darmflora“ ranken sich viele Mythen. Es gibt viele Erkenntnisse, die die Bedeutung der Bewohner unseres Körpers unterstreichen.

1.1 Der Mensch als Holobiont

Ein Metaorganismus mit einem komplexen Netzwerk verschiedenster Lebewesen gilt nach der Lehre der Evolutionsbiologie als **Holobiont**. Der Mensch als Makroorganismus wird von unterschiedlichen Mikroorganismen besiedelt, die mit dem Körper interagieren. Der Hauptteil dieser Mikrobiotika befindet sich beim Menschen im **Darm**. Lange Jahre konzentrierte sich die Forschung auf dieses Organ. Heute ist bekannt, dass sich kleine Lebewesen wie **Bakterien**, **Archaeen** und **Pilze** sowie **Viren** in und auf allen Bereichen des Körpers befinden (Heim 2024). Schon Hippokrates erkannte: „Der gesunde Darm ist die Wurzel aller Gesundheit“.

In der Mikrobiomforschung lag der Schwerpunkt lange Zeit auf den Untersuchungen der **pathogenen** Keime. Im Laufe der Jahre rückte das Bewusstsein in den Vordergrund, dass der überwiegende Teil der Bakterien für den Wirt nützlich ist. Wahrscheinlich gibt es bei einem Menschen mehr Bakterien als humane Zellen. Diese beeinflussen viele physiologische Vorgänge. Zahlreiche neue Forschungsergebnisse helfen den Einfluss der Mikroorganismen auf unseren Stoffwechsel, das Hormonsystem, das Immunsystem und die Psyche zu verstehen.

Holobiont

Ein Holobiont ist ein komplexes, biologisches System und bezeichnet eine Lebensgemeinschaft von verschiedenen Organismen. Diese Organismen leben in symbiotischer Beziehung miteinander und fungieren als eine zweckmäßige Einheit. Der Begriff Holobiont betrachtet den Hauptorganismus (z. B. der Mensch), seine Umgebung und eine Vielzahl von Mikroorganismen, die ihn besiedeln (Pflanzenforschung.de 2024).

1.2 Begriffsdefinitionen

1.2.1 Mikrobiota

Die Mikrobiota ist die **Gesamtheit aller Mikroorganismen**, die einen Lebensraum oder einen Organismus, wie zum Beispiel unseren Körper, besiedeln. Die Mikrobiota umfasst eine Vielzahl von Bakterien, Viren, Pilzen und anderen Mikroorganismen, die hauptsächlich

lich im Darm (**Darmmikrobiota**), aber auch auf der Haut (**Hautmikrobiota**), im Mund und in anderen Körperregionen vorkommen.

Diese Mikroorganismen sind unterschiedlich metabolisch aktiv und stellen viele Stoffwechselprodukte her, die unser Körper zum Leben benötigt (► Kap. 2.1.9).

Die Zusammensetzung der Mikrobiota ist von Mensch zu Mensch unterschiedlich, kann sich im Laufe des Lebens verändern und wird durch bestimmte Faktoren wie Ernährung, Lebensstil und Medikamente beeinflusst (► Kap. 3.5).

Unter Normalbedingungen hat die Mikrobiota eine gesundheitsfördernde und -erhaltende Wirkung. Sie spielt eine wichtige Rolle für die menschliche Gesundheit, indem sie Verdauung, Immunsystem und Stoffwechsel beeinflusst (► Kap. 3.2).

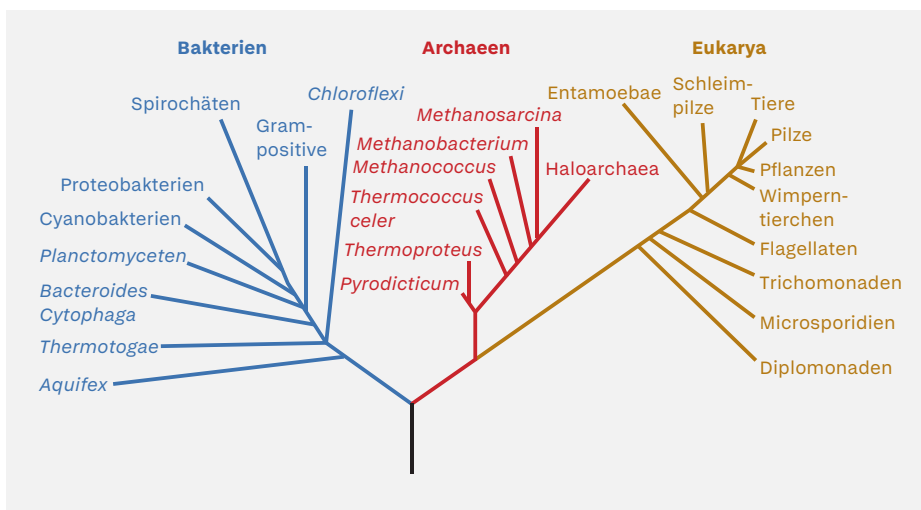
Gute (**kommensale**) und **pathogene** Mikroorganismen leben in und auf dem menschlichen Körper. Es handelt sich um eine Vielzahl von:

- Bakterien,
- Mikroalgen,
- Pilzen,
- Viren und
- Archaeen.

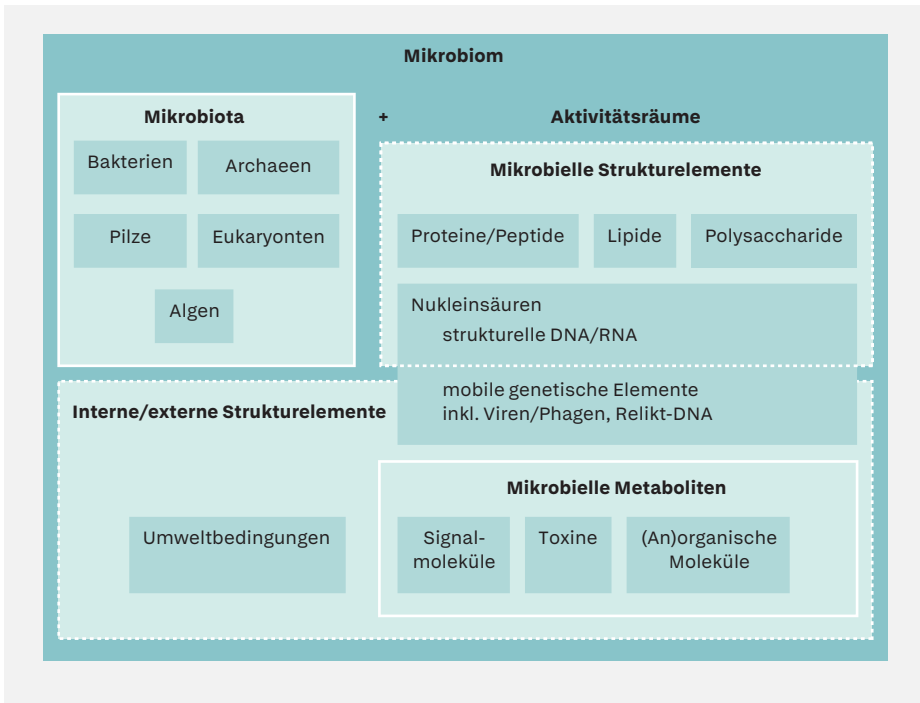
Die Phylogenetik (genetische Verwandtschaft) der Mikroorganismen konnte basierend auf Sequenzvergleichen der **16(18)S-rRNA-Gene** in einem universellen Stammbaum nach Carl Woese übersichtlich dargestellt werden (● Abb. 1.1).

Phylogenetik

Die Erforschung der stammesgeschichtlichen Entwicklung von Lebewesen ist Inhalt der Phylogenetik. Die Untersuchungen zur Erkundung von Verwandtschaftsgraden erfolgen durch Auswertung komplexer Sequenzierungsdatensätze (Nolte et al. 2026).



● **Abb. 1.1** Phylogenetischer Stammbaum nach Carl Woese



● **Abb. 1.2** Zusammensetzung des Mikrobioms – schematische Darstellung

1.2.2 Mikrobiom

Der Begriff Mikrobiom (griechisch „Biom“ = Großlebensraum) wurde durch Joshua Lederberg 2001 geprägt. Er bezeichnete es sinngemäß als die ökologische Gemeinschaft kommensaler, symbiotischer und pathogener Mikroorganismen, die sich unseren Körperraum teilen.

Biom

Ein Biom (griechisch bio = „Leben“) ist für eine bestimmte Art (Pflanzen, Tiere, Mikroorganismen) ein typischer Lebensbereich mit definierten biologischen, physikalischen und chemischen Grenzen (Berg 2024).

Im Gegensatz zur Mikrobiota (► Kap. 1.2.1), umfasst das **Mikrobiom** nicht nur die Gesamtheit der Mikroorganismen, sondern zusätzlich auch ihr **genetisches Material** (Gene) sowie ihre **Stoffwechselprodukte** (Metaboliten) und ihre **mikrobiellen Strukturelemente** (● Abb. 1.2).

Das Mikrobiom betrachtet also nicht nur die einzelnen Mikroorganismen, sondern auch ihre Funktionen und ihre Interaktionen untereinander sowie mit ihrer Umgebung.

Das menschliche Mikrobiom besteht in der Mehrzahl aus **Bakterien**, die vor allem den Mund, den Darm, die Vagina, die Haut und die Augen dicht besiedeln. Jeder Erwachsene besitzt ein sogenanntes **Kernmikrobiom**. Dieses hat im Körper sehr vielseitige Funktionen.

Das intestinale Mikrobiom

Die Bezeichnung **Darmflora** gilt als veralteter Begriff für das **intestinale Mikrobiom**. Das intestinale Mikrobiom hat vielfältige Aufgaben und ist für unsere Gesundheit von großer Bedeutung (► Kap. 3.2).

Aufgaben des intestinalen Mikrobioms

- Stärkung der **epithelialen Barrierefunktion** durch Produktion von Schleim, Defensinen oder Tight Junctions (► Kap. 1.3),
- Stimulation des **Immunsystems** (► Kap. 3.2.3),
- Ernährung der Enterozyten durch bakterielle Metaboliten,
- **Vitamin-K-Produktion** durch Anaerobier im Dickdarm,
- bessere Ausnutzung des Energiegehalts von Nährstoffen mithilfe bakterieller Enzyme,
- **Entgiftung** von Lebensmitteln,
- Bildung von **Stoffwechselprodukten** durch Fermentation (► Kap. 2.1.9),
- Beeinflussung der Hirnfunktion, indem sie die Produktion von **Neurotransmittern** wie Serotonin, Dopamin und Gamma-Aminobuttersäure (GABA) regulieren und
- Produktion von **Glucuronidasen**, die die Pharmakologie von Medikamenten beeinflussen (► Kap. 4.8; Hof und Schlüter 2022).

Wie bereits erwähnt, besteht das Mikrobiom hauptsächlich aus Bakterien. Im Darm dominieren die folgenden **Abteilungen** (Phyla) von Bakterien:

- **Bacillota** (früher: Firmicutes)
- **Bacteroidota** (früher: Bacteroidetes)
- **Actinomycetota** (früher: Actinobacteria)
- **Pseudomonadota** (früher: Proteobacteria)
- **Verrucomicrobiota**

Ferner sind über **20** weitere **Bakterienabteilungen** mit geringerem Mengenanteil bekannt. Innerhalb der aktuell bekannten Abteilungen verzweigt sich der Stammbaum so weit, dass schätzungsweise **2000 Bakteriengattungen** und **5000 Bakterienarten** eine große bakterielle Vielfalt und Fülle ermöglichen (Schulze J).

Das **International Committee on Systematics of Prokaryotes** (ICSP) beschloss im Jahr 2021, die taxonomische Kategorie **Abteilung** (Phylum) mit der Endung „-ota“ zu versehen (► Kap. 2.1.2). Damit änderten sich auch die Namen von Darmbewohnern (Bruhn 2023).

Phylum oder Stamm oder Abteilung?

„Phylum“ (Plural „Phyla“; dt. „Stamm“; auch „Abteilung“) ist eine hierarchische Rangstufe in der Taxonomie. Innerhalb der sogenannten „Domänen“ der Bakterien und der Archaeen als Prokaryoten ohne Zellkern erfolgt eine unmittelbare Aufteilung in unterschiedliche Abteilungen (Stämme). (Wikipedia „Stamm“ 2025).

Die wichtigsten taxonomischen Rangstufen sind demnach: Domäne > Phylum (Syn.: Abteilung, Stamm) > Klasse > Ordnung > Familie > Gattung > Art > Unterart (► Kap. 2).

Achtung: Keine taxonomischen Rangstufen sind die im deutschsprachigen Raum ebenfalls als „Stämme“ (engl. strains) bezeichneten Abstammungslinien von z. B. Bakterien, Archaeen und Viren. Hier wird der Begriff „Stamm“ zur weiteren Charakterisierung von Arten (Spezies) und Unterarten (Subspezies) eingesetzt. Beispiel: *Escherichia coli* Stamm Nissle 1917

Das intestinale Mikrobiom eines Menschen ist spezifisch und entspricht einem „individuellen Fingerabdruck“ im Darm. Betrachtet man die verschiedenen dominierenden Abteilungen der Bakterien, sind Gemeinsamkeiten zu erkennen, aber bei der Betrachtung der individuellen Ebenen ist das intestinale Mikrobiom bei jeder Person **komplett** unterschiedlich und umfasst eine große bakterielle Vielfalt. Die Individualität ist so ausgeprägt, dass man sie sogar forensisch nutzen kann. Jeder Mensch könnte an seiner Stuhlprobe erkannt werden.

Im Jahre 2018 sammelten chinesische Forscher von 7009 Personen aus 14 Distrikten Stuhlproben. Die Auswertungen zeigten unterschiedliche Bakterienzusammensetzungen der einzelnen Individuen. Dabei kamen die Wissenschaftler zu dem Ergebnis, dass die Lebensweise einen großen Einfluss auf die Zusammensetzung des Mikrobioms hat. Sie konnten kein Muster erkennen, welche Verhaltens- oder Ernährungsformen einen Einfluss auf Stoffwechselerkrankungen wie zum Beispiel Diabetes haben (Röthlein 2020).

Kommensalen

Die Kommensalen sind Organismen, die sich, im Gegensatz zu den Parasiten, von Nahrungsbestandteilen ihres Wirtes ernähren, ohne ihn zu schädigen. Beispielhaft dafür sind die physiologischen Bakterien des Darms und des Mundraums (Rauth 2021).

1.2.3 Mikrobiotika

Mikrobiotika ist ein Überbegriff für **lebende Mikroorganismen** und **unverdauliche Lebensmittelbestandteile**, die einen positiven Einfluss auf das intestinale Mikrobiom haben und sich so positiv auf die Gesundheit auswirken können (Scharl 2023). Dazu zählen

- **Probiotika:** Zubereitungen aus lebenden Mikroorganismen. Sie kommen in fermentierten Lebensmitteln wie Joghurt, Sauerkraut oder Kefir vor oder sind als Nahrungsergänzungsmittel erhältlich. Sie können durch den positiven Effekt auf das intestinale Mikrobiom das Immunsystem stärken (► Kap. 4.3).
- **Präbiotika:** Unverdauliche Lebensmittelbestandteile, wie Ballaststoffe (z. B. Inulin), die das Wachstum nützlicher Bakterien im Darm fördern (► Kap. 4.4).
- **Synbiotika:** Kombination aus Probiotika und Präbiotika (► Kap. 4.5).

1.2.4 Mikroorganismen

Mikroorganismen (Mikroben) sind einzellige Lebewesen, wie die Bakterien und Archaeen, oder Organismen mit wenigen Zellen, wie Pilze und Algen. Jeder Mensch trägt auf seinen inneren und äußeren Oberflächen etliche Billionen Mikroorganismen, die am Auf-, Um- und Abbau organischer oder anorganischer Materialien beteiligt sind. Sie leben in größeren Verbänden und nicht als Individuen.

Früher waren Mikroorganismen als Auslöser von Pest, Typhus oder Cholera gefürchtet und wurden lange Zeit ausschließlich als krankheitsverursachende Organismen angesehen.

Mikroorganismen wenden verschiedene Mechanismen an, die ihnen eine Verankerung und Ausbreitung im Wirtsorganismus ermöglichen. Als Bestandteil des menschlichen Mikrobioms gelingt es ihnen, die Immunantwort des Körpers zu umgehen und mit dem menschlichen Körper zu interagieren.

1.2.5 Bakteriom

Die bakterielle Komponente des Mikrobioms die den Körper des Menschen besiedelt, ist das **Bakteriom**. In verschiedenen Organen, Teilen von Organen oder Zellen leben Bakterien symbiotisch zusammen.

Neben den 5 dominierenden Abteilungen **Bacillota**, **Bacteroidota**, **Actinomycetota**, **Pseudomonadota** und **Verrucomicrobiota** sind über 20 weitere Bakterienabteilungen bekannt, die wiederum sehr umfangreich verzweigt sind. Annähernd 2000 Bakteriengattungen und 5000 Bakterienarten pro Person ermöglichen eine große bakterielle Vielfalt und Fülle (► Kap. 1.2.2).

Beim Menschen und vielen Tieren wird der Darm als Bakteriom angesehen, da in ihm Bakterien in einer symbiotischen Beziehung mit dem Wirt leben. Bakterien kommen in unterschiedlichen Formen vor und versorgen sich als einzellige Lebewesen selbst. Sie überleben für Wochen oder Monate im Körper und vermehren sich unter vielen verschiedenen Lebensbedingungen. Im Darm leben meist anaerobe Spezies. Krankheiten lösen nur ca. 1 % der Bakterien aus.

1.2.6 Virom

Obwohl Viren nicht zu den Lebewesen zählen, werden sie wegen ihrer Größe trotzdem als Mikroorganismen klassifiziert (► Kap. 2.4).

Das **intestinale Virom** ist individuell und anpassungsfähig. Viele Hinweise deuten darauf hin, dass auch die Viren im menschlichen Organismus eine wichtige Rolle spielen. In einer Studie wurde gezeigt, dass das intestinale Virom von Probanden über den Zeitraum von 2,5 Jahren mehr oder weniger konstant blieb. In diesem Zeitraum blieben 80 % der viralen Sequenzen unverändert. Der Einfluss der Ernährung auf die Zusammensetzung des Viroms ist größtenteils noch unklar.

Das Virom von Menschen, die im selben Haushalt leben, passt sich an, indem ein kleiner Teil der Bakteriophagendiversität untereinander ausgetauscht wird (Thannesberger 2020).

1.2.7 Mykobiom

Das **Mykobiom** ist der Teil des Mikrobioms, der durch Pilze gebildet wird. Dabei handelt es sich um Pilzarten, die natürlicherweise in diesem Lebensraum vorkommen oder die in den Körper eingeführt wurden. Die Pilze sind ein Teil der normalen Mikrobiota von Haut und Schleimhäuten.

Ein regulärer Bestandteil der intestinalen Mikrobiota des Menschen ist unter anderem der Hefepilz **Candida albicans**. Daneben gibt es Spross- und Schimmelpilze. Einige der Pilze sind vermutlich nur vorübergehend nach Nahrungsaufnahme im Darm.

Welche Rolle den Pilzen für unsere Gesundheit zukommt und wie sie mit den Bakterien interagieren, muss noch genauer untersucht werden. Bekannt ist, dass einige Bakterienstämme Pilze durch ihre Stoffwechselprodukte beeinflussen. So hemmt zum Beispiel Proponat das Wachstum von *Candida albicans*. Eine Störung der bakteriellen Mikrobiota kann die Pilzmikrobiota verändern.

1.2.8 Archaeom

Archaeen sind zelluläre Lebewesen und wurden früher zu den Bakterien gezählt (► Kap. 2.2). Sie gelten heute aufgrund ihrer anderen funktionellen und phänotypischen Merkmale als eigene Klasse. Es sind **Prokaryoten**, also einzellige Lebewesen ohne Zellkern, wie die Bakterien. Sie werden als **Extremophile** bezeichnet und sind in der Lage, extreme Lebensräume zu besiedeln. Dabei kann es sich um hohe Salzkonzentrationen, säurehaltige Umgebungen, dauerhaft niedriges Energieangebot oder niedrige Sauerstoffkonzentrationen handeln. Die archaische Gemeinschaft, das sogenannte Archaeom, ist ein wichtiger Bestandteil des wirtsassoziierten Mikrobioms (Borrel et al. 2020).

1.2.9 Mikroökologie des Menschen

Die Mikroökologie befasst sich mit den Wechselbeziehungen zwischen den verschiedenen Mikroorganismen und ihrem Lebensraum. Die Mikroökologie des Menschen beschäftigt sich somit auch mit unserem Mikrobiom.

Besonders unser **intestinales Mikrobiom** hat für uns eine besondere Funktion (► Kap. 1.2.2). Es beeinflusst zum Beispiel unsere Verdauung, spielt eine Rolle bei der Immunabwehr und ist unter anderem an der Produktion wichtiger Stoffwechselprodukte beteiligt. Zusammenfassend ist das intestinale Mikrobiom für unsere Gesundheit sowie für unser Wohlbefinden von großer Bedeutung.

Das intestinale Mikrobiom agiert im und mit dem Dün- und Dickdarm sehr unterschiedlich. Im Dünndarm konkurrieren Mensch und Mikrobiota um die Nährstoffe. Im Dickdarm befinden sich größtenteils schwer verdauliche Reststoffe aus der Dünndarmverdauung. Hier kooperieren Mensch und Mikrobiom bei der Nutzung der verfügbaren Nährsubstrate (Mayr 2007).

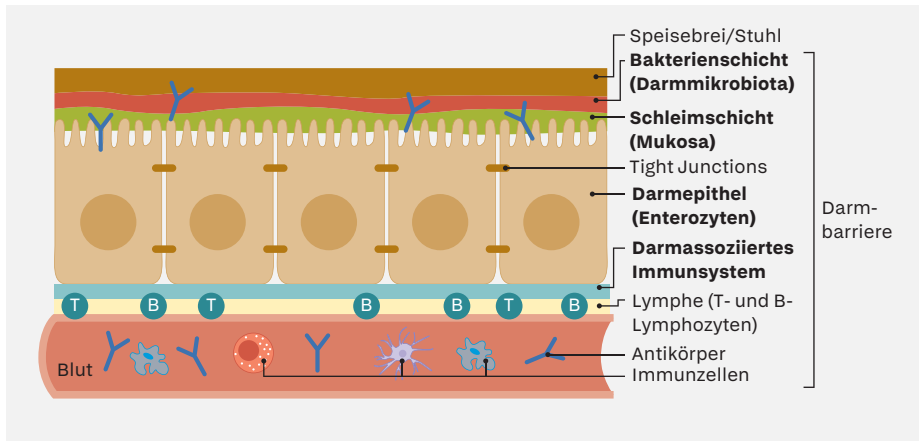
Eine große Vielfalt an Mikroorganismen, die **Diversität**, erweist sich günstig für die Gesundheit. Bei der Beurteilung des Ausmaßes werden verschiedene Lebensräume betrachtet oder miteinander verglichen:

- **Alpha-Diversität** beschreibt die verschiedenen Mikroorganismen innerhalb eines bestimmten Lebensraums. Sie gilt als Maß für die Artenvielfalt.
- **Beta-Diversität** ist ein Maß für die Unterschiede in der Vielfalt und Zusammensetzung zwischen verschiedenen Individuen. Verglichen wird immer derselbe Lebensraum, beim Mikrobiom meist der Darm.
- **Gamma-Diversität** gilt als Maß für die Diversität großer Gebiete, die sehr unterschiedliche Lebensräume einschließen können.

Bei der Berechnung eines Diversitätsindexes entsteht eine quantitative Kenngröße, in der die Häufigkeit der einzelnen Arten berücksichtigt wird:

- **Shannon-Index** berücksichtigt die Anzahl der verschiedenen Bakterienarten und die relative Häufigkeit jeder einzelnen Art. Er ist umso höher, je ähnlicher die Individuen dichten der Arten sind, wohingegen der
- **Simpson-Index** auch die Verteilung der Bakterien abbildet. Er legt aber ein größeres Augenmerk auf bestimmte einzelne Arten. So wird ihre Dominanz besser hervorgehoben.

Die Diversität reagiert sensibel auf die Ernährung, Medikamente, Stress oder Bewegung. Sie variiert mit dem Alter und dem Geschlecht. Wenn die individuelle Bakterienflora eine hohe Diversität aufweist, funktioniert die Darmbarriere besser. Bei verschiedenen chronischen



● **Abb. 1.3** Aufbau der Darmbarriere

Erkrankungen wird zunehmend eine Abnahme der Diversität als Ausdruck einer Fehlbesiedelung festgestellt. Dazu gehören unter anderem Adipositas, das atopische Ekzem, Arteriosklerose, chronisch-entzündliche Darmerkrankungen, Diabetes, Zöliakie und viele andere Erkrankungen (Spektrum.de 1999, CD Genomics 2026).

1.3 Aufbau der Darmbarriere

Die Darmbarriere besteht aus 4 interagierenden Schichten (● Abb. 1.3), die die Durchlässigkeit von Substanzen selektiv steuern, pathogene Keime verdrängen und die Nährstoffaufnahme ermöglichen.

Die Darmbarriere hat eine schützende Funktion und ist essenziell für unsere Gesundheit. Ist die Darmbarriere nicht intakt oder durchlässig (► Kap. 1.3.5), kann es zu Entzündungen und anderen gesundheitlichen Problemen kommen (Bergner 2025).

Die Darmbarriere besteht aus folgenden Schichten:

1. Bakterienschicht (Darmmikrobiota),
2. Schleimschicht (Mukosa), die am Epithel befestigt ist,
3. Darmepithel mit den Tight Junctions und das
4. darmassoziierte Immunsystem.

1.3.1 Bakterienschicht

Die erste Schicht der Darmbarriere ist die **Mikrobiota**, also eine Vielzahl an Bakterien, die sich an der Schleimschicht (Mucus) ansiedeln und festhaften (● Abb. 1.3).

Die Bakterien lagern sich als Flocken, Beläge oder Schlämme zusammen und bilden einen Biofilm mit einer Grundmatrix aus extrazellulären polymeren Substanzen (EPS). Innerhalb dieses Biofilms kommunizieren die Bakterien über Signalmoleküle miteinander.

Durch diesen Biofilm sind die Bakterien der Darmmikrobiota resistenter gegenüber den Umgebungsbedingungen. Der Biofilm enthält das **sekretolytische Immunglobulin A** (sIgA), das sich an pathogene Mikroorganismen anheftet und verhindert, dass sich Krankheitserreger im Darm ausbreiten und in den Körper eindringen. Zusätzlich ist die Darmmikrobiota wichtig bei der Verwertung von Nahrungsbestandteilen und sorgt für ein stabiles

Immunsystem. Die Schleimhäute des **Dickdarms** sind besonders dicht mit Darmbakterien besiedelt, die das Immunsystem steuern.

Somit spielt die Darmmikrobiota eine wichtige Rolle bei der Aufrechterhaltung der Darmbarriere und der Gesundheit.

Biofilm

Biofilme sind von Mikroorganismen gebildete Schleimschichten. Diese Lebensgemeinschaften von Bakterien, Pilzen oder Algen haften an Oberflächen. Diese Filme passen sich an die jeweilige Umgebung an (Universitätsklinikum Jena 2026). Die Bildung eines Biofilms ist abhängig von

- der Art der Mikroorganismen,
- den Oberflächeneigenschaften des zu besiedelnden Materials,
- dem Nährstoffangebot,
- dem Wassergehalt,
- der Temperatur und
- den Strömungsbedingungen.

1

1.3.2 Schleimschicht

Unterhalb der Darmmikrobiota befindet sich die erste physikalische Barriere, die Darmschleimhaut oder auch **Mukosa** (● Abb. 1.3) genannt, die den Darm von innen auskleidet.

Im Darm gibt es eine feste und eine lockere Schleimschicht aus Muzinen. Die feste Schicht ist am Epithel befestigt und frei von Bakterien. Sie besteht aus verschiedenen Zelltypen mit unterschiedlichen Aufgaben:

- Sekretion des Schleims (Mukus),
- Sekretion antimikrobieller Substanzen wie **Lysozym** und **Defensine** (► Kap. 3.2.3) sowie **Antikörper** (IgA),
- Schutz vor mechanischen Reizen, pathogenen Mikroorganismen und Toxinen,
- Resorption von Nährstoffen und Wasser
- Immunfunktion durch Sekretion von Abwehrzellen.

Zellen der Schleimschicht

Sogenannte **Paneth-Zellen** der Dünndarmschleimhaut geben direkt spezielle Stoffe ab, die die eingedrungenen Erreger bekämpfen. **M-Zellen** hingegen nehmen die Erreger auf und transportieren sie zu speziellen Abwehrzellen (Klosterfrau 2025).

Dünndarmschleimhaut

Die Schleimschicht (Mukosa) im Dünndarm ist stark gefaltet und mit vielen **Darmzotten** besetzt (● Abb. 1.4). Die Darmzotten sind schleimabsondernde Erhebungen, die die Nährstoffe aus dem Darm aufnehmen. Neben der Barrierefunktion hat die Dünndarmschleimhaut die Aufgabe der Resorption von Wasser und Nahrungsbestandteilen.

Dickdarmschleimhaut

Die Schleimhaut des Dickdarms spielt für die **Immunabwehr** eine große Rolle. Lymphknoten in der Schleimhaut des Dickdarms enthalten Leukozyten, die Fremdkörper oder Krankheitserreger durch die Bildung von Antikörpern eliminieren.

2 Taxonomie der Mikroorganismen

Die korrekten Zuordnungen und Bezeichnungen der Mikroorganismen sind sehr komplex und stellen eine große Herausforderung dar. Die Internationale Kommission für die Systematik der Prokaryoten (International Committee on Systematics of Prokaryotes = ICSP) legt die Regeln für die Nomenklatur der Bakterien fest (► Kap. 1.2.2).

Für die Mikroorganismen gilt innerhalb einer Domäne die gleiche Rangfolge wie bei höheren Lebewesen:

1. Reich (nicht bei Prokaryoten)
2. Abteilung (**Phylum**)
3. Klasse
4. Ordnung
5. Familie
6. Gattung (Genus)
7. Art (**Spezies**)
8. Unterart (**Subspezies**)

Dazu kommen die Viren mit ihrer eigenen Taxonomie.

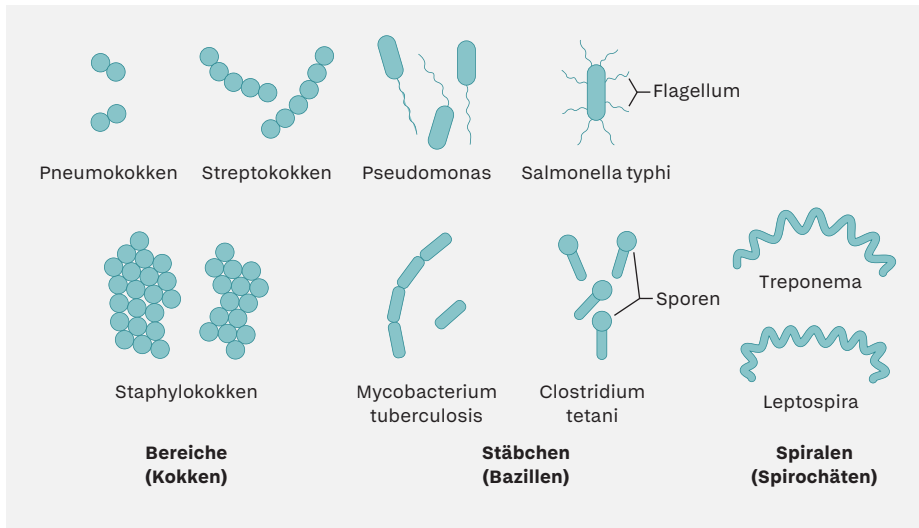
Werden die Abstammungslinien von Bakterien, Archaeen und Viren weiter untergliedert, wird zur weiteren Charakterisierung von Arten (Spezies) und Unterarten (Subspezies) oft der Begriff „Stamm“ eingesetzt. Beispiel: *Escherichia coli* Stamm Nissle 1917 oder *Lactobacillus casei* W56. W56 ist eine **spezifische Kennung** für einen bestimmten Bakterienstamm. Der Stamm kann dadurch eindeutig identifiziert werden.

2.1 Bakterien

Von den mikroskopisch kleinen, **einzelligen** Organismen existieren sehr viele verschiedene Arten. Sie kommen an fast allen Orten, auf oder in Lebewesen, vor und lösen nur selten Krankheiten aus. Bakterien gehören zu den **Prokaryoten** und werden nicht in Reiche klassifiziert, sondern unmittelbar in **Abteilungen** (Phylum).

Die Bakterien werden nach folgenden Kriterien eingeteilt:

- Ein oder mehrere ähnliche Merkmale (in Gattungen):
 - Innerhalb einer Gattung erfolgt die Aufteilung nach **Art** bzw. **Spezies**. Bakterien einer Art haben etwa die gleiche Erbausstattung, sind aber nicht völlig identisch, wodurch eine große genetische Diversität entsteht. Innerhalb einer Art kann es mehrere **Unterarten** (Subspezies) geben. Letztere zeigen genetische sowie chemische bzw. physiologische Unterschiede (► Kap. 2.1.9).
- Veränderung nach dem Zusatz von Färbemitteln:
 - Für Bakterien gibt es viele verschiedene **Färbeverfahren**, wobei die Gram-Färbung das bekannteste ist. **Grampositive** und **gramnegative** Bakterien färben sich durch die



● **Abb. 2.1** Grundformen der Bakterien

Verschiedenartigkeit ihrer Zellwände und lassen sich dadurch unterscheiden (► Kap. 2.1.1). Grampositive und gramnegative Bakterien verursachen sehr unterschiedliche Infektionen und reagieren auf unterschiedliche Arten von Antibiotika.

- Grundform (● Abb. 2.1):
 - Kokken sind kugelförmig,
 - Bazillen sind stäbchenförmig,
 - Spirochäten sind spiral- oder schraubenförmig
- Sauerstoffbedarf:
 - Einige Bakterien benötigen zum Überleben **Sauerstoff**, es sind sogenannte **Aerobier**, andere Bakterien benötigen keinen Sauerstoff und werden als **Anaerobier** bezeichnet. Teilweise sterben die anaeroben Spezies sogar bei Kontakt mit Sauerstoff ab oder können sich nicht weiter vermehren (Bush und Vazquez-Pertejo 2025).

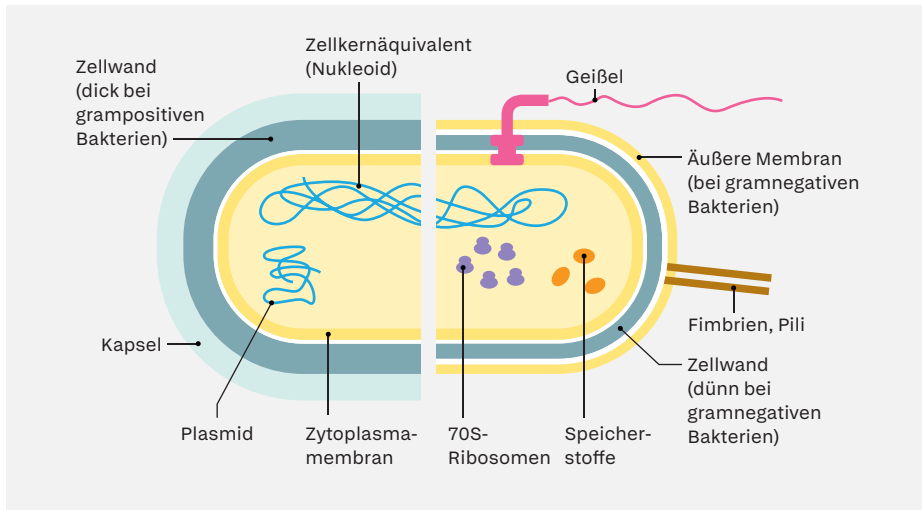
2.1.1 Aufbau

Bakterien sind **einzellige Lebewesen** und besitzen eine DNA und eine RNA. Das Erbmateriale ist in einem einzigen, meist **ringförmigen** Chromosom (Nukleoid) enthalten, das sich nicht in einem definierten Zellkern, sondern **frei** im Zytoplasma befindet und auf dem die genetische Information gespeichert ist. (● Abb. 2.2). Die DNA ist doppelsträngig.

Ausnahmen bilden hier die Bakterien *Helicobacter pylori*, *Borrelia burgdorferi* und einige andere Bakterien mit einem **linearen** Chromosom. Einen doppelten Satz an Chromosomen haben zum Beispiel *Neisseria* und *Burkholderia*.

Die **Prokaryoten** verfügen über einen komplexen Stoffwechsel mit einem eigenen Proteinsyntheseapparat. Bakterien vermehren sich ungeschlechtlich mittels Querteilung (Hof und Schlüter 2022).

Ein wichtiges Unterscheidungsmerkmal der Bakterienzellen ist der Aufbau ihrer Zellwand. Bei den **grampositiven** Bakterien ist die Zellwand **dick** und es liegen bis zu 40 Schichten aus Murein (Peptidoglykan) übereinander, die sich **blau** anfärben lassen.



● **Abb. 2.2** Aufbau von Bakterien

Bei den **gramnegativen** Bakterien ist die Zellwand **dünn** mit wenigen Lagen, wird aber durch eine Lipiddoppelschicht als äußere Membran komplettiert (● Abb. 2.2). Gramnegative Bakterien lassen sich **rot** anfärben.

Für das Wachstum benötigen Bakterien Eisen. Eine Ausnahme davon sind die Laktobazillen, die Kobalt und Molybdän als Kofaktoren benötigen.

2.1.2 Systematik

Die wichtigsten Abteilungen der Bakterien sind:

- **Bacillota** (früher: Firmicutes)
- **Bacteroidota** (früher: Bacteroidetes)
- **Actinomycetota** (früher: Actinobacteria)
- **Pseudomonadota** (früher: Proteobacteria)
- **Fusobacteria**
- **Verrucomicrobiota**

Das International Committee on Systematics of Prokaryotes (**ICSP**) beschloss im Jahr 2021, die taxonomische Kategorie **Abteilung** (Phylum) mit der Endung „-ota“ zu versehen (► Kap. 1.2.2). Die Namen zahlreicher Bakterien änderten sich dadurch (Bruhn 2023).

Bakterien werden aufgrund eines oder mehrerer ähnlicher Merkmale nach Klassen, Ordnungen, Familien und Gattungen sowie innerhalb der Gattungen nach Arten und Unterarten klassifiziert (■ Tab. 2.1).

Bakterien einer Art haben etwa die gleiche Erbausstattung, sind aber nicht völlig identisch. Durch zusätzliche genetische Elemente entsteht eine genetische Diversität der Bakterien.

Eine weitere Einteilungsmöglichkeit ist die Klassifizierung der Bakterien nach ihren Stoffwechselprodukten (► Kap. 2.1.9).

■ **Tab. 2.1** Für das Mikrobiom bedeutsame Bakterien (Auswahl) und ihre taxonomische Einordnung

Ordnung	Familie	Gattung	Arten
Abteilung: Bacillota			
Klasse: Bacilli			
Caryophanales	Bacillaceae	Bacillus	B. anthracis, B. subtilis
	Staphylococcaceae	Staphylococcus	S. aureus, S. epidermidis
Lactobacillales	Lactobacillaceae	Lacticaseibacillus	L. casei, L. paracasei ssp. paracasei, L. rhamnosus
		Lactiplantibacillus	L. plantarum
		Lactobacillus	L. acidophilus, L. crispatus, L. gasseri, L. helveticus, L. iners, L. jensenii
		Levilactobacillus	L. brevis
		Ligilactobacillus	L. salivarius
		Limosilactobacillus	L. fermentum, L. reuteri
		Pediococcus	P. acidilactici, P. pentosaceus
	Enterococcaceae	Enterococcus	E. faecalis, E. faecium
	Streptococcaceae	Lactococcus	L. lactis
		Streptococcus	S. pyogenes, S. salivarius, S. thermophilus
Klasse: Clostridia			
Clostridiales	Clostridiaceae	Butyrivibrio	B. fibrisolvens
		Clostridioides	C. difficile
		Clostridium	C. botulinum, C. perfringens, C. tetani
Eubacteriales	Eubacteriaceae	Eubacterium	Eubacterium sp., E. lentum, E. limosum, E. nodatum
	Lachnospiraceae	Roseburia	R. intestinalis
		Blautia	B. wexlerae
	Oscillospiraceae	Faecalibacterium	F. prausnitzii
		Ruminococcus	R. gnavus

■ **Tab. 2.1** Für das Mikrobiom bedeutsame Bakterien (Auswahl) und ihre taxonomische Einordnung

Ordnung	Familie	Gattung	Arten
Klasse: Negativicutes			
Veillonellales	Veillonellaceae	Veillonella	V. atypica, V. dispar, V. parvula
Abteilung: Bacteroidota			
Klasse: Bacteroidia			
Bacteroidales	Bacteroidaceae	Bacteroides	B. acidifaciens, B. dorei, B. fragilis, B. oralis, B. ovatus, B. thetaiotaomicron, B. uniformis, B. ureolyticus, B. vulgatus, B. xylanisolvens
	Rikenellaceae	Alistipes	A. finegoldii, A. ihumii, A. indistinctus, A. inops, A. onderdonkii, A. putredinis, A. shahii, A. timonensis
	Prevotellaceae	Prevotella	P. copri, P. histicola
Abteilung: Actinomycetota			
Klasse: Actinobacteria			
Actinobacteriales	Propionibacteriaceae	Propionibacterium	P. freudenreichii
		Cutibacterium	C. acnes, C. avidum, C. granulosum
Bifidobacteriales	Bifidobacteriaceae	Bifidobacterium	B. adolescentis, B. animalis, B. bifidum, B. breve, B. catenulatum, B. dentium, B. infantis, B. lactis, B. longum
Abteilung: Pseudomonadota			
Klasse: Alphaproteobacteria			
Hyphomicrobiales	Brucellaceae	Brucella	B. abortus, B. melitensis
Rickettsiales	Rickettsiaceae	Rickettsia	R. prowazekii

■ **Tab. 2.1** Für das Mikrobiom bedeutsame Bakterien (Auswahl) und ihre taxonomische Einordnung

Ordnung	Familie	Gattung	Arten
Klasse: Betaproteobacteria			
Burkholderiales	Alcaligenaceae	Bordetella	B. pertussis
Neisseriales	Neisseriaceae	Neisseria	N. gonorrhoeae, N. meningitidis
Klasse: Gammaproteobacteria			
Enterobacterales	Enterobacteriaceae	Escherichia	E. coli
		Salmonella	S. enteritidis, S. paratyphi, S. typhi, S. typhimurium
		Shigella	S. dysenteriae
	Hafniaceae	Hafnia	H. alvei
	Yersiniaceae	Yersinia	Y. enterocolitica, Y. pestis, Y. pseudo- tuberculosis
Klasse: Deltaproteobacteria			
Desulfovibrionales	Desulfovibrionaceae	Bilophila	B. wadsworthia
		Desulfovibrio	D. desulfuricans
Klasse: Epsilonproteobacteria			
Campylobacterales	Helicobacteraceae	Helicobacter	H. pylori
Abteilung: Fusobacteria			
Klasse: Fusobacteriia			
Fusobacteriales	Fusobacteriaceae	Fusobacterium	F. necrophorum, F. nucleatum
Abteilung: Verrucomicrobiota			
Klasse: Verrucomicrobiia			
Verrucomicrobiales	Akkermansiaceae	Akkermansia	A. muciniphila

2.1.3 Bacillota

Die Bacillota, bekannter unter dem früheren Namen Firmicutes, sind überwiegend **gram-positive** Bakterien. Es existieren anaerobe und aerobe Arten, die zum Teil Sporen bilden können. Sie gelten als sehr gute Nahrungsverwerter. Bacillota können komplexe, unverdaute Kohlenhydrate fermentieren, und es entstehen **kurzkettige Fettsäuren** (SCFA). Diese SCFA gelangen über die Darmschleimhaut ins Blut und dienen dem Körper als Energielieferanten. Bakterien der **Abteilung Bacillota** sind besonders im Darm fettleibiger Menschen vertreten.

Wichtige Klassen der Bacillota sind:

- Bacilli
- Clostridia
- Negativicutes

Bekannte Arten innerhalb dieser Abteilung sind zum Beispiel:

- Clostridioides difficile
- Lactobacillus casei
- Lactobacillus reuteri
- Faecalibacterium prausnitzii

Viele dieser Bakterien können widerstandsfähige Endosporen bilden. Bei Adipositas und fettreicher Ernährung dominieren meist die Bakterien der Abteilung **Bacillota**. Eine kalorienreduzierte Diät kann dieses Verhältnis wieder umkehren (Siwek und Antwerpes 2026).

Endosporen

Bei Endosporen handelt es sich um Dauersporen, die innerhalb eines Sporenbehälters gebildet und freigesetzt werden. Sie sind hitzeresistent. Einige thermophile **Clostridien** überstehen sogar eine normale Sterilisation im Autoklaven. Die Endosporen werden bei ungünstigen Wachstumsbedingungen gebildet und überdauern Trockenperioden (Trockenresistenz).

Bacilli

In der Klasse Bacilli befinden sich neben anderen die wichtigen Ordnungen:

- **Lactobacillales** (Milchsäurebakterien) und
- **Caryophanales** (früher: Bacillales).

Lactobacillaceae

Viele Probiotika enthalten Bakterien aus der Familie der **Lactobacillaceae**, die sich in zahlreiche Gattungen und Arten aufteilt (■ Tab. 2.1).

Laktobazillen (Lactobacillus spp.) gehören zu einer großen Gattung innerhalb der Familie der Lactobacillaceae. Laktobazillen sind lange, schlanke, gerade, stäbchenförmige sowie grampositive, nicht sporenbildende Bakterien. Am besten wachsen sie unter reduziertem Sauerstoffgehalt.

Sie gelten nicht als **echte** Bazillen. Bazillen bezeichnen umgangssprachlich Krankheitserreger, die typischerweise eher aerobe Sporenbildner darstellen.

Es gibt von den Laktobazillen eine sehr große Artenvielfalt, die genetisch sehr unterschiedlich ist. In der Gattung wurden in den letzten 100 Jahren 261 Spezies zusammengefasst (Innovall® 2026).

Neue Namen für „alte Bekannte“

DNA-Analysen der Lactobacillus-Arten aus dem Jahr 2020 haben zum Teil neue Verwandtschaftsbeziehungen innerhalb der Laktobazillen ergeben. Manche Arten wurden deshalb **neu** benannt. Auch die neuen Bezeichnungen beginnen mit „L“, sodass die bestehenden Abkürzungen weiterverwendet werden können (z. B. gilt bei Limosilactobacillus reuteri DSM 17938 weiterhin L. reuteri DSM).

In der Literatur wie auch in den Packungsbeilagen von Handelspräparaten finden sich die früheren Artnamen häufig parallel zu den neueren Bezeichnungen oder sie werden – wie auch im vorliegenden Werk – zum Teil synonym benutzt.

Funktion der Gattung *Lactobacillus* im Körper:

- Regulierung der Darmflora,
- Fermentation unverdaulicher Kohlenhydrate,
- Bildung kurzkettiger Fettsäuren,
- Stimulierung des Immunsystems,
- Produktion von Bakterienhemmstoffen wie Wasserstoffperoxid und Milchsäure,
- Synthese von Vitamin B oder Vitamin K sowie
- Aufbau der Vaginalflora (Innovall 2026).

Laktobazillen besiedeln den Menschen auf natürliche Weise und machen etwa **40 %** des Mikrobioms aus. Zusammen mit anderen Bakteriengattungen gehören Laktobazillen zu den **Milchsäurebakterien**, die Milchzucker zu Milchsäure umwandeln. Durch die Bildung von Milchsäure entsteht im Darm ein niedriger pH-Wert, dieser fördert die Ausbreitung und Ansiedlung nützlicher Mikroorganismen im Darm und verhindert, dass sich fremde, potenziell pathogene Bakterien im Darm ausbreiten (Hof und Schlüter 2022).

Die Laktobazillen leben nicht nur im Darm, sondern auch auf der Haut und in der Vagina. Die Arten in der Vagina werden als **Döderlein-Stäbchen** bezeichnet. Sie halten den pH-Wert im Vaginalbereich mit 3,8 bis 4,4 auf einem leicht sauren Niveau. Die Konzentration der Laktobazillen auf der Vaginalschleimhaut ist abhängig von der Höhe des Estrogenspiegels, der mit dem Beginn der Wechseljahre abfällt. Das führt zu schlecht durchbluteten Vaginalschleimhäuten, die jucken oder brennen und beim Geschlechtsverkehr schmerzen (Wolf 2023). Laktobazillen hemmen das Wachstum etlicher Erreger im Vaginalbereich und sorgen für das saure Scheidenmilieu. Ein Teil der Laktobazillen erzeugt Wasserstoffperoxid als zusätzlichen Schutz vor Entzündungen oder bakteriellen Vaginosen.

Als Bestandteil der Muttermilch werden Laktobazillen beim Stillen an das Baby übertragen.

Döderlein-Bakterien

Der Gynäkologe Albert Döderlein hat 1892 zum ersten Mal die Bakterien des Vaginalsekretes beschrieben, deshalb sind sie unter dem Namen **Döderlein-Bakterien** bekannt. Dazu gehören:

- *Lactobacillus crispatus*
- *Lactobacillus jensenii*
- *Lactobacillus gasseri*
- *Lactobacillus iners* (IFM 2026)

Durch die Bildung von **Bakteriozinen** (► Kap. 3.2.4) wirken Laktobazillen toxisch auf konkurrierende Bakterienarten. Bei den Bakteriozinen handelt es sich um Proteine oder Peptide wie **Lactacin-F** und **Bavaricin-A**. Einige Stämme synthetisieren **Vitamin B** und **Vitamin K**.

Experimente zeigen, dass die Zufuhr von Milchsäurebakterien die Freisetzung von Zytokinen beeinflusst, die als Mediatoren die Funktion der Zellen des Immunsystems regulieren. Bei den Zytokinen unterscheidet man

- immunstimulierende Interferone,
- Interleukine zur Kommunikation der Immunabwehrzellen,
- koloniestimulierende Faktoren wie Wachstumsfaktoren der Erythrozyten und
- Tumornekrosefaktoren als endogene Botenstoffe der Zellen des Immunsystems (Gehring 2025).

Milchsäurebakterien fungieren als **Probiotika** (► Kap. 4.3) und werden in der Lebensmittelindustrie zur Herstellung verschiedener fermentierter Lebensmittel verwendet. Durch den Verzehr von diesen Lebensmitteln gelangen Laktobazillen in den Gastrointestinaltrakt des Menschen.

Folgende Lebensmittel haben einen hohen Gehalt an Laktobazillen:

- | | |
|---------------------------|--------------|
| – Buttermilch | – Sauerkraut |
| – Kefir | – Sojasauce |
| – Joghurt und Sojajoghurt | – Kimchi |
| – Käse | – Miso |

(Innovall® 2026)

Wichtige Gattungen und Arten der Familie der Lactobacillaceae:

- **Lacticaseibacillus** (*L. casei*, früher: *Lactobacillus casei*; *L. paracasei* ssp. *paracasei*, früher: *Lactobacillus paracasei*; *L. rhamnosus*, früher: *Lactobacillus rhamnosus*)
- **Lactiplantibacillus** (*L. plantarum*, früher: *Lactobacillus plantarum*)
- **Lactobacillus** (*L. acidophilus*, *L. crispatus*, *L. divergens*, *L. gasseri*, *L. helveticus*, *L. iners*, *L. jensenii*)
- **Levilactobacillus** (*L. brevis*, früher: *Lactobacillus brevis*)
- **Ligilactobacillus** (*L. salivarius*, früher: *Lactobacillus salivarius*)
- **Limosilactobacillus** (*L. fermentum*, früher: *Lactobacillus fermentum*; *L. reuteri*, früher: *Lactobacillus reuteri*)
- **Pediococcus** (*P. acidilactici*, *P. pentosaceus*)

Lacticaseibacillus casei

Das stäbchenförmige, grampositive Bakterium **Lacticaseibacillus casei** besiedelt physiologisch den Verdauungstrakt des Menschen und bildet Milchsäure. Es produziert antibakterielle Stoffe und reguliert die physiologische Flora von Säugetieren.

Wissenschaftler fanden heraus, dass die orale Verabreichung von *L. casei* den Gehalt an kurzkettigen Fettsäuren (SCFA) erhöht und die Veränderungen des Stoffwechsels von Nikotinamid eine potenzielle Therapie zur Milderung von Nierenschäden und zur Verlangsamung des Fortschreitens des Nierenversfalls darstellt (Zhu et al. 2021).

In der Vaginalflora spielt *L. casei* normalerweise keine Rolle und tritt gewöhnlich nur nach bakterieller Vaginose in nachweisbaren Mengen auf. Ausgewählte Stämme der *Lacticaseibacillus casei*-Gruppe sind Hilfsmittel in der Reifung von Käse und Bestandteil von probiotischen Lebensmitteln.

Produktbeispiele

- Actimel®
- Yakult®
- Verschiedene Produkte von OMNi-BiOTiC® als *L. casei* W56 (W56 ist die individuelle Kennung für diesen Stamm (► Kap. 2)).

Lactacaseibacillus paracasei* ssp. *paracasei

Das unbewegliche, grampositive Stäbchenbakterium ***Lactacaseibacillus paracasei* ssp. *paracasei*** bildet keine Sporen und ist fakultativ heterofermentativ (Wikipedia 2025). Zwei Stämme von *Lactobacillus paracasei* ssp. *paracasei* zeigten in einer Studie eine ausgeprägte Aktivität gegen drei getestete *E.-coli*-Stämme. Die Hemmung von *E. coli* wird auf die Produktion von bacteriozinähnlichen Verbindungen zurückgeführt. Deshalb wird die Verwendung von *L.-paracasei*-ssp.-*paracasei*-Stämmen bei Käsesorten aus Rohmilch empfohlen. Sie erhöhen die Sicherheit der Lebensmittel, ohne dass vorhersehbare negative sensorische Veränderungen auftreten (Caridi 2002).

Wird *L. paracasei* GMNL-33 mindestens 14 Tage oral appliziert konnte eine verstärkte hemmende Wirkung gegen *Streptococcus mutans* dokumentiert werden. Das Bakterium *S. mutans* gilt als wichtigster Verursacher der Karies, das natürlicherweise im Mundraum vorkommt. In Kombination mit anderen Mikroben wird die Biofilmbildung gefördert und der kariogene Effekt wird verstärkt (Chuang 2010).

Produktbeispiele

- Innoval® SUD Kapseln mit *Lactacaseibacillus paracasei*
- SymbioLact® ProImmun Kapseln mit *Lactobacillus paracasei* 8700:2 und *Lactobacillus plantarum* HEAL9 sowie Vitamin D₃, Vitamin B₁₂ und Folsäure
- Innoval® AB+ mit *Lactobacillus paracasei* Lpc-37, *Lactobacillus acidophilus*, *Bifidobacterium lactis* BI-04 und *Bifidobacterium lactis* Bi-07

Lactacaseibacillus rhamnosus

Das Bakterium ***Lactacaseibacillus rhamnosus*** ist ein grampositives, mittellanges, stäbchenförmiges Bakterium. Im Jahre 1983 haben die Wissenschaftler Sherwood Gorbach und Barry Goldin das Bakterium aus dem Darm eines gesunden Menschen isoliert und 1985 patentieren lassen (*Lactobacillus rhamnosus* GG® oder kurz LGG®). Es bildet keine Endosporen, wächst anaerob, ist aerotolerant und gedeiht in einem breiten Temperaturbereich. *L. rhamnosus* ist kein ständiger Darmbewohner, sondern nur **zeitweise** nachweisbar. Mit seiner hohen Säure- und besonders Gallensäuretoleranz kann das Bakterium die Passage durch den Gastrointestinaltrakt überleben. Mithilfe eines Pilus haftet LGG an der Darmschleimhaut und besiedelt bereits nach 1–2 Tagen den Darm. Bei regelmäßiger Aufnahme der Bakterien verbleiben sie in hoher Keimzahl im Darm.

Pilus

Ein Pilus (Plural: Pili) ist eine haarähnliche Struktur, die wie ein fadenförmiger Zellfortsatz aus der Zelloberfläche verschiedener Bakterien hervorragt. Diese Proteinfilamente spielen eine wichtige Rolle bei der Interaktion der Bakterien mit ihrer Umgebung und Anhaftung an Flächen zur Bildung von Biofilmen (pflanzenforschung.de 2026).

3 Das Mikrobiom

Etwa **100 Billionen Bakterien** besiedeln einen Menschen. Dabei haben sie nützliche Funktionen, können aber auch einen pathogenen Effekt für den Wirt Mensch haben. Hunderte von unterschiedlichen Bakterienarten arrangieren sich miteinander, ohne Krankheiten auszulösen. Neben diesen **apathogenen** Keimen existieren die potenziell **pathogenen** Keime, die endogene Infektionen erzeugen können.

Die kommensalen Mikroorganismen leben in **Symbiose** miteinander (► Kap. 3.4.1). Einige Mikroorganismen übernehmen eine Stellvertreterfunktion. Sie verdrängen pathogene Keime durch

- Entzug der Nährstoffe,
- Absenkung des pH-Wertes oder
- Produktion antimikrobieller Wirkstoffe wie Bakteriozine oder Peroxide.

Durch genetische Ursachen, **Umweltfaktoren** oder **Medikamente** (wie Antibiotika) kann das System kippen und aus der Symbiose entwickelt sich eine **Dysbiose** (► Kap. 3.4.3), bei der sich pathogene Mikroorganismen ausbreiten können.

Ein Beispiel ist **Clostridioides difficile** im Darm. Diese Bakterien nehmen bei einer gestörten Darmmikrobiota die Überhand, produzieren als Sporenbildner **Giftstoffe** und können eine Darmentzündung mit plötzlich einsetzenden, wässrigen Durchfällen auslösen (► Kap. 2.1.3, ► Kap. 5.1.3; BIÖG 2025).

3.1 Zusammensetzung des Mikrobioms

Das Mikrobiom spielt für uns und unser Leben eine zentrale Rolle. Zahlreiche Stoffwechselfunktionen, Immunreaktionen und physiologische Abläufe werden durch unser Mikrobiom beeinflusst.

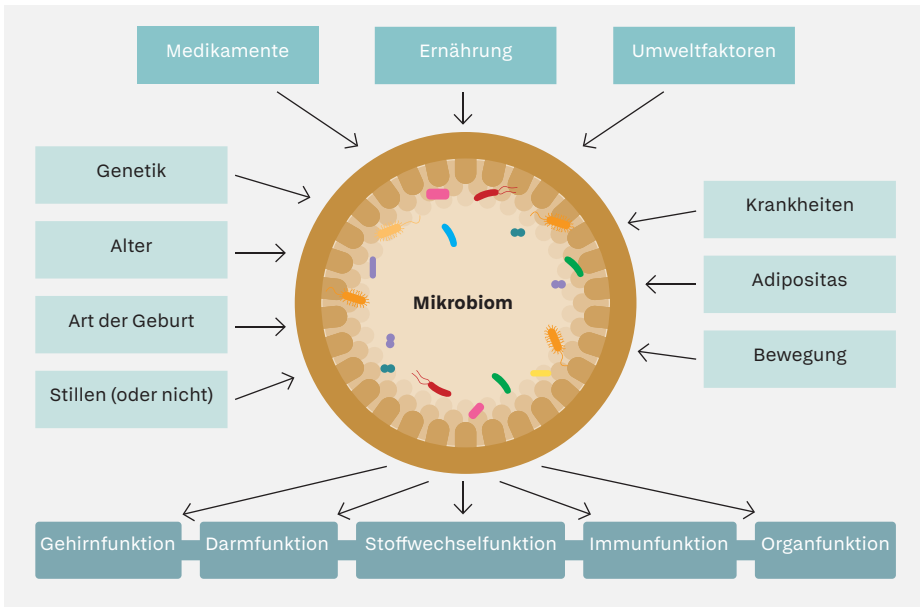
Durch verschiedene Faktoren wie Genetik, Umweltfaktoren, Geburtsmodus, Alter und Krankheiten sowie Lebensstil, Ernährung, Medikamente und Bewegung wird das Mikrobiom geprägt (● Abb. 3.1; Hill 2020).

Die Zusammensetzung des Mikrobioms beeinflusst unsere Gesundheit sowie die Funktion des Gehirns, des Darms, des Stoffwechsels sowie des Immunsystems und der Organe (► Kap. 1.7; ● Abb. 3.1).

Verschiedene Körperregionen wie der Respirationstrakt, der Magen-Darm-Trakt, die Haut oder der äußere Urogenitaltrakt haben eine unterschiedliche Mikrobiomzusammensetzung (► Kap. 1.2.1, ► Kap. 1.2.2, ► Kap. 3.3). Das **intestinale Mikrobiom** hat von allen die größte Bedeutung.

Das Mikrobiom setzt sich hauptsächlich aus folgenden Domänen zusammen (► Kap. 1.2.1, ► Kap. 2):

- Bakterien (Prokaryoten)
- Archaeen (Prokaryoten) und
- Eukaryoten (v. a. Pilze).



● **Abb. 3.1** Einflussfaktoren auf das Mikrobiom

3.2 Funktion des Mikrobioms

Unser Mikrobiom hat vielfältige Aufgaben, hierzu zählen:

- Unterstützung der **Verdauung** und **Verstoffwechselung** von Nährstoffen,
- Synthese von **Vitaminen**,
- Regulierung des **Immunsystems** und Schutz vor Krankheitserregern,
- Aufrechterhaltung eines gesunden **Hautgleichgewichts** (► Kap. 3.3.1).

Eine dichte Besetzung mit „guten Bakterien“ lässt keinen oder wenig Platz für pathogene Mikroorganismen. Wichtig ist eine reiche Vielfalt, denn eine reduzierte Anzahl von Stämmen kann die Entwicklung von Krankheiten begünstigen (► Kap. 1.2.9).

Die Artenvielfalt des intestinalen Mikrobioms beeinflusst die Entwicklung des Immunsystems. Studien zeigen, dass wenn Mäuse ohne Bakterienbesiedelung im Darm aufwachsen, später ein stark unterentwickeltes Immunsystem besitzen. Die Aufgaben des **Darmmikrobioms** (► Kap. 1.2.2) lassen sich in **4 Bereiche** aufteilen:

1. metabolische (► Kap. 3.2.1),
2. trophische (► Kap. 3.2.2),
3. immunologische (► Kap. 3.2.3) und
4. protektive Funktion (► Kap. 3.2.4).

3.2.1 Metabolische Funktion des Mikrobioms

Die zahlreichen nützlichen Darmbakterien sind kommensale Lebewesen („Mitesser“) und benötigen ihren Wirt zum Überleben.

- Sie sind an der Nutzung von Nährstoffen maßgeblich beteiligt.
- Sie bewirken die Fermentation von nicht verdaulichen Nahrungsbestandteilen sowie endogenem Mukus.

- Sie metabolisieren Polysaccharide durch Enzyme, mit denen der menschliche Körper nicht ausgestattet ist.
- Sie spielen eine maßgebliche Rolle bei der Synthese von Vitaminen, wie Vitamin K₂ oder Vitamin B₁₂.
- Sie unterstützen die Absorption von Mineralstoffen wie Calcium, Magnesium und Eisen.

3.2.2 Trophische Funktion des Mikrobioms

Studien zeigen, dass das intestinale Mikrobiom die Morphologie und die Physiologie des Gastrointestinaltrakts beeinflusst. Mikroben kolonisieren die Mukusschicht der Darmschleimhaut. Dadurch bilden sie die erste Barriere zum Darmlumen und bewirken eine Verdickung. Der dichte Bakterienteppich besteht zu einem großen Teil aus **Laktobazillen** (Milchsäurebakterien) und **Bifidobakterien**, denen die Schleimschicht als Nährboden dient. Diese Bakterienschicht hat eine sogenannte Platzhalterfunktion. Sie erschwert pathogenen Keimen die Besiedelung der Darmschleimhaut.

Becherzellen produzieren den Schleim für die Schleimschicht des Darmepithels (► Kap. 1.3.3). *Akkermansia muciniphila* ist ein schleimschichtabbauendes Bakterium (► Kap. 2.1.8), das die Darmschleimhaut von Menschen besiedelt. Durch seinen Schleimabbau regt der Keim die Tätigkeit der Becherzellen an und sie produzieren neuen Schleim. *Faecalibacterium prausnitzii* nutzt wiederum für seine Produktion von Buttersäure die Abbauprodukte von *Akkermansia muciniphila*, die als Nährstoff der Zellen in der Darmschleimhaut fungiert (Müller 2025).

Die Verdickung durch die Bakterienschicht und die Anregung des Wachstums der Schleimhaut verstärken die **intestinale Barrierefunktion** des Gewebes.

Becherzellen

Die Becherzellen liegen als intraepitheliale Drüsen vereinzelt an der Oberfläche von Epithelgewebe. Sie sezernieren sehr visköse, schleimbildende Stoffe (Muzine) und bilden einen Schleimteppich als Bestandteil der Schleimhaut unterschiedlicher Organe (Müller 2025).

3.2.3 Immunologische Funktion des Mikrobioms

Das größte Immunorgan des Körpers ist das **intestinale Immunsystem**. Es ist für die adaptive und angeborene Immunantwort verantwortlich (► Kap. 1.3.4).

Die **Darmmukosa** (► Kap. 1.3.2) ist die wichtigste Schnittfläche zwischen Immunsystem und externer Umwelt. Die lockere Schleimschicht besteht aus Muzinen und ist die Nährstoffquelle für Bakterien.

Die Darmmukosa ist Bestandteil der Darmbarriere (► Kap. 1.3) und besteht aus verschiedenen Zelltypen die für die

- Sekretion des Schleims (Mucus),
- Sekretion antimikrobieller Substanzen wie **Lysozym** und **Defensinen** sowie **Antikörpern** (IgA) und
- Zellen der spezifischen Immunabwehr wie **Monozyten** und **Makrophagen** zuständig ist.

Defensine

Defensine sind antimikrobielle Peptide und haben ein weites Wirkungsspektrum gegenüber Bakterien, Hefen, Fadenpilzen, Viren und Mykobakterien zur Abwehr der Pathogene. Die neutrophilen Granulozyten der Wirbeltiere und Wirbellosen sezernieren Defensine in phagozytotische Vakuolen, die beim Menschen unter anderem in Schleimhautzellen der Atemwege, des Dünndarms und der Harnwege vorkommen. Das Beta-Defensin 2 der Hautzellen wirkt sehr effektiv gegen Bakterien wie *Escherichia coli* und *Pseudomonas aeruginosa* sowie den Hefepilz *Candida albicans* (Spektrum 2021).

Wichtige Defensine sind die **Cathelicidine** des Darms, die **Histatine** des Speichels und das **Psoriasin** der Haut.

Das intestinale Mikrobiom ist essenziell für das Heranreifen des Immunsystems und produziert bestimmte Fettsäuren (► Kap. 2.1.9), die wichtig sind für die regulatorischen T-Zellen. Diese Zellen sorgen im Bedarfsfall für die Unterdrückung der Immunsystemaktivierung und senken das Risiko für das Entstehen von Allergien oder Autoimmunerkrankungen.

Mukosaassoziiertes lymphatisches Gewebe

Im Darmgewebe befinden sich Lymphozyten zwischen den Epithelzellen und in der Lamina propria. Die Verknüpfung von Lymphe und Mukosa wird als mukosaassoziiertes lymphatisches Gewebe (mucosa associated lymphatic tissue = MALT) bezeichnet und ist Teil des Immunsystems.

Mithilfe dieser lymphatischen Infrastruktur können sich Schleimhäute immunologisch untereinander austauschen und verhindern die Anheftung von Erregern an das Epithel. Zum zellulären MALT gehören unter anderem eigenständige Organe wie die Hals- und Rachenmandeln (Waldeyer-Rachenring), der Wurmfortsatz des Blinddarms oder die Peyer-Plaques der Dünndarmschleimhaut. Das GALT (► Kap. 1.3.4) ist somit das MALT des Gastrointestinaltrakts (Höppner und Stark 2025).

3.2.4 Protektive Funktion des Mikrobioms

Einige kommensale Mikroorganismen besitzen pathogenes Potenzial. Es ist wichtig, dass Gleichgewicht innerhalb der Bakterienpopulationen herrscht.

Zahlreiche nützliche Bakterien (z. B. Milchsäurebakterien) produzieren antimikrobiell wirksame Substanzen, die sogenannten **Bakteriozine**. Diese verhindern, dass es zu einer unangemessenen Kolonisation von pathogenen Mikroorganismen im Gastrointestinaltrakt kommt.

Laktobazillen und **Bifidobakterien** regen zum Beispiel die Ausschüttung von **Immunoglobulin A** (IgA, ► Kap. 1.3.4) an, das Komplexe mit Antigenen aus der Umwelt bildet. So unterstützen diese beiden Bakterienarten die Schutzwirkung des Körpers gegen pathogene Erreger. Der Nachweis von IgA ist ein Marker für die mukosale Barrierefunktion, die unter anderem bei Patienten mit chronisch-entzündlichen Darmerkrankungen gestört ist (Murphy und Weaver 2018).

Bakteriozine

Bakteriozine sind von Bakterien synthetisierte Stoffwechselprodukte (**Proteine** oder **Peptide**), die für andere Bakterienstämme derselben oder nah verwandten Art eine wachstumshemmende (**bakteriostatische**) oder abtötende (**bakterizide**) Wirkung haben. Viele Bakterien, die als Probiotika eingesetzt werden, bilden Bakteriozine. Sie werden zum Beispiel zur natürlichen Konservierung von Lebensmitteln verwendet oder haben eine protektive Wirkung auf die Darmmikrobiota, da sie pathogene Mikroorganismen verdrängen können. Einige Forschungsprojekte untersuchen ihre Einsatzmöglichkeit gegen Lebensmittelinfektionserreger wie Campylobacter, Salmonellen oder E. coli (Pschyrembel 2023).

3.3 Verteilung des Mikrobioms im und am menschlichen Körper

Alle Bereiche unseres Körpers, die Kontakt zur Außenwelt haben, sind mit Mikroorganismen besiedelt und von einem Mikrobiom bedeckt (● Abb. 3.2).

Die Haut ist über Lippen und Mund mit dem Mikrobiom des Gastrointestinaltrakts verbunden. Es verändert sich mit zunehmendem Alter. Mithilfe von Hautproben konnten Forschende das Alter eines Menschen anhand des Mikrobioms relativ genau bestimmen ($\pm 3,8$ Jahre) (Jeske 2021).

3.3.1 Haut

Das menschliche Hautmikrobiom lässt sich in **residente** und **transiente** Mikroorganismen einteilen (► Kap. 5.4.1). Die residenten Mikroben bilden das individuell zusammengesetzte **Kernmikrobiom**, das auf der Haut permanent bleibt und sich nur langsam verändert.

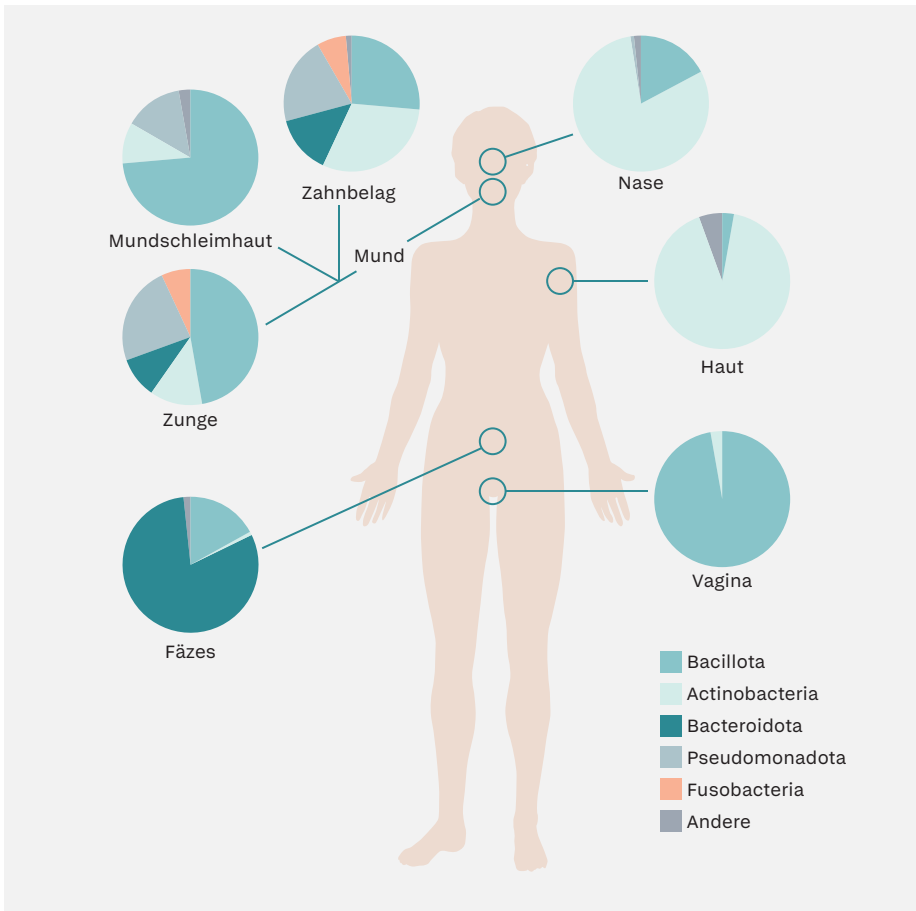
Im Gegensatz dazu gelangen die transienten Mikroorganismen aus der Umwelt auf die Haut oder auf andere Körperregionen und sind dort **nicht** dauerhaft angesiedelt (Anflugkeime).

Das dermale Mikrobiom unterstützt die Haut in ihrer Schutzfunktion und bildet die mikrobielle Barriere. Das dermale Mikrobiom besetzt alle verfügbaren Nischen und verhindert durch diese Kolonisierungsresistenz, dass sich fremde oder pathogene Mikroben ausbreiten können.

Die Zusammensetzung des Hautmikrobioms variiert in Abhängigkeit vom Mikroklima des jeweiligen Hautareals (► Kap. 5.4).

- In den Achselhöhlen, der Leistengegend oder den Zehenzwischenräumen siedeln bevorzugt feuchtigkeits- und wärmeliebende Mikroorganismen wie gramnegative, coryneforme Bakterien oder Staphylococcus aureus.
- Hautzonen mit zahlreichen Talgdrüsen (Kopf, Gesicht, Brust, Rücken) werden von lipophilen Mikroorganismen wie Propionibakterien und Hefepilzen bevorzugt.

Bakterien des Mikrobioms kommen auch in der Epidermis, der Dermis und dem Fettgewebe vor. Studien zeigen, dass Staphylococcus epidermidis dendritische Zellen und T-Lymphozyten in der Haut aktiviert, um eindringende Pathogene abzuwehren (Hofmann-Aßmus 2018).



● **Abb. 3.2** Durchschnittliche Verteilung der fünf häufigsten Bakteriengruppen nach Whole-Shotgun-Sequenzierung der Mikrobiota-Proben

3.3.2 Nase

Die Schleimhäute der Nase als Bestandteil der oberen Atemwege werden beim Atmen von Luft durchströmt. Die Nase ist neben dem Mund ein großes Einfallstor für Mikroorganismen. Die Zusammensetzung des nasalen Mikrobioms in den verschiedenen Regionen von Nasenvorhof bis zu den einzelnen Nasengängen ist ähnlich, variiert allerdings von Person zu Person. Forscher fanden mindestens **13 Untergruppen** von Bakterien bei Menschen mit ähnlichem nasalen Mikrobiom.

Dominierende Bakterien im nasalen Mikrobiom

- Corynebakterien
- Propionibakterien
- Staphylokokken

Manchmal besiedeln auch Moraxella und Pneumokokken die Nasenschleimhaut (Vieweg 2020).

4 Einflussfaktoren auf das intestinale Mikrobiom

Zahlreiche Faktoren können eine Umstrukturierung der intestinalen Mikrobiota bewirken und beeinflussen auch das Wachstum von pathogenen oder nützlichen Mikroorganismen. Zu diesen Faktoren zählen Veränderungen des pH-Werts im Darm (► Kap. 4.1) sowie die individuelle Ernährung (► Kap. 4.2). Auch die Substitution von Probiotika (► Kap. 4.3), Präbiotika (► Kap. 4.4), Synbiotika (► Kap. 4.5) und Postbiotika (► Kap. 4.6) sowie Bewegung (► Kap. 4.7) und die Einnahme von Arzneimitteln (► Kap. 4.8) können Veränderungen des intestinalen Mikrobioms bewirken.

Das Potenzial von Mikroorganismen und ihre Rolle bei der Erhaltung der Gesundheit ermöglicht neue Therapieansätze zur Behandlung bestimmter Erkrankungen. Therapiemöglichkeiten sind noch in der Entwicklungsphase und es fehlen aussagekräftigere Studien mit evidenten Daten (DZFI 2026).

Mit **Probiotika**, **Präbiotika**, **Synbiotika** und **Postbiotika** gibt es ein breites Spektrum an Präparaten, um eine Dysbiose im intestinalen Mikrobiom zu verhindern oder zu behandeln. Wichtig für die Beratung, zum Beispiel in der Apotheke, ist eine umfassende Kenntnis der Bestandteile der Präparate (■ Tab. 4.1) und ihrer Funktion im Körper.

■ **Tab. 4.1** Bestandteile von Prä-, Pro-, Syn- und Postbiotika (Kühnast 2025)

	Komponenten	Vorkommen
Probiotika	Lebende Mikroorganismen wie z. B. Milchsäurebakterien, Bifidobakterien, aber auch bestimmte Hefen wie <i>Saccharomyces boulardii</i>	– Nahrungsergänzungsmitteln – Arzneimitteln – Fermentierte Lebensmittel wie Joghurt, Kefir, Sauerkraut
Präbiotika	Unverdauliche Nahrungsbestandteile wie z. B. Inulin, Fructo-Oligosaccharide (FOS), Galacto-Oligosaccharide (GOS), Pektin	– Präbiotische Nahrungsergänzungsmittel mit Akazienfaser, Guarkernmehl oder resistenter Stärke – Lebensmittel wie Chicorée, Zwiebeln, Knoblauch, Lauch, Spargel, Artischocken, Hülsenfrüchte, Äpfel, Beeren, Hafer
Synbiotika	Kombination aus lebenden Mikroorganismen und unverdaulichen Nahrungsbestandteilen (Probiotika + Präbiotika = synergistischer Effekt)	– Nahrungsergänzungsmittel
Postbiotika	Nichtlebende Bestandteile von Mikroorganismen und deren Stoffwechselprodukte wie kurzkettige Fettsäuren, Enzyme, spezielle Proteine und Aminosäuren, Vitamine und organische Säuren	– Fermentierte Lebensmittel wie Joghurt, Sauerkraut, Kimchi – Spezielle Nahrungsergänzungsmittel

Analyse des intestinalen Mikrobioms

Es gibt zahlreiche Angebote für „Darmflora-Tests“, die man zu Hause durchführen kann und die eine konkrete Aussage über unser Darmmikrobiom geben sollen. Aus den Ergebnissen dieser Mikrobiomanalysen ergeben sich häufig Ernährungs- und Handlungsempfehlungen, die die Lebensqualität des Patienten einschränken und zu einer Mangelernährung führen können. Diese Mikrobiomanalysen stellen eine Momentaufnahme des intestinalen Mikrobioms dar und sind schwer zu interpretieren. Zu Hause durchgeführte Mikrobiomanalysen sind teuer und überflüssig. Leidet man unter spezifischen Beschwerden, sollte dringend ein Arzt aufgesucht werden. Dieser kann weitere Untersuchungen veranlassen (Stiftung Warentest 2024, Weisenburger 2026).

4.1 Einfluss des pH-Werts

Der **Magensaft** hat einen pH-Wert von 1–3. Die säurefeste Schleimschicht schützt die Magenschleimhaut vor diesem aggressiven Saft.

Mehrere Steuerungsmechanismen sorgen dafür, dass der Dünndarm nicht übersäuert. Der saure Speisebrei aus dem Magen wird bei Eintritt in den Dünndarm mit der leicht basischen **Gallenflüssigkeit** (pH = 7,1) und dem **Bauchspeichel** (pH = 8) vermischt. So kommt es zur Verschiebung des pH-Werts in den basischen Bereich. Der Darminhalt im Dünndarm hat während der Nährstoffresorption einen pH-Wert von 8.

Gärungs- oder Fäulnisprozesse im Darm oder Verdauungsstörungen mit Säureproduktion können zu Durchfällen führen (Siemensstiftung 2021).

Laktobazillen senken zum Beispiel durch die Produktion von **Milchsäure** den pH-Wert im Darm. Dadurch entsteht ein ungünstiges Milieu für pathogene Mikroorganismen. Die Aktivität von Krankheitserregern wird durch das saure Milieu gehemmt.

4.2 Direkter Einfluss der Ernährung

Viele Bestandteile der Nahrung nehmen einen direkten Einfluss auf das intestinale Mikrobiom. Dazu zählen besonders folgende **unverdauliche** Kohlenhydrate:

- resistente Stärke,
- Pektin,
- Lignin,
- Inulin und
- Zellulose.

Auch Nahrungsbestandteile mit **antimikrobieller** Wirkung beeinflussen das Mikrobiom im Darm direkt (Storr 2020):

- Flavonoide,
- Terpenoide,
- Quinone und
- Alkaloide.

4.2.1 Bedeutung der Muttermilch

Ab dem 1. Lebenstag beeinflusst die Ernährung des Neugeborenen die Zusammensetzung des intestinalen Mikrobioms. Die Darmmikrobiota ist bei gestillten Kindern ganz anders zusammengesetzt als bei Kindern, die mit Säuglingsnahrung gefüttert werden (► Kap. 3.5.1).

Ein Baby trinkt im Durchschnitt pro Tag 800 ml Milch. Lange Zeit ging man davon aus, dass die Muttermilch steril ist, dabei enthält sie eine Vielzahl von unterschiedlichen Bakterien. Diese scheinen über dendritische Zellen und Makrophagen aus dem Darm der Mutter über die Lymphe oder Blutbahn in die Milchdrüsen zu gelangen. So nimmt der Säugling pro Tag zwischen 10^5 und 10^7 Bakterien zu sich (► Kap. 3.5.1).

Häufige Bakteriengattungen (■ Tab. 4.2), die in der Muttermilch enthalten sind:

- Lactobacillus sp., Lactocaseibacillus sp., Lactiplantibacillus sp., Limosilactobacillus sp.,
- Staphylococcus sp.,
- Streptococcus sp. sowie
- Enterococcus sp. (Rühle 2021).

Wie bereits in ► Kap. 3.5.1 beschrieben, besteht die Muttermilch aus verschiedenen Komponenten. Die sogenannten **human milk oligosaccharides** (HMOs), sind schwer verdaulich und werden nur zum Teil resorbiert. Ein Großteil der HMOs dient den nützlichen Darmbakterien als Nahrungsquelle. Bei gestillten Kindern kommen dadurch **Laktobazillen** und **Bifidobakterien** vermehrt im intestinalen Mikrobiom vor.

4.2.2 Einfluss von Zucker und Fett

Eine zucker- und fettreiche Ernährung schädigt die Darmmikrobiota. Das belegten Untersuchungen eines Teams aus Wissenschaftlern bei Experimenten an Mäusen. 4 Wochen nach dem Start der Studie, zeigten die Tiere bei erhöhtem Zucker- und Fettverzehr Anzeichen eines metabolischen Syndroms mit Gewichtszunahme, Insulinresistenz und Glucoseintoleranz.

Durch den erhöhten Zucker- und Fettkonsum war die Besiedelung mit bestimmten **Clostridiaceae** im Darm stark reduziert. Bei Clostridiaceae handelt es sich um sogenannte **segmentierte filamentöse Bakterien** (SFB), die Immunreaktionen beeinflussen. Sie induzieren die Bildung von T-Helferzellen-17 (TH17) als Immunzellen.

Normalerweise sorgen die Clostridiaceae dafür, dass im Darm weniger Fett aus der Nahrung aufgenommen wird. Diese Funktion wurde durch die zucker- und fettreiche Ernährung gestört. Bei einer fettreichen Ernährung ohne Zucker erfolgte keine Störung.

Die Bakterienart **Faecalibaculum rodentium** war durch den Zucker- und Fettkonsum vermehrt vertreten. Der Zucker fördert scheinbar das Wachstum von Faecalibaculum rodentium, das wiederum die segmentierten filamentösen Bakterien verdrängt.

■ **Tab. 4.2** Häufige in Muttermilch enthaltene Bakterien (Rühle 2021)

Bakteriengattung	Hauptspezies
Lactobacillus	L. acidophilus, L. gasseri
Lactocaseibacillus	L. rhamnosus
Lactiplantibacillus	L. plantarum
Limosilactobacillus	L. fermentum
Staphylococcus	S. aureus, S. capitis, S. epidermidis, S. hominis
Streptococcus	S. mitis, S. parasanguinis, S. peroris, S. salivarius
Enterococcus	E. faecalis, E. faecium

Die Gabe von SFB als Probiotikum konnte die Zahl der T_H17-Zellen wieder erhöhen und den Schutz vor dem metabolischen Syndrom wiederherstellen. Mäuse haben andere SFB-Arten als Menschen. Die Wissenschaftler vermuten, dass es auch beim Menschen Spezies gibt, die diese Aufgabe erfüllen (Hohmann-Jeddi 2016).

4.2.3 Einfluss von Emulgatoren

Der Einfluss von Emulgatoren auf das intestinale Mikrobiom ist noch nicht ausreichend erforscht. Bei **Polysorbat 80** (E433) wird eine erhöhte Translokation von Bakterien aus dem Gastrointestinaltrakt in die Blutbahn durch die Darmmukosa vermutet.

Dem Emulgator **Lecithin** (Phosphatidylcholin, E322) wird ein positiver, schleimhautbarrierestärkender Effekt im Dickdarm zugeschrieben (Storr 2020).

4.2.4 Einfluss von Fetten

Nahrungsfette wie z. B. **Triglyceride** werden durch Lipasen in freie Fettsäuren und Monoglyceride verdaut. Sie vermischen sich im Zwölffingerdarm mit Gallensäuren und bilden kleine Aggregate, die vom Darmepithel transportiert werden. Der Körper absorbiert Nahrungsfettsäuren hauptsächlich im Dünndarm. Im Dickdarm mit der größten mikrobiellen Dichte sind sie weniger vorhanden.

Bei **fettreicher** Ernährung und hohen Cholesterolverwerten siedeln sich bevorzugt Bacteroides-Arten im Darm an. Bei einer **fettarmen** Diät finden sich mehr Blautia-Spezies, die besonders bei Menschen mit einem niedrigen Cholesterolspiegel in höheren Konzentrationen zu finden sind (Ranft 2019).

Unter dem Einfluss von **fettarmer** Ernährung wachsen vermehrt nützliche Bakterien, die Butyrat produzieren. Diese Darmbakterien bauen im Dickdarm unverdauliche Ballaststoffe ab und dabei entsteht **Butyrat**.

Butyrat (Salz der **Buttersäure**) ist eine **kurzkettige Fettsäure** (short chain fatty acids, SCFA, ► Kap. 2.1.9). Butyrat dient als Energielieferant für die Darmepithelzellen und stärkt dadurch auch die Darmbarriere.

Durch die kurzkettige Fettsäure Butyrat wird der pH-Wert im Darm gesenkt. Dadurch wird die Vermehrung und die Ansiedelung zahlreicher unerwünschter Mikroorganismen verhindert. Während Butyrat die Teilung gesunder Epithelzellen stimuliert, hemmt es die Teilung kolorektaler Krebszellen.

Zudem besitzt Butyrat eine antientzündliche Wirkung. In einer Studie konnte gezeigt werden, dass Butyrat den **Hexokinase-2-Spiegel** der Darmepithelzellen senkt. **Hexokinase 2** (HK2) ist ein Enzym, das an Entzündungen beteiligt ist und vermehrt bei entzündlichen Prozessen produziert wird. Durch die Zugabe von Butyrat konnte im Tiermodell gezeigt werden, dass Butyrat den HK2-Spiegel in den Darmepithelzellen senkt und somit Entzündungen reduziert wurden (Hinrichsen et al. 2021).

Vermehrung von butyratproduzierenden Bakterien

Lebensmittel, die **resistente Stärke** enthalten, fördern das Wachstum von Bakterien, die **Butyrat** bilden. Ein Verzehr von **5–10 g/Tag** begünstigt das Wachstum. Während des Verdauungsprozesses im Darm wird nicht die komplette Stärke des Nahrungsmittels für die Resorption aufgespalten. Den unverdaulichen Teil können die Darmbakterien in kurzkettige Fettsäuren (short chain fatty acids, SCFA) wie **Acetat**, **Butyrat** oder **Propionat** umwandeln (► Kap. 2.1.9, ► Kap. 4.4).

Resistente Stärke leistet einen positiven Beitrag für die kardiometabolische Gesundheit und stärkt die Darmbarriere. Sie entsteht beim Kochen und Kühlen bzw. Einfrieren von Kartoffeln, Nudeln, Reis oder Brot.

Folgende Lebensmittel enthalten unverdauliche Stärkemoleküle:

- unreife Bananen
- kernige Haferflocken
- Gerste
- Hülsenfrüchte
- erkaltete, gekochte Kartoffeln
- erkaltete, gekochte Nudeln
- erkalteter, gekochter Reis
- gebackenes Brot

Der Anteil an resistenter Stärke beträgt bei einer gekochten und abgekühlten Kartoffel ungefähr 3,2 g (Russ 2024).

4.2.5 Einfluss von fermentierten Lebensmitteln

Der Prozess der Fermentierung dient dazu, ein Lebensmittel haltbar zu machen. Dabei entstehen probiotische Nährstoffe (► Kap. 4.3).

Laktobazillen, die zum Beispiel auf natürlicherweise in bestimmten Lebensmitteln (Milch) enthalten sind, verstoffwechseln den im Lebensmittel enthaltenen Zucker. Dadurch vermehren sich die Laktobazillen und es entsteht **Milchsäure** (Milchsäuregärung). Je mehr Milchsäure entsteht, desto saurer wird das Lebensmittel. Ein saures Milieu verhindert die Bildung schädlicher Schimmelpilze oder Bakterien und schützt so vor dem Verderb.

Die zahlreichen lebenden Milchsäurebakterien üben einen positiven Effekt auf das Darmmikrobiom aus. Es kommt zur Anreicherung von Stoffen mit antientzündlicher Wirkung. Dabei handelt es sich zum Beispiel um kurzkettige Fettsäuren (► Kap. 2.1.9) und Interleukine (Barocke 2024).

Die Abbauprodukte der Milchsäurebakterien im Darm ermöglichen die Bildung von Serotonin und haben somit einen positiven Effekt auf die Psyche (Netz-und-boden.de 2024).

Beim Fermentierungsprozess entsteht in den Endprodukten vermehrt **Histamin**. Dies führt bei Personen mit einer Histaminintoleranz oder -überempfindlichkeit zu allergieähnlichen Beschwerden wie Durchfall, Hautrötungen, Kopfschmerzen, Herz-Kreislauf-Problemen (Kühnast 2024).

Beispiele für fermentierte Lebensmittel:

- Milchprodukte wie Joghurt, Käse
- Rohmilchkäse
- Sauerkraut
- Kimchi (fermentierter Chinakohl)
- Miso (fermentierte Sojabohnenpaste)
- Tempeh (fermentierte Sojabohnen)
- eingelegte Gurken, Oliven, Mixed Pickles
- Limonade, Bier, Wein
- Kombucha (fermentierter Tee)
- Sojasauce
- Miso-Paste
- Sauerteig

Fermentierte Lebensmittel enthalten zahlreiche nützliche Mikroorganismen, solange sie nicht zu stark erhitzt (pasteurisiert) werden. Beim Verzehr von Lebensmitteln mit Probiotika ist zu beachten, dass sie auf ihrem Weg durch den Gastrointestinaltrakt bis in den Dickdarm die Magensäure und die Gallensalze lebend überstehen müssen (Steinmeyer 2023).

Naturjoghurt enthält häufig Bakterien wie **Streptococcus thermophilus** oder **Lactobacillus bulgaricus**, die nur bedingt das saure Milieu im Magen überleben, auch haften sie weniger gut an der Darmschleimhaut an als andere Probiotika. Die Bakterienkonzentration

nen in den handelsüblichen Joghurtprodukten sind außerdem meist deutlich geringer als in den durchgeführten Studien. Zusatzstoffe in den Milchprodukten wie Zucker oder Obst können die Konzentration zusätzlich beeinflussen (DocCheck 2020).

4.2.6 Einfluss von präbiotischen Lebensmitteln

Präbiotische Lebensmittel enthalten schwer verdauliche Nahrungsbestandteile. Dabei handelt es sich um **kurzkettige Kohlenhydrate**, sogenannte **Oligosaccharide**.

- Fructo-Oligosaccharide (FOS) wie Inulin und Oligofructose,
- Galacto-Oligosaccharide (GOS),
- resistente Stärke und
- Pektin (pflanzliche Zellwandbestandteile).

Präbiotische Lebensmittel bestehen meist aus **wasserlöslichen Ballaststoffen**, allerdings besitzen nicht alle Ballaststoffe präbiotische Eigenschaften.

Beispiele für präbiotische Lebensmittel:

- | | |
|---|-----------------------------------|
| – Artischocken, Chicorée | – Bananen |
| – Topinambur, Yaconwurzel, Zichorienwurzel | – Flohsamen, Leinsamen, Chiasamen |
| – Schwarzwurzel, Spargel | – Pastinaken |
| – Roggen, Hafer, Gerste | – Lauch, Zwiebeln, Knoblauch |
| – Nudeln, Kartoffeln, Reis (gekocht und wieder abgekühlt) | – Hülsenfrüchte |
| – Äpfel, Birnen, Orangen, Aprikosen, Quitten, Beerenfrüchte | – Süßkartoffeln, Yamswurzel |
| | – Pilze |
| | – Algen |

Die unverdaulichen, präbiotischen Nahrungsbestandteile werden weder von der Dünndarmschleimhaut resorbiert noch von den Enzymen des Gastrointestinaltrakts in eine resorbierbare Form umgewandelt. Sie werden ausschließlich von den Darmbakterien fermentiert. Das bedeutet, sie dienen als Nahrung und als Energiequelle für die nützlichen Darmbakterien und stimulieren deren Wachstum, indem sich die Darmbakterien von den Präbiotika ernähren. Als Endprodukte entstehen unter anderem die **kurzkettigen Fettsäuren** (SCFA) wie Acetat, Propionat und Butyrat (► Kap. 2.1.9).

Viele unlösliche Ballaststoffe, die auch zu den unverdaulichen Nahrungsbestandteilen zählen, besitzen keine präbiotischen Eigenschaften, sondern fördern hauptsächlich die Darmbewegung (► Kap. 4.4).

Nicht jedem fällt die Umstellung von einer hoch verarbeiteten, industriell hergestellten Nahrung mit viel Zucker, Fett und tierischem Eiweiß auf **präbiotische Lebensmittel** leicht. Die Zufuhr von präbiotischen Lebensmitteln und Ballaststoffen sollte langsam eingeführt und allmählich auf die von der Deutschen Gesellschaft für Ernährung (DGE) empfohlene Menge von **30 g täglich** umgestellt werden. Wichtig sind gutes Kauen und eine ausreichende Flüssigkeitszufuhr. Vorteilhaft sind 4–5-stündige Essenspausen. Kontraktionen des Magens und des Dünndarms transportieren in dieser Zeit Unverdauliches zum Dickdarm (Steinmeyer 2023, Kühnast 2025).

5 Veränderungen und Erkrankungen durch das Mikrobiom

Die Forschung arbeitet noch an der Ursachen-Wirkungs-Beziehung zwischen dem intestinalen Mikrobiom und verschiedenen Erkrankungen. Wissenschaftler konnten bereits beobachten, dass Erkrankungen wie zum Beispiel Demenz (► Kap. 5.6.4), Autismus (► Kap. 5.6.3), Leberzirrhose (► Kap. 5.10.3), Dickdarmkrebs (► Kap. 5.9.1), die chronisch-entzündlichen Darmerkrankungen Morbus Crohn und Colitis ulcerosa (► Kap. 5.1.1) sowie Diabetes (► Kap. 5.7.2) mit Veränderungen des intestinalen Mikrobioms einhergehen. Unklar ist allerdings, ob die Veränderung des Mikrobioms die Ursache einer bestimmten Erkrankung ist oder ob sich das Mikrobiom durch eine Erkrankung verändert.

Kausale Untersuchungen zum Darmmikrobiom erfolgen an Mäusen. Mithilfe der Bioinformatik werden die mikrobiologischen Vorgänge im Darm analysiert. Die Erkenntnisse werden auf den Menschen übertragen. Studien am Menschen prüfen Interventionen, die Krankheiten verhindern können.

Bekannt ist, dass die intestinale Mikrobiota über die Darm-Achsen mit den peripheren Organen kommuniziert (► Kap. 1.7). Dadurch beeinflussen die Bakterien im Darm verschiedene Gesundheits- und Krankheitsprozesse (■ Tab. 5.1).

Für das Auftreten einer bestimmten Erkrankung ist nicht nur ein bestimmtes Bakterium verantwortlich. Verschiedene Mikroorganismen stellen gleiche Metaboliten her, so kann die Abwesenheit oder der Mangel eines Bakteriums durch die Anwesenheit eines anderen Bakteriums kompensiert werden.

5

■ **Tab. 5.1** Beispiele für verschiedene Einflüsse der Darmmikrobiota auf verschiedene Organe (nach Zündorf und Dingermann 2017, Reinhard 2024)

Organ	Einfluss durch die Darmmikrobiota	Mögliche gesundheitliche Folgen einer mikrobiellen Dysbiose
Fettgewebe	Adipozytenvolumen	– Fettleibigkeit (► Kap. 5.7.1) – Insulinresistenz
Braunes Fettgewebe	– Thermogenese – Entzündungen	Insulinresistenz
Leber	– Gallensäuremetabolismus – Lipogenese – Energieverbrauch	– NAFLD (nichtalkoholische Fettlebererkrankung, ► Kap. 5.10.2) – NASH (nichtalkoholische Steatohepatitis)
Pankreas	Insulinsekretion	Diabetes mellitus Typ 2 (► Kap. 5.7.2)
Ganzer Körper	Körperwachstum	Unterernährung

■ **Tab. 5.1** Beispiele für verschiedene Einflüsse der Darmmikrobiota auf verschiedene Organe (nach Zündorf und Dingermann 2017, Reinhard 2024)

Organ	Einfluss durch die Darmmikrobiota	Mögliche gesundheitliche Folgen einer mikrobiellen Dysbiose
Kardiovaskuläres System	Umwandlung von Ballaststoffen zu kurzkettigen Fettsäuren (Propionsäuren) reduziert die Konzentration von Fetten wie Cholesterin, als wichtiger Trigger für Gefäßentzündungen	– Schlaganfall – Atherosklerose – Thrombose
Gehirn	Verhalten	Autismus-Spektrum-Störung (► Kap. 5.6.3)
	– Serotoninmetabolismus – Blut-Hirn-Schranke – Appetitregulation	Stressantwort durch Ausschüttung von Stresshormonen wie Cortisol und Adrenalin führt zu Angst und kognitiven Einschränkungen (► Kap. 5.5.1)
Leber	Intestinale Gluconeogenese	Metabolisches Syndrom
Lunge	Genexpression	Allergisches Asthma (► Kap. 5.3.4)

5.1 Erkrankungen des Magen-Darm-Trakts

Im Magen-Darm-Trakt kann es zu sehr unterschiedlichen Erkrankungen kommen. Im Zusammenhang mit dem intestinalen Mikrobiom sind die chronisch-entzündlichen Darmerkrankungen (CED) sehr gut erforscht. Unter diesem Sammelbegriff werden die beiden Krankheiten **Morbus Crohn (MC)** und **Colitis ulcerosa (CU)** zusammengefasst.

5.1.1 Chronisch-entzündliche Darmerkrankungen

Bei den chronisch-entzündlichen Darmerkrankungen kommt es immer wieder zu spontan auftretenden Entzündungen des Darms ohne erkennbare Infektionen. Sowohl bei Morbus Crohn als auch bei Colitis ulcerosa leiden die Patienten unter Bauchschmerzen, Blähungen sowie an blutigen Durchfällen, Müdigkeit oder Gewichtsverlust.

- Ursachen für die Entzündungsprozesse sind **genetische** und **umweltbedingte** Faktoren:
- Ernährung,
 - Stress,
 - Rauchen,
 - Infektionen und
 - Antibiotikaeinnahme.

Für CED-Patienten konnte eine multigenetische Disposition nachgewiesen werden. Dabei sind für Morbus Crohn das **NOD2-Gen** und für Colitis ulcerosa die **HLA-Region** als wichtige Gene für die Entstehung oder Ausprägung der Erkrankung nachgewiesen. Diese spielen bei vielen chronisch-entzündlichen Erkrankungen eine wichtige Rolle. Morbus-Crohn-Patienten weisen in 30–40 % der Fälle eine Mutation im NOD2-Gen auf. Es codiert für einen Rezeptor, der die Freisetzung antimikrobiell wirkender Peptide wie zum Beispiel **Defensine** (► Kap. 3.2.3) im Darm reguliert. Mikrobielle Abwehrfunktionen gehen verloren und Bakterien werden in der inneren Schleimschicht nicht mehr unschädlich gemacht. Die intesti-

nale Barriere bricht zusammen. Bestimmte **Tight-Junction-Proteine** sind nur noch in verminderter Anzahl vorhanden, die Epithelschicht wird durchlässiger und bakterielle Antigene können in die **Lamina propria** eindringen (► Kap. 1.3.5) (Geisslinger 2025).

Verändertes Mikrobiom bei CED

Es gibt deutliche Unterschiede bei der Zusammensetzung des intestinalen Mikrobioms von gesunden Personen und von Patienten mit CED (■ Tab. 5.2).

Morbus Crohn

Morbus Crohn (MC) kann im gesamten Gastrointestinaltrakt auftreten. MC befällt bevorzugt das terminale Ileum, den letzten Abschnitt des Dünndarms und das Kolon (Dickdarm). Patienten leiden unter anhaltenden (> 6 Wochen) Durchfällen, Bauchschmerzen und Fieber. Sie haben erhöhte Entzündungsparameter (CRP, BSG). Da Morbus Crohn gut auf Immunmodulatoren wie Cortison oder Azathioprin anspricht und der Nachweis für einen spezifischen Erreger fehlt, zählt sie zu den **Autoimmunkrankheiten** (Rose und Friedland 2026).

Patienten mit MC weisen eine erhöhte Anzahl an **Fusobakterien** im intestinalen Mikrobiom auf. Diesem Bakterium wurde experimentell eine zerstörende Funktion auf die Mukosa nachgewiesen. Für die Entstehung von Morbus Crohn wurde für die Fusobakterien allerdings keine pathophysiologische Bedeutung dokumentiert (Storr 2020).

Am Krankheitsverlauf scheint außerdem **Mycobacterium avium ssp. paratuberculosis** beteiligt zu sein. Es ist bei vielen Morbus-Crohn-Patienten nachweisbar. Für die Wirksamkeit einer Therapie mit Antibiotika bei MC fehlen noch größere Studien (Rose und Friedland 2026).

Auslöser

Möglicherweise sind defekte Mitochondrien Auslöser für die chronisch-entzündliche Darmerkrankung. Um die Ursache besser zu verstehen, hat sich ein Team aus Wissenschaftlern am Zentralinstitut für Ernährungs- und Lebensmittelforschung der Technischen Universität in München (TUM) mit dem Zusammenspiel des intestinalen Mikrobioms, dem Darmepithel und den Mitochondrien näher befasst. Die Forschenden entfernten bei Mäusen einen Genabschnitt, der die Funktionsfähigkeit von **Protein Hsp60** codiert. Das Protein ist wichtig für die Funktion der Mitochondrien. Durch diese Veränderung kam es zu Gewebeschädigungen im Darmepithel, ähnlich den Veränderungen bei MC. Das intestinale Mikrobiom reagierte auf die gestörten Mitochondrien mit einer veränderten Zusammensetzung (TUM 2024, Urbauer et al. 2024).

■ **Tab. 5.2** Unterschiede bei der Zusammensetzung des intestinalen Mikrobioms bei CED

Verminderte Diversität und erhöhte Präsenz	Reduzierte Anzahl
E. coli	Bacillota
Veillonella spp.	Bacteroidota
Haemophilus spp.	Clostridia
Fusobakterien	Oscillospiraceae
	Bifidobacterium
	F. prausnitzii

Mitochondrien

Mitochondrien sind Zellstrukturen, die Nährstoffe in Energie umwandeln. Dadurch beeinflussen sie den Stoffwechsel und die Zellfunktion.

Defekte Darmbarriere bei Morbus Crohn

Zumindest bei einem Teil der Patienten scheint die Barriere zwischen dem Darmlumen und dem Organismus defekt zu sein. Personen, die unter Morbus Crohn leiden, haben einen Mangel an antiinfektiös wirksamen Peptiden (Defensinen, ► Kap. 3.2.3) im Mukus der Darmschleimhaut. Dem Schleim fehlen häufig noch zusätzlich funktionstüchtige, abdichtende Verbindungen, die sogenannten Tight Junctions (► Kap. 1.3.3) zwischen den Epithelzellen. Bedingt durch die **defekte Barrierefunktion** können die Bakterien der normalen Darmmikrobiota in großen Mengen direkt auf das Epithel der Darmschleimhaut vordringen (► Kap. 1.3.5). Dringen die Bakterien nun weiter in die Darmwand vor, reagiert der Körper mit Abwehrmechanismen, die eine Entzündung auslösen. Mit der Inflammation ist die Barrierefunktion weiter reduziert. Durch den entstehenden **Teufelskreis** können weitere Bakterien in die Darmwand eindringen.

Colitis ulcerosa

Die Colitis ulcerosa (CU) ist eine häufige chronisch-entzündliche Darmerkrankung. Als Ursache nimmt man, wie bei Morbus Crohn, **immunologische** und **genetische** Faktoren an. Die Patienten leiden an rezidivierenden Diarrhöen, Darmblutungen, Koliken und Stuhl-drang. Es herrscht ein Ungleichgewicht an T-Helferzellen. Bei CU überwiegt die T_H2-Immunantwort.

Entzündungen bei der Colitis ulcerosa beschränken sich immer auf den **Dickdarm**. Starke und langanhaltende Durchfälle verursachen eine Mangelernährung. Der Dickdarm ist in seiner Funktion, in der Aufnahme von Flüssigkeit und Nährstoffen, beeinträchtigt.

Auch Patienten mit Colitis ulcerosa weisen eine weniger diverse und eine anders zusammengesetzte intestinale Mikrobiota auf als gesunde Menschen (Rose und Friedland 2026).

Bei wiederkehrender Colitis ulcerosa ist die fäkale Konzentration an mukosabbauenden Enzymen erhöht. Dabei handelt es sich um **Proteasen** und **Muzin-Sulfatasen** bakteriellen Ursprungs. Wahrscheinlich sind die oberflächlichen Entzündungen das Resultat einer Interaktion zwischen Bakterien, Bakterienkomponenten und Oberflächenepithelzellen (Storr 2020).

Für die Therapie von Darmentzündungen ist Mutaflor® mit dem Bakterium E. coli-Stamm Nissle 1917 zugelassen.

5.1.2 Reizdarmsyndrom

Die S3-Leitlinie Reizdarmsyndrom unter Federführung der Deutschen Gesellschaft für Verdauungs- und Stoffwechselkrankheiten gibt als Richtlinie an, dass die Krankheit des Reizdarmsyndroms (RDS; irritable bowel syndrome/IBS) vorliegt, wenn alle 3 der folgenden Punkte erfüllt sind:

1. Es bestehen chronische, d.h. länger als drei Monate anhaltende oder rezidivierende Beschwerden (z.B. Bauchschmerzen oder Blähungen), die von Patienten und Arzt auf den Darm bezogen werden und in der Regel mit Veränderungen des Stuhlgangs einhergehen (Durchfall und/oder Verstopfung).

2. Die Beschwerden sollen begründen, dass der Patient deswegen Hilfe sucht und/oder sich sorgt und so stark sind, dass die Lebensqualität dadurch relevant beeinträchtigt wird.
3. Voraussetzung ist, dass keine für andere Krankheitsbilder charakteristischen Veränderungen vorliegen, die wahrscheinlich für diese Symptome verantwortlich sind (DGVS und DGNM S3-Leitlinie 2021; Layer et al. 2021).

Häufig ist die intestinale Mikrobiota von Patienten mit einem Reizdarm verändert und sie weisen einen Mangel an nützlichen Bakterien auf. Die Gabe von Probiotika verringert die Besiedelung des Darms mit pathogenen Mikroorganismen. Zur unterstützenden Therapie stehen einige Präparate zur Verfügung, die in ■ Tab. 5.3 aufgelistet sind (Bruhn 2023).

Pathophysiologisch relevante, molekulare und zelluläre Faktoren, die bei RDS auftreten können

Bei einem Reizdarmsyndrom kann es zu einer Reihe von pathophysiologischen Veränderungen kommen, bei denen man von einer multifaktoriellen Genese ausgeht. Dazu zählen nach der **S3-Leitlinie** der Deutschen Gesellschaft für Gastroenterologie, Verdauungs- und Stoffwechselkrankheiten (DGVS) und der Deutschen Gesellschaft für Neurogastroenterologie und Motilität (DGNM) unter anderem:

- Motilitätsstörungen,
- gestörter Gallensäuremetabolismus,
- veränderte Schleimhautfunktionen, die sich in einer gestörten intestinalen Barriere und Sekretion zeigen,
- viszerale Hypersensitivität,
- veränderte enterale Immunantworten und
- veränderte Dichte enteroendokriner Zellen mit veränderter Ausschüttung ihrer Botenstoffe (DGVS und DGNM S3-Leitlinie 2021; Layer et al. 2021).

Als zentrale Ursache für diese vielfältigen Symptome wird eine veränderte Kommunikation zwischen dem Magen-Darm-Trakt und dem Gehirn vermutet (**Störung der Mikrobiota-Darm-Gehirn-Achse**, ● Abb. 5.1; ► Kap. 1.7.2). Mögliche Auslöser sind psychische Faktoren und ein verändertes Darmmikrobiom, aufgrund von Nahrungsmittelunverträglichkeiten oder der Einnahme von Antibiotika.

Zur Erfassung des Schweregrads des RDS wurde unter anderem das **irritable bowel syndrome severity scoring system** (IBS-SSS) mit Fragebögen entwickelt.

Therapie des Reizdarmsyndroms

Aufgrund der sehr unterschiedlichen Erscheinungsformen gibt es **keine Standardtherapie** für das Reizdarmsyndrom.

Überwiegen bei Erwachsenen Obstipation und Diarrhö, sollten beispielsweise bevorzugt lösliche Ballaststoffe zur Behandlung eingesetzt werden.

Mikrobiotika

In der Therapie des RDS können **Probiotika** nicht pauschal als wirksam oder unwirksam eingestuft werden. Für bestimmte Patientengruppen konnte die Wirksamkeit probiotischer Stämme aber nachgewiesen werden (■ Tab. 5.3). Teilweise sind die einzelnen Studien wegen unterschiedlicher Endpunkte nur schwer miteinander zu vergleichen (Layer et al. 2021).

