

Welche Laktobazillen und Bifidobakterien finden sich in der Muttermilch deutscher und österreichischer Mütter und was beeinflusst deren Präsenz?

Originaltitel: Soto A et al. Lactobacilli and bifidobacteria in human breast milk: influence of anti-biotherapy and other host and clinical factors; Journal Pediatr Gastroenterol Nutr 2014 Feb 28. Epub ahead of print

Hintergrund

Die Besiedlung des Darms mit Bakterien beginnt vermutlich schon vor der Geburt und stellt einen wichtigen physiologischen Vorgang dar. Die Darm-Mikrobiota spielt für den Säugling eine wichtige Rolle in der Unterstützung des noch unreifen, kindlichen Immunsystems und trägt zum Schutz vor Infektionen maßgeblich bei. Seit einigen Jahren ist bekannt, dass die Muttermilch eine wichtige Quelle von kommensalen Bakterien für den Säugling darstellt, die den kindlichen Darm besiedeln. Man geht heute davon aus, dass die Bakterien in der Muttermilch zumindest zum Teil aus der Darmflora der Mutter stammen und über einen endogenen Transfer in die Muttermilch gelangen.

Schätzungsweise nimmt ein Säugling mit 800ml Muttermilch in etwa zwischen 10^5 und 10^7 Keimen täglich auf. Die Anzahl von Bakterienspezies in humaner Milch ist mit vermutlich mehreren hundert Arten sehr komplex. Weit verbreitet sind Gattungen wie *Staphylococcus*, *Streptococcus*, *Corynebacteria* und *Propionibacteria*, während sich die Präsenz der Gattungen *Lactobacilli* und *Bifidobacteria* sehr variabel darstellt. Insbesondere die beiden letztgenannten Gattungen werden als besonders bedeutsam für den Säugling angesehen. Laktobazillen haben eine Art „Pionierfunktion“, da sie zu den Erstbesiedlern zählen und für nachfolgende Keime ein günstiges Milieu schaffen. Bifidobakterien stellen vermutlich ebenfalls eine große Bakterienpopulation im Darm.

Studienziel

Im Rahmen der Studie wurden ausgewählte Arten der Gattungen Laktobazillen und Bifido-

bakterien in der Muttermilch gesunder deutscher und österreichischer Mütter analysiert. Darüber hinaus wurden demographische sowie klinische Einflussfaktoren untersucht, die einen Einfluss auf die Population von Bifidobakterien und Laktobazillen in der Muttermilch von gesunden Frauen haben könnten.

Methodik

Probanden:

An der Studie beteiligten sich 160 gesunde Frauen aus Deutschland und Österreich aus zufällig ausgesuchten Regionen der jeweiligen Länder. In den Regionen wurde darüber hinaus zwischen Müttern aus städtischem bzw. ländlichem Umfeld unterschieden. Jeder Mutter wurde steril eine Milchprobe entnommen und unmittelbar nach der Entnahme eingefroren. Alle Mütter füllten zusätzlich einen Fragebogen aus, in dem sie z.B. über demographische Merkmale und den Geburtsvorgang Auskunft gaben.

Analytik:

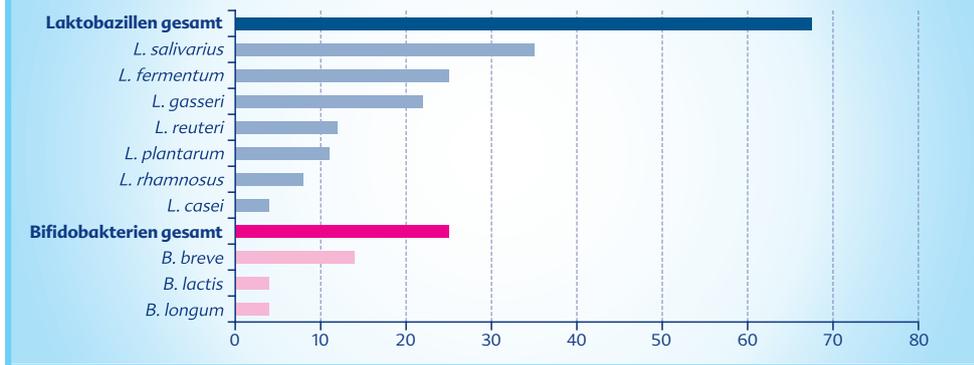
66 zufällig ausgewählte Milchproben wurden zur Kultivierung und quantitativen Erfassung bestimmter Bakterienarten auf spezifische Agar-Nährboden aufgebracht und bebrütet. Alle 160 Proben wurden einer qualitativen DNA-Analyse mittels PCR unterzogen und auf DNA ausgewählter Muttermilch-spezifischer Arten der Gattungen *Lactobacilli* und *Bifidobacteria* untersucht.

Ergebnisse

Quantitative Analyse:

Bakterienwachstum wurde in 58 von 66 Milchproben beobachtet, darin vorherrschend Staphylokokken (77%) und Streptokokken (61%). Laktobazillen und Bifidobakterien waren

Häufigkeit von Laktobazillen und Bifidobakterien in 160 Muttermilchproben (%)



zu 41% bzw. 11% vertreten. Die Gesamtmenge an lebenden Zellen lag im Bereich normaler Keimzahlen unter sachgemäßer Probenentnahme und -lagerung ($<10^3$). Die am häufigsten nachgewiesenen Arten waren *L. salivarius*, *L. fermentum*, *L. gasseri* und *B. breve*. Von allen Lactobacillus-positiven Proben enthielten 25,9% die Art *L. fermentum*.

Qualitative Analyse:

In 113 von 160 Proben wurden Laktobazillen und/oder Bifidobakterien nachgewiesen. **Laktobazillen konnten in mehr als zwei Dritteln (67,5%) und Bifidobakterien in einem Viertel (25,6%) aller Proben nachgewiesen werden.** Bei den Laktobazillen war *L. salivarius* die am häufigsten vorkommende Art (35%), gefolgt von *L. fermentum* (25%) und *L. gasseri* (22%). Einzelne Arten kamen bei den Bifidobakterien deutlich seltener vor: *B. breve* (14%), *B. lactis* und *B. longum* jeweils 4% (Abbildung). Insgesamt wurden bis zu 52 Kombinationen aus Laktobazillen und Bifidobakterien in den Proben gefunden, was die Komplexität der mikrobiellen Zusammensetzung von Muttermilch widerspiegelt.

Einflussfaktoren:

Die Zahl an Milchproben, die entweder Laktobazillen oder Bifidobakterien enthielten, war

bei den Frauen signifikant geringer, die während der Schwangerschaft oder Stillzeit **Antibiotika** erhalten hatten ($p < 0,001$ für Laktobazillen bzw. $p < 0,05$ für Bifidobakteri-

en). Frauen, die per **Kaiserschnitt** entbunden hatten oder während der Geburt eine Anästhesie erhalten hatten, wiesen tendenziell ebenfalls weniger Laktobazillen in ihrer Milch auf ($p = 0,06$ bzw. $p = 0,10$; ns). Auf die Bakterienarten bezogen, zeigte sich ein ähnliches Bild: *L. fermentum* und *L. salivarius* kamen in der Milch von Müttern mit Antibiotikaeinnahme in Schwangerschaft/Stillzeit signifikant seltener vor. Der Einflussfaktor „Kaiserschnitt“ verfehlte für diese beiden Bakterienarten wieder knapp die Signifikanz ($p < 0,10$). Für keine Art der Bifidobakterien wurden bzgl. Antibiotika oder Kaiserschnitt signifikante Unterschiede gefunden.

Schlussfolgerungen

Die Daten der Studie geben gute Hinweise über das Profil von ausgewählten Laktobazillen und Bifidobakterien in der Muttermilch deutscher und österreichischer Mütter. Beide Bakteriengattungen scheinen zur üblichen Muttermilch-Mikrobiota zu gehören. **Allerdings fand sich die Gruppe der Laktobazillen deutlich häufiger in den Proben, als die Gruppe der Bifidobakterien.**

Fazit

Die Präsenz von Laktobazillen und Bifidobakterien könnte somit als Marker einer gesunden, nicht durch Antibiotika beeinflussten Muttermilch-Mikrobiota dienen. Daraus ableitend könnte die Gabe aus Humanmilch stammenden Laktobazillen/Bifidobakterien an Schwangere/Stillende oder ihrer Kinder unter Antibiotikatherapie einen attraktiven Ansatz darstellen, ein natürliches bakterielles Ökosystem wieder herzustellen.



Für das Wertvollste im Leben.