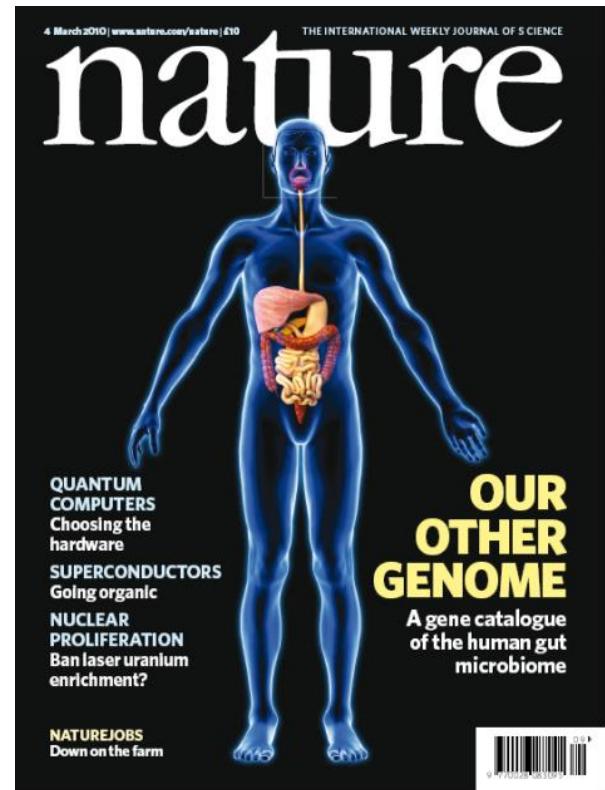


Mikrobiom, az immunrendszer iskolája

Me, myself, us

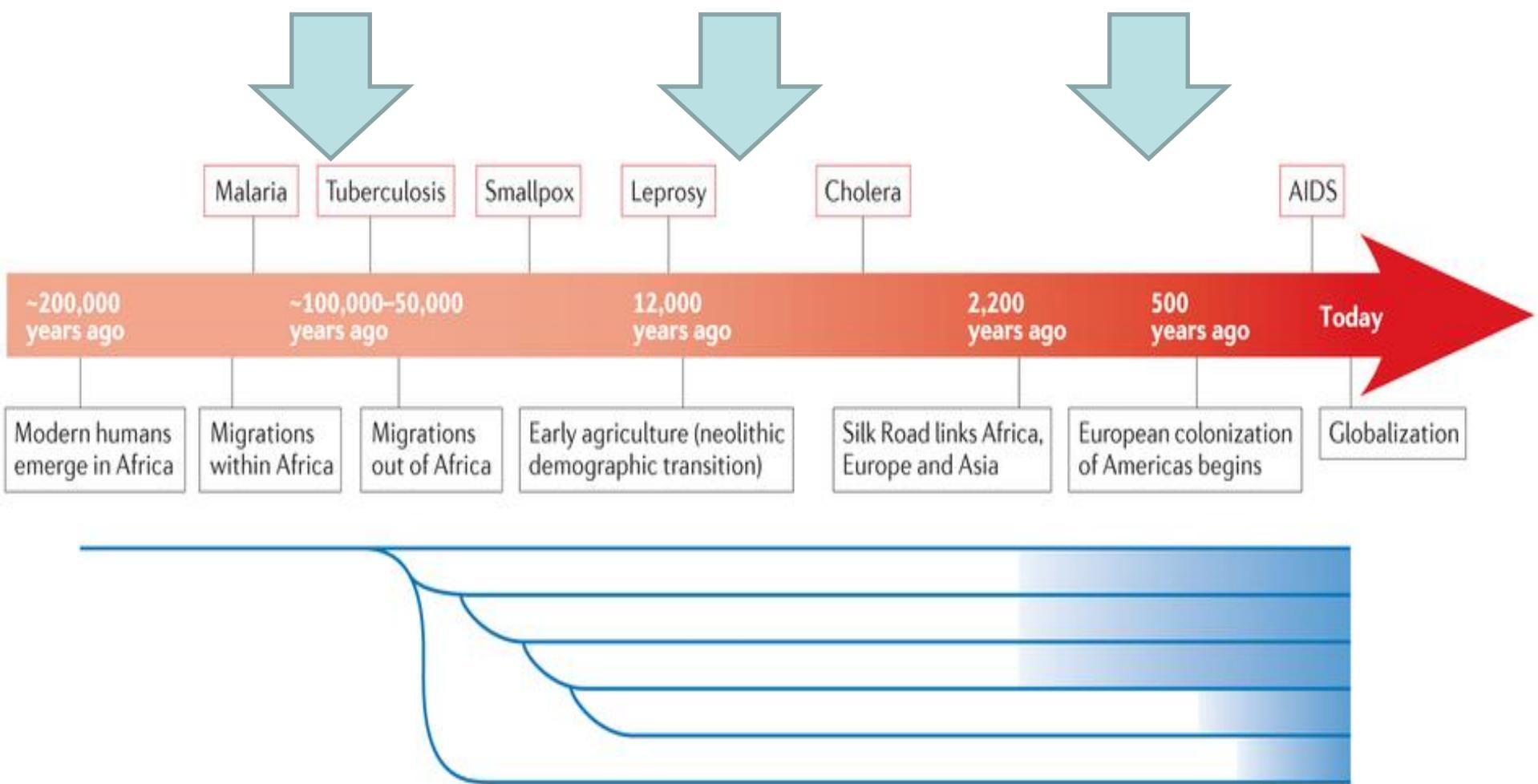
Looking at human beings as ecosystems
that contain many collaborating and competing species
could change the practice of medicine

The Economist Aug 18th 2012 | from the print edition



Falus András

Szimbionta mikrobák



A magasabbrendű szervezet, mint komplex ökoszisztéma- **metagenomika**

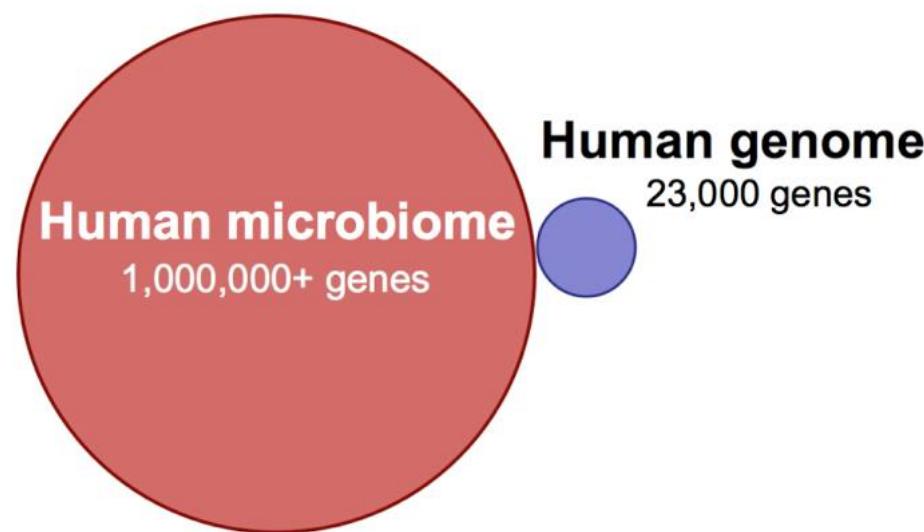
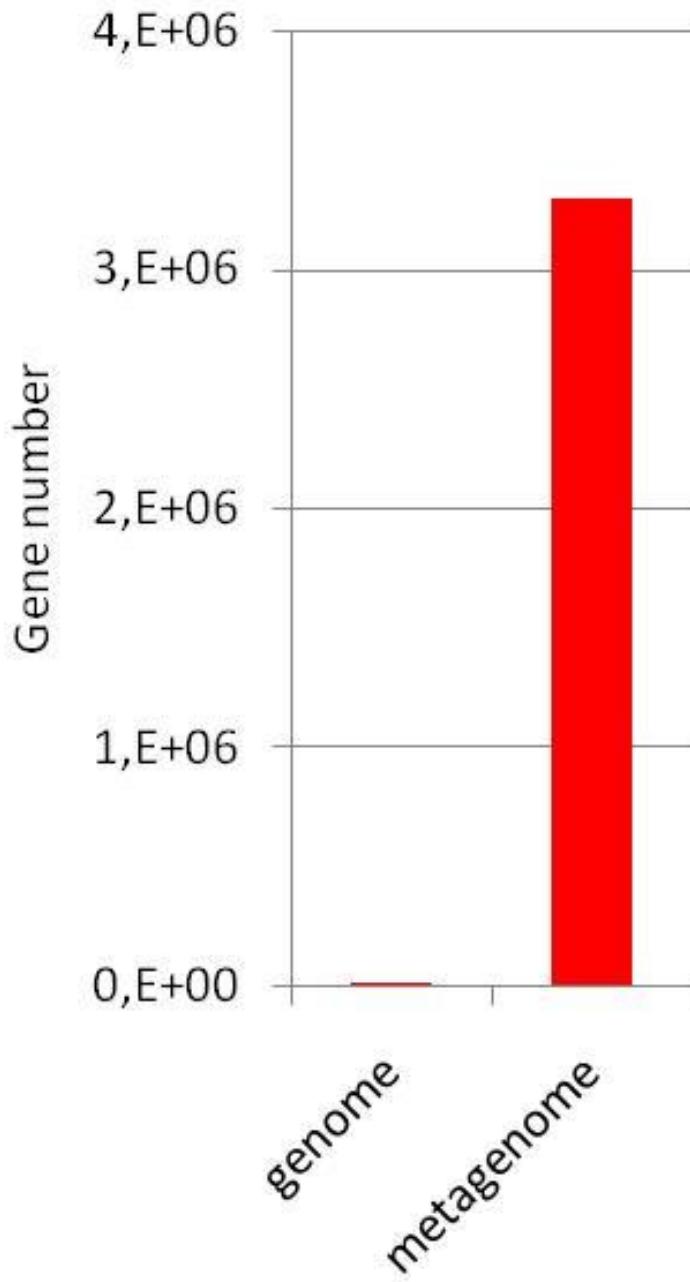
„Ember-eredetű” sejt ($\sim 10^{14}$):

80-100 x több mikrobiális sejt ($\sim 10^{16}$)

??

Emberben 23-25.000 gén

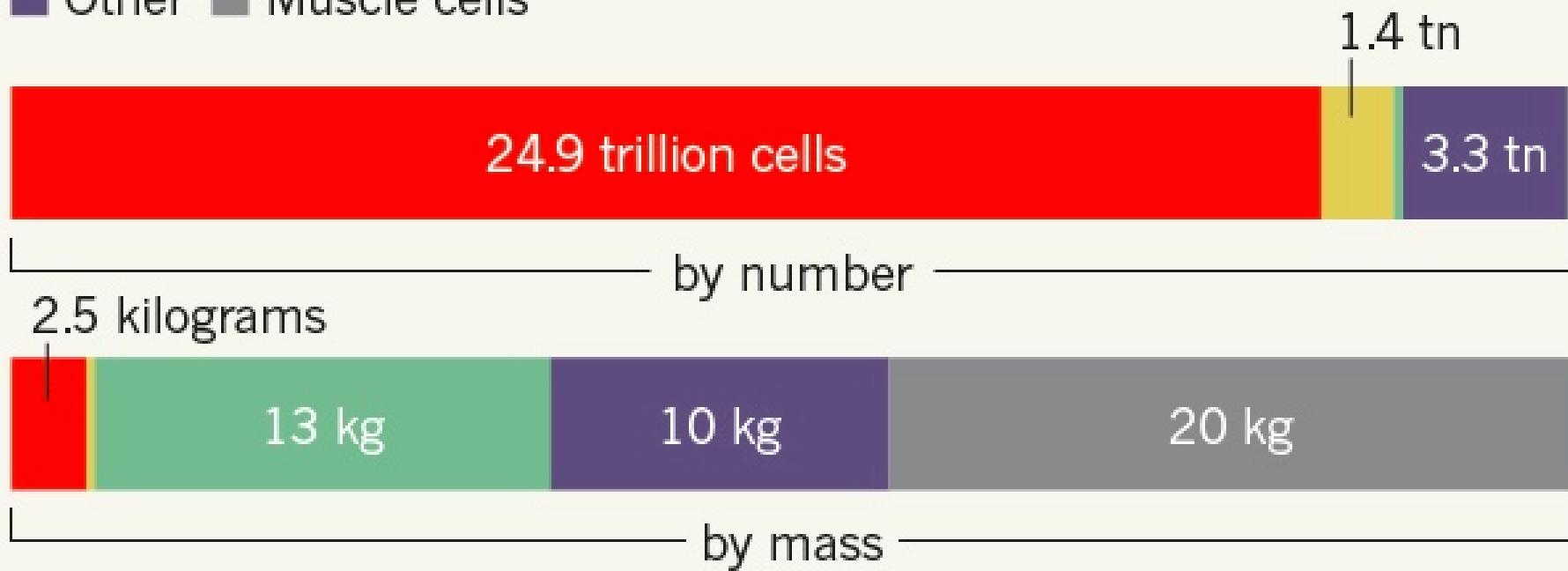
Mikrobiális gén: 8,000,000



COUNTING HUMAN CELLS

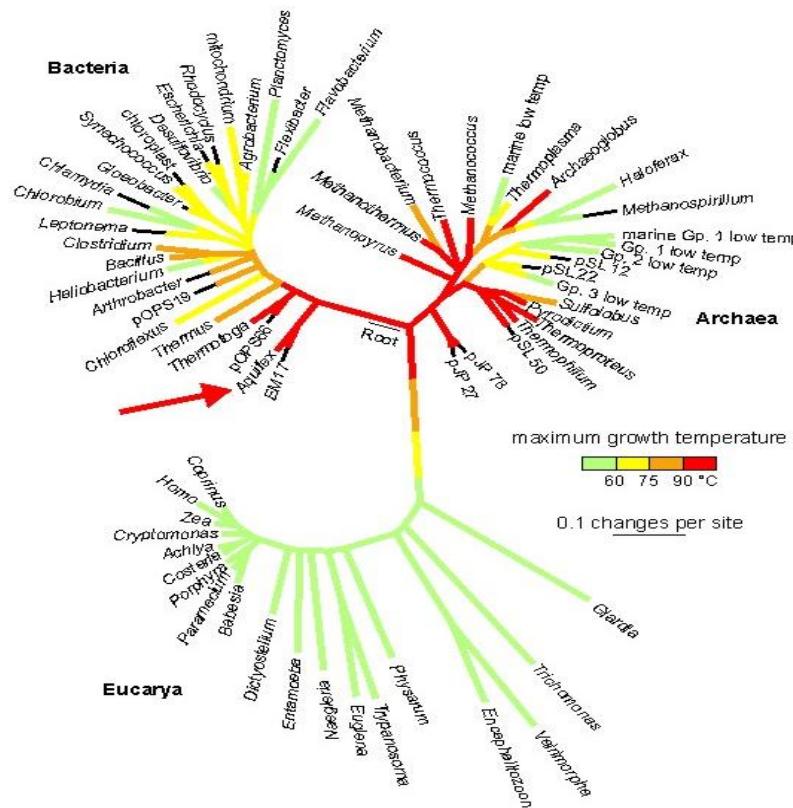
Most of our body's cells are small red blood cells, although fat cells and muscle cells make up the majority by mass.

- Red blood cells (erythrocytes)
- Platelets
- Fat cells (adipocytes)
- Other
- Muscle cells

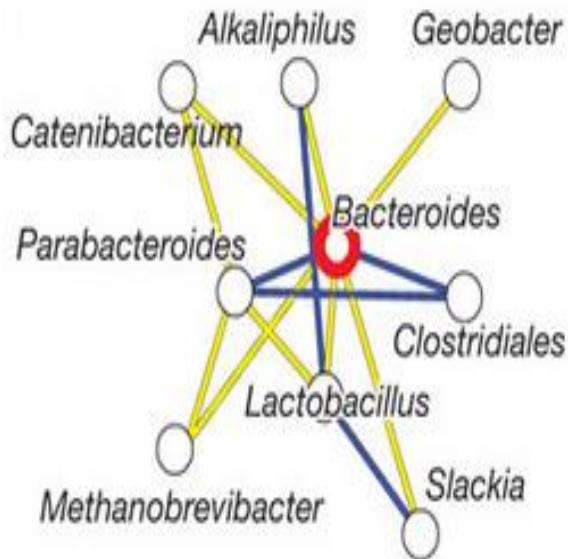


Korábbi metodikai korlát megszűnt

- A baktériumok 90%-a nem tenyészthető
- Új generációs szekvenálás
- 16S rRNA alapján adatbázisok-filogenetikai törzsfa
- Operational Taxonomic Units (OTU)



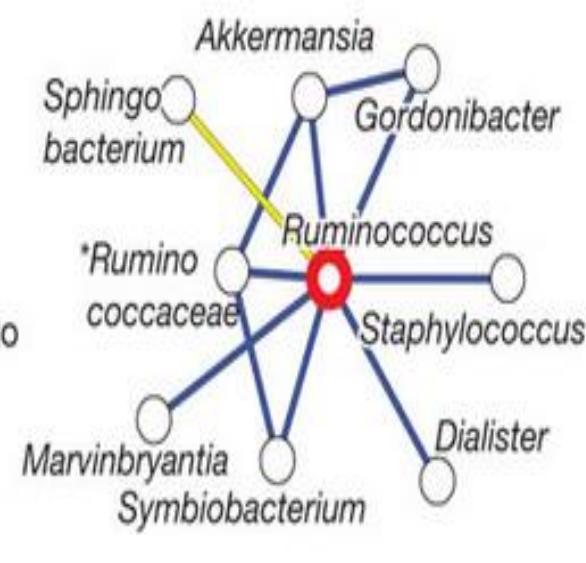
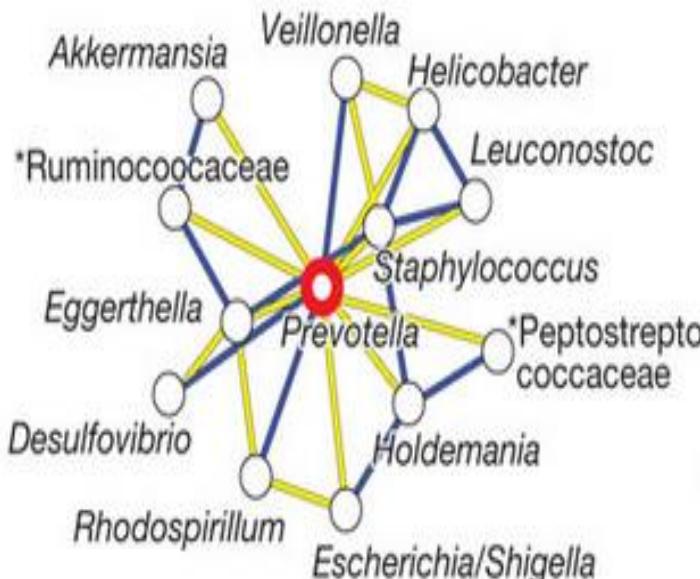
Specifikus bakteriális hálózatok; pozitív és negatív korrelációk



main genera

others next to main genera

fő nemzetseg mellett megjelenő nemzetsegek



+ve

-ve

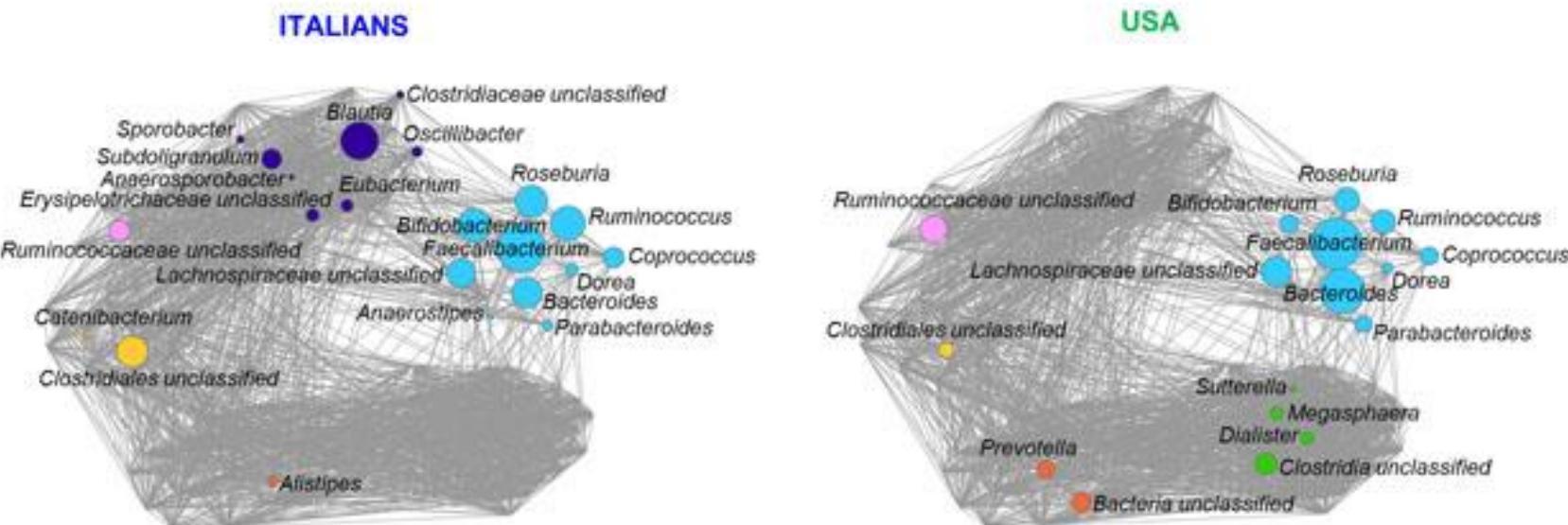
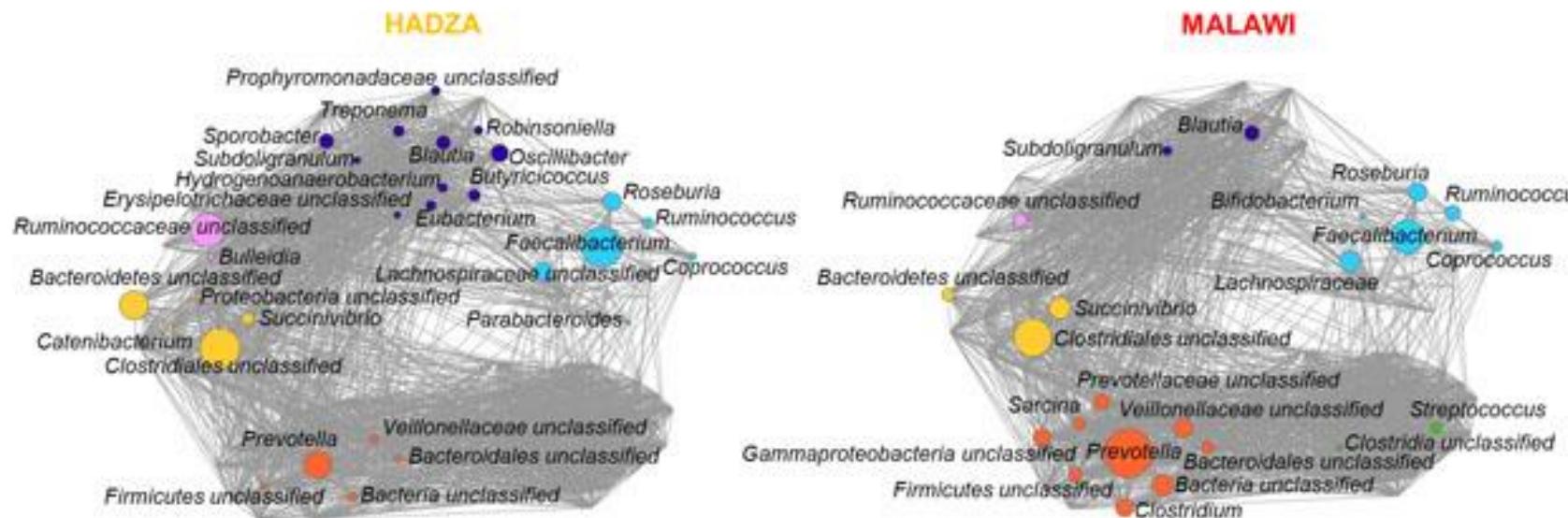
correlation

io

(>0.4)

neg. korreláció

(<-0.4)



Honnan származik a mikrobiom?

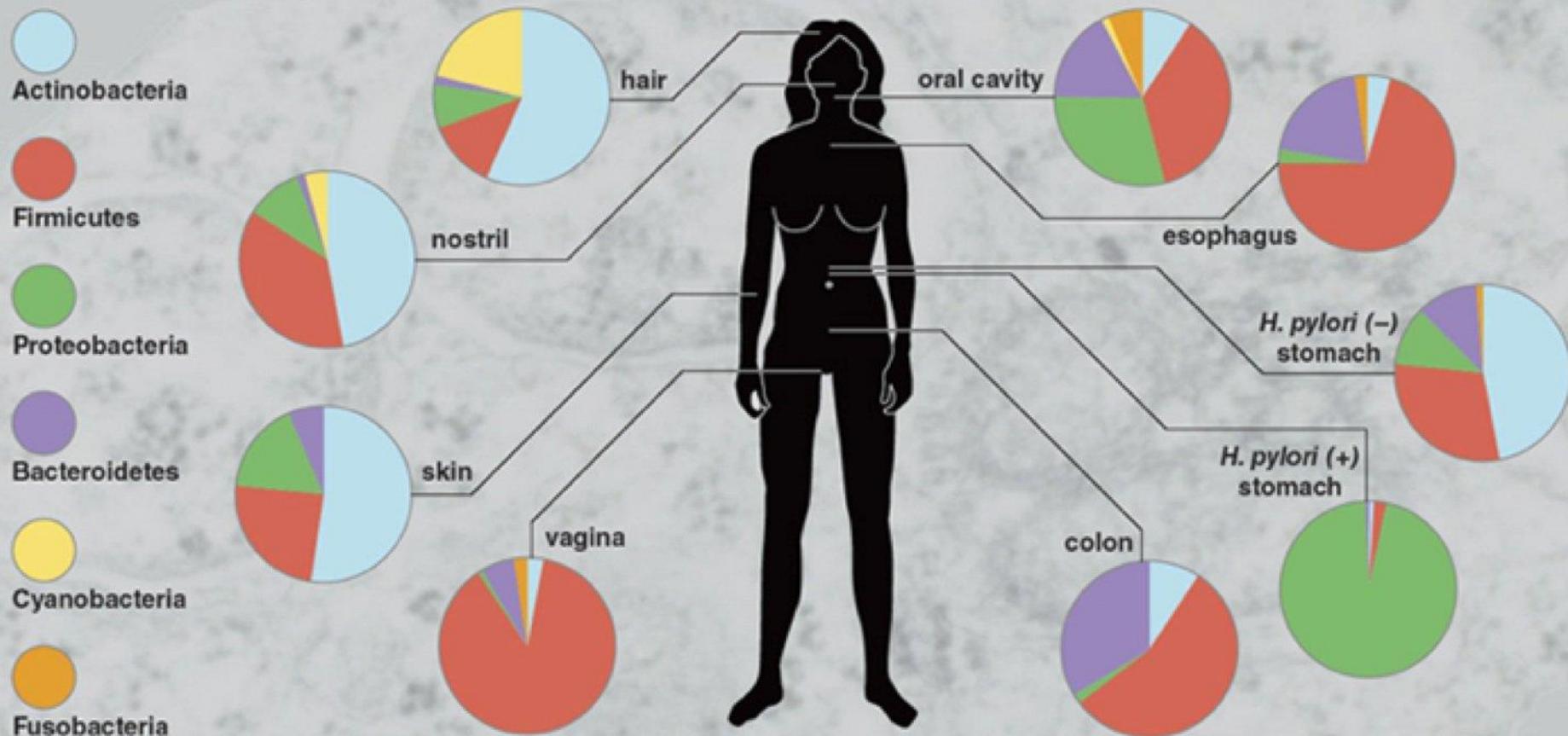
Special Issue: Nurturing the Next Generation

The infant microbiome development: mom matters

Noel T. Mueller^{1,2}, Elizabeth Bakacs³, Joan Combellick⁴, Zoya Grigoryan³, and
Maria G. Dominguez-Bello³

Trends in Molecular Medicine, February 2015, Vol. 21, No. 2

A mikrobiális összetétel lokalizáció függő

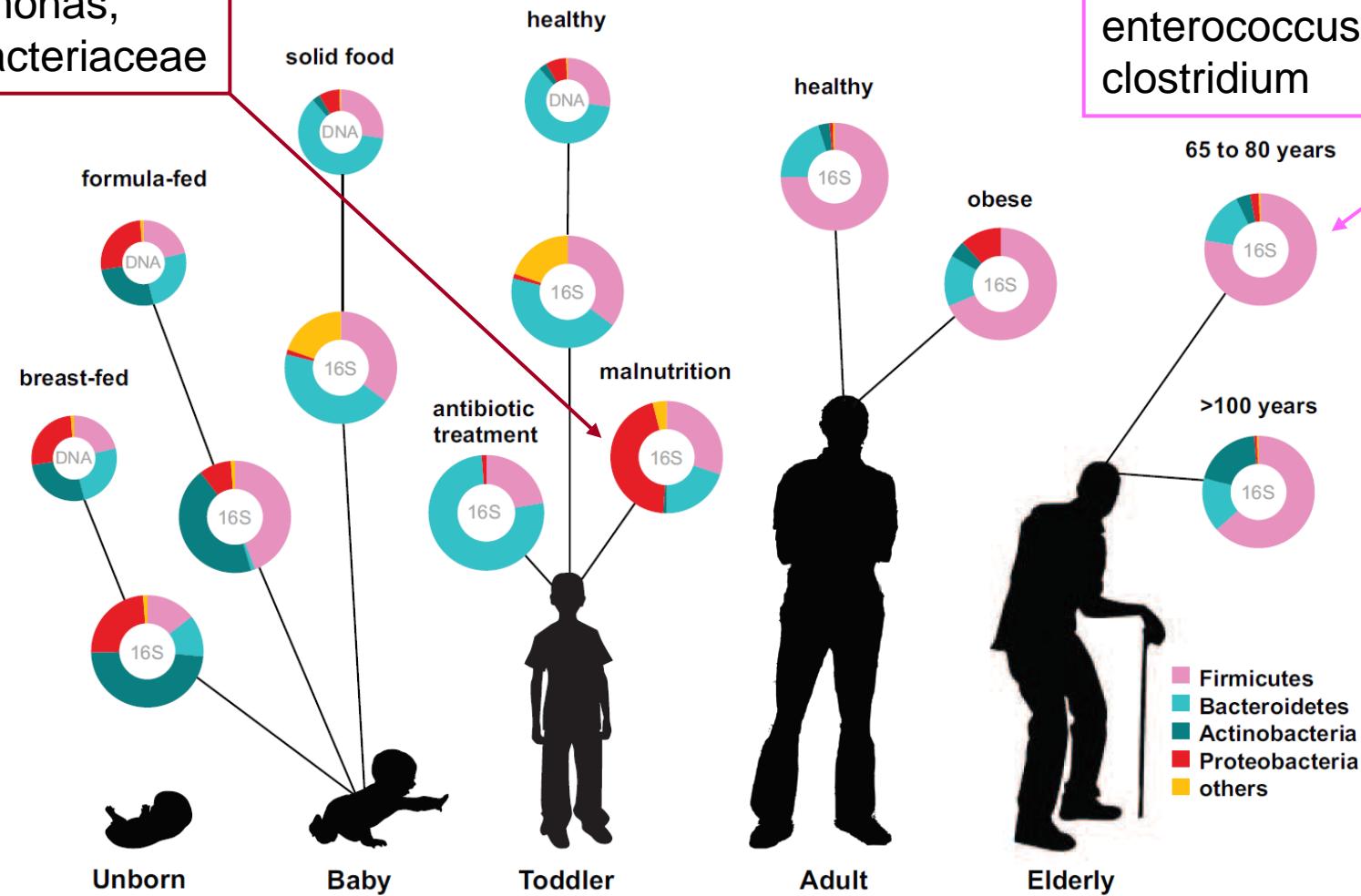


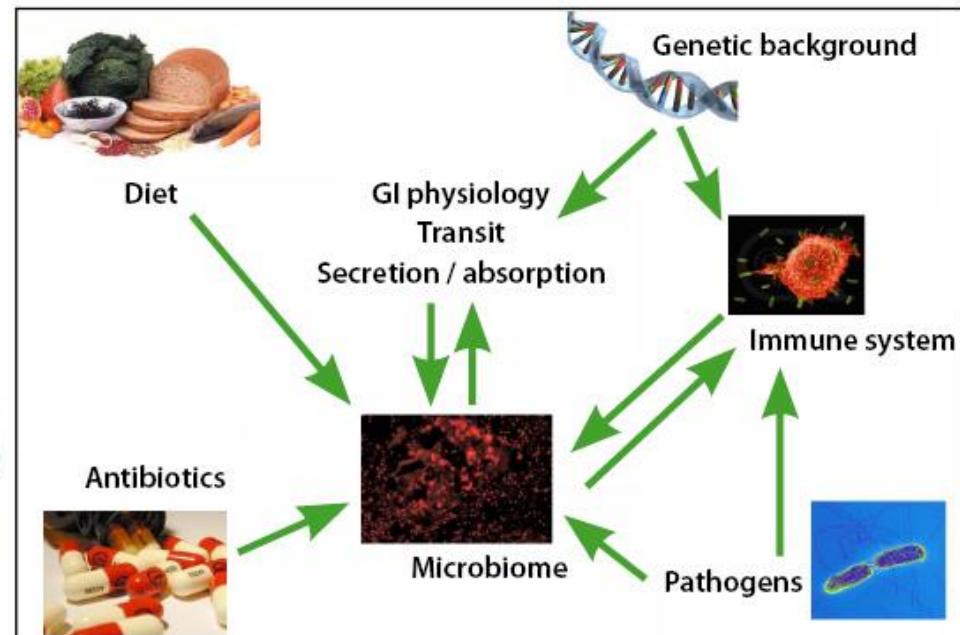
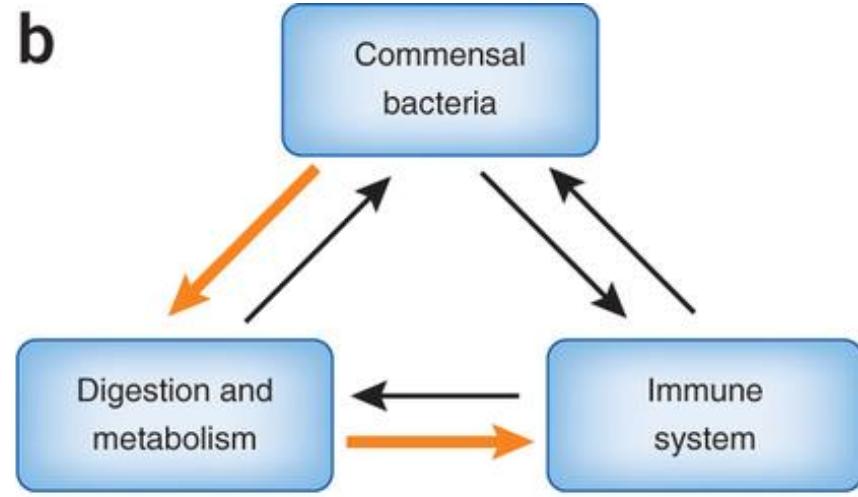
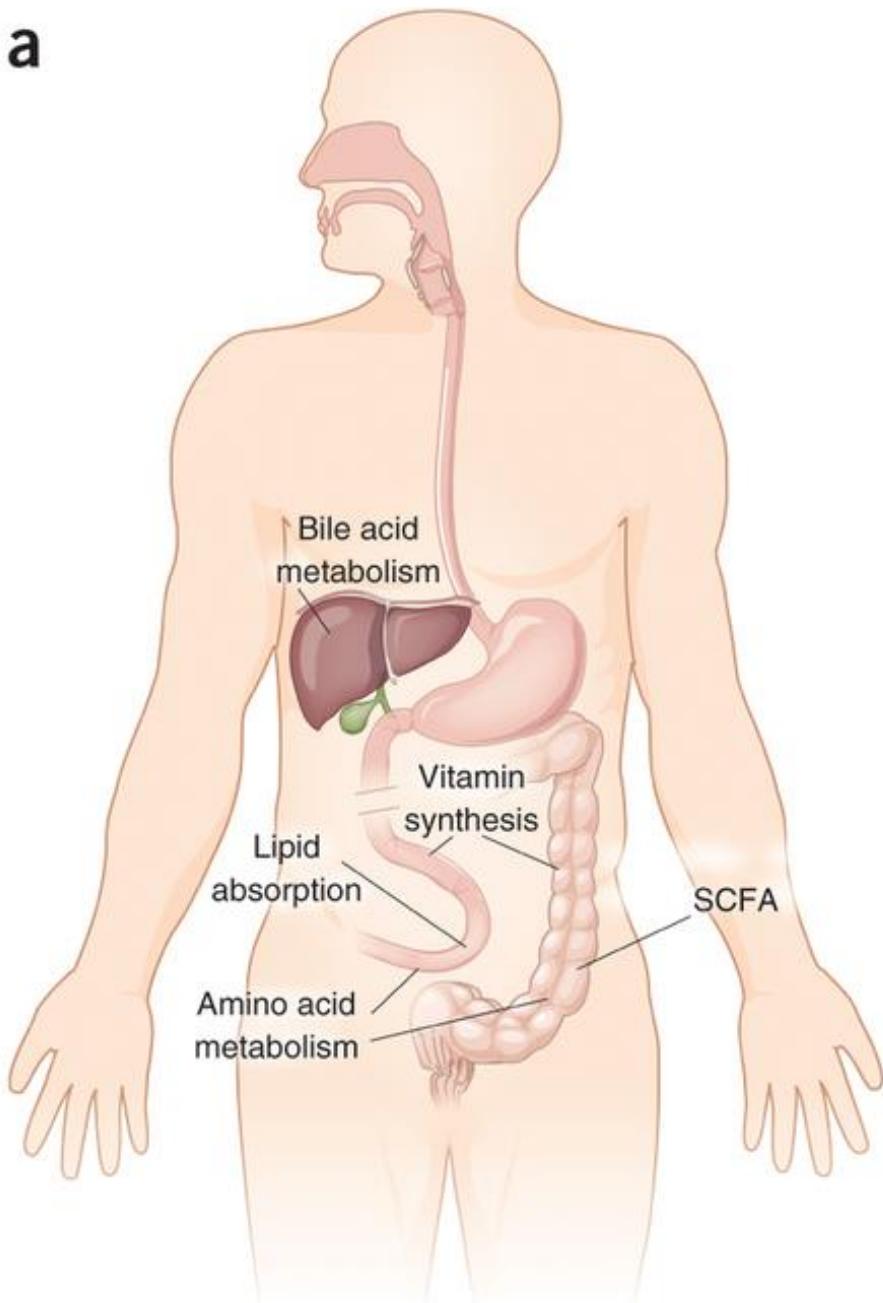
Bélmikrobiom (törzsek) változása idő és noxa hatására

Proteobacteria:
pseudomonas,
enterobacteriaceae

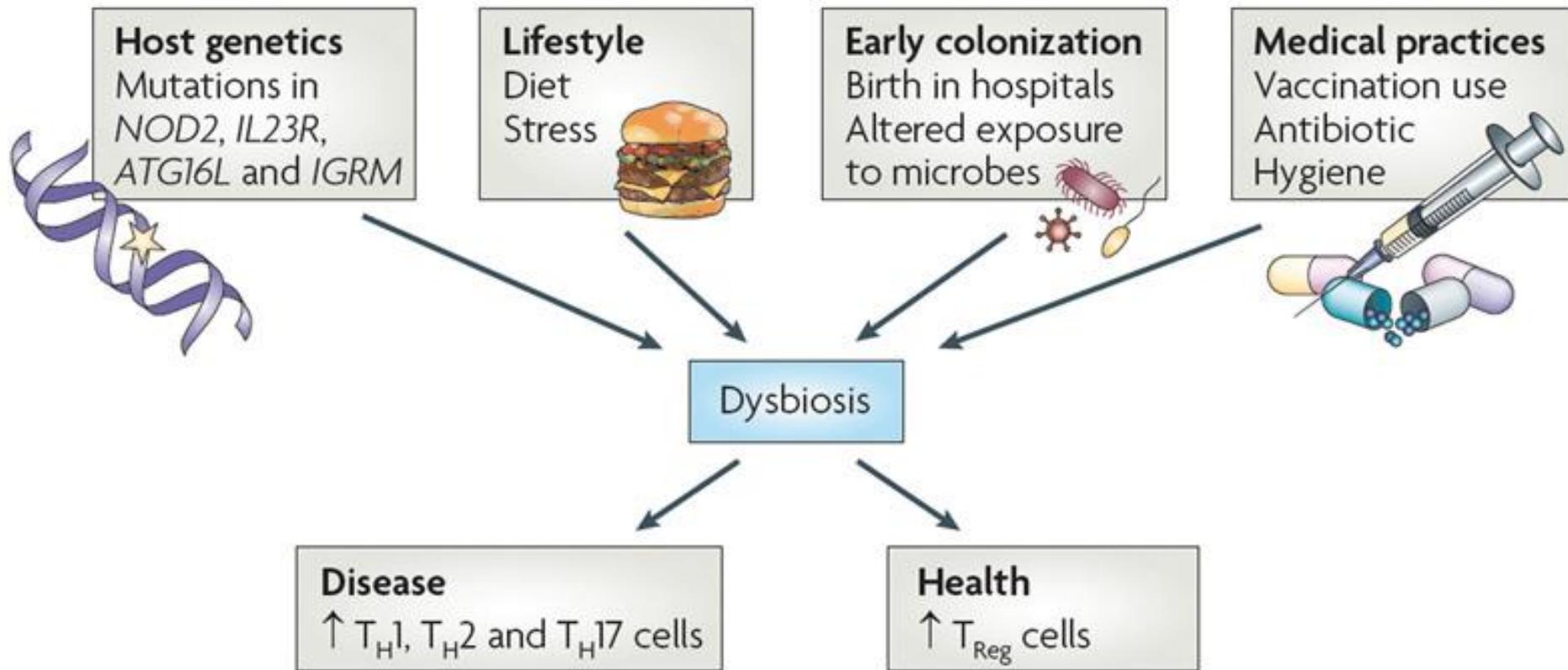
16S rRNA meghatározás metagenomika

Firmicutes:
streptococcus,
staphylococcus,
enterococcus,
clostridium





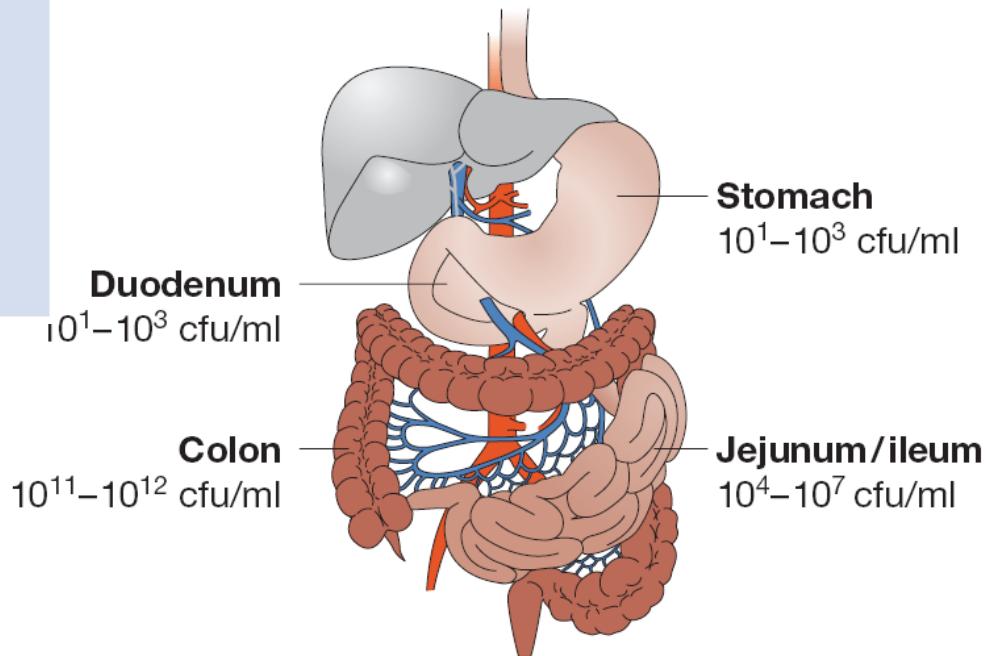
SCFA: short chain fatty acids



Bél mikrobiom

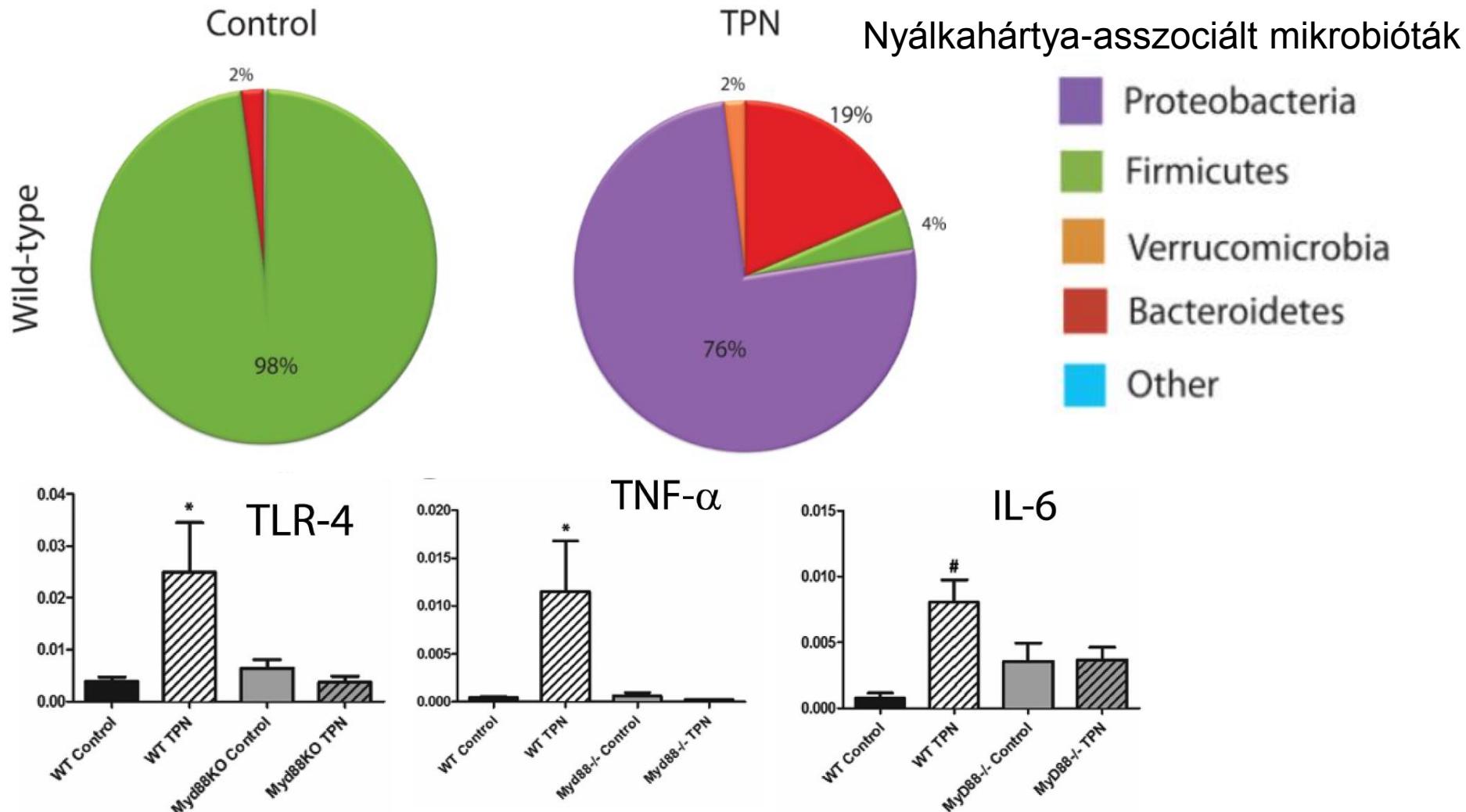
- Nagyon instabil, folyamatos változás
- E. coli: 20-30 % genetikai eltérés E.coli-k között (humán-csimpánz között : < 1 %

Anaerobic genera	Aerobic genera
<i>Bifidobacterium</i>	<i>Escherichia</i>
<i>Clostridium</i>	<i>Enterococcus</i>
<i>Bacteroides</i>	<i>Streptococcus</i>
<i>Eubacterium</i>	<i>Klebsiella</i>

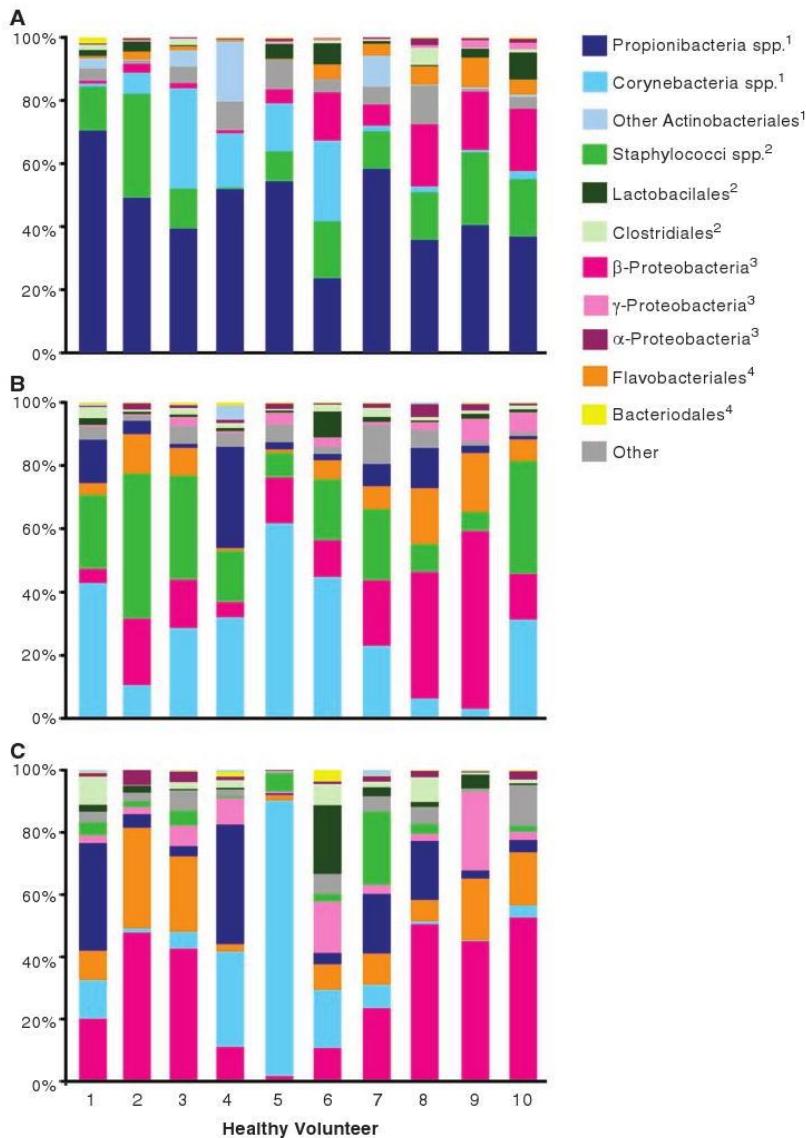




Teljes parenterális táplálás asszociált dysbacteriosis és gyulladás



Bőr-mikrobiom



Three dermal microenvironments

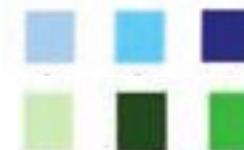
(A) sebaceous, (B) humid, (C) dry areas

Most frequent bacterial groups:

1, *Actinobacteria*



2, *Firmicutes*



3, *Proteobacteria*



4, *Bacteroidetes*



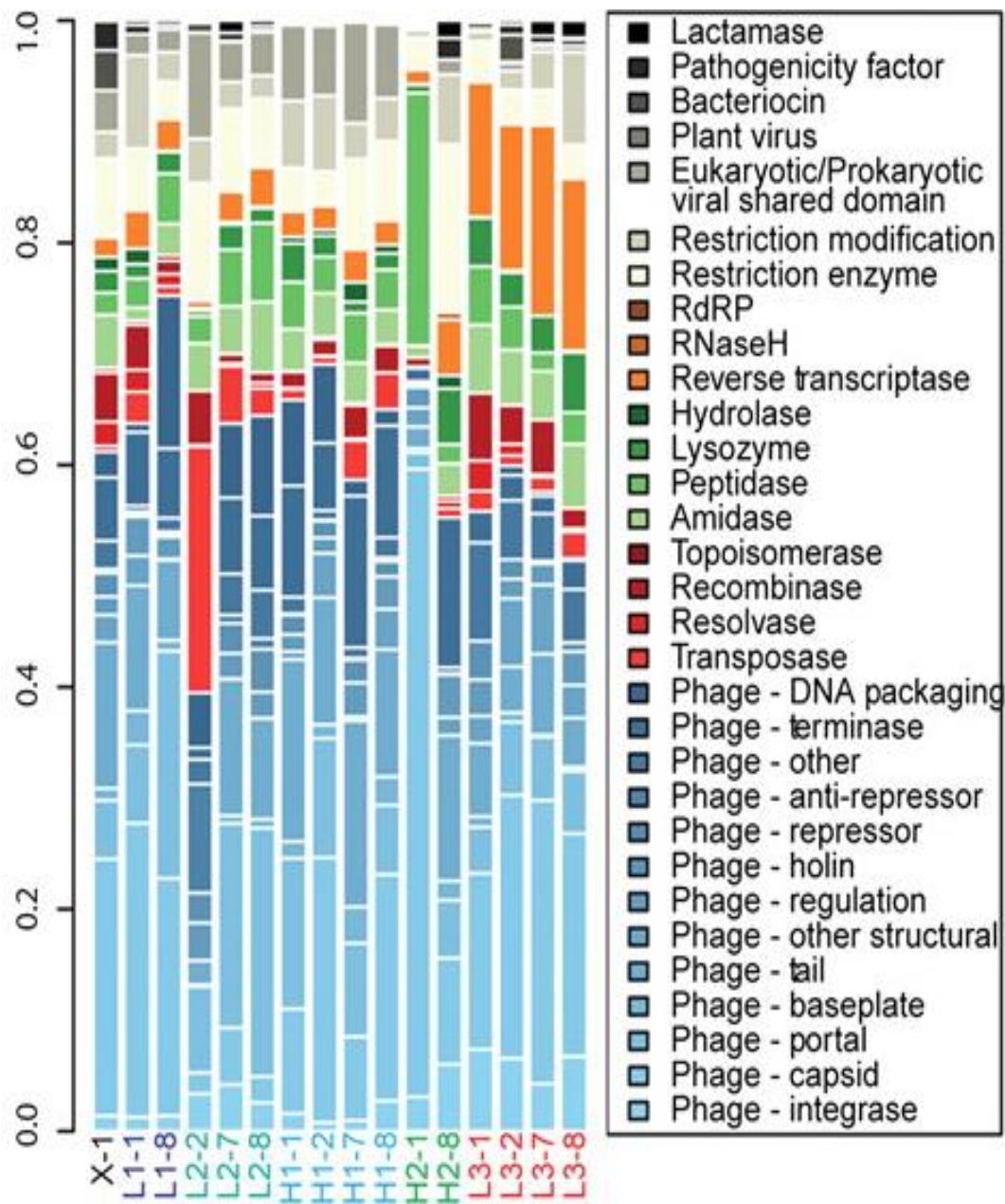
➤ Includes bacteriophages

➤ Individual (similarities in twins and mother-child pairs)

➤ Very stable (< 5% change/year)

➤ Many antibiotics resistance genes

Vírusok-virom



Hepatitis B, mint szimbionta vírus?

Michelle Hong és munkatársai: **A hepatitis B vírus mint szimbionta**
2015. március 31.

Nature Communications-ben megjelent tanulmány szerzői: ha a magzat hepatitis B vírus fertőzésnek van kitéve, immunrendszerre jobban fejlődik, aminek következtében a csecsemő jobban ellen tud állni a bakteriális fertőzéseknek.

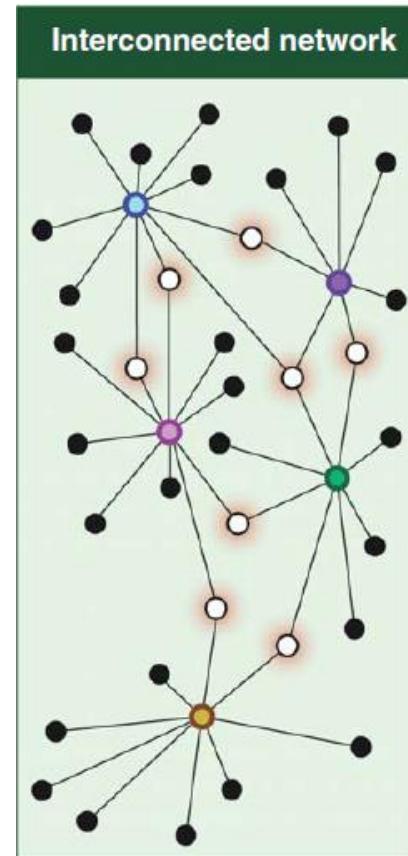
: [Trained immunity in newborn infants of HBV-infected mothers](#)

A HBV-expozíciónak kitett újszülöttek szervezetében kialakuló citokin-környezet vezet a Th1-sejtek és az immunrendszer éréséhez, az immunsejtek epigenetikusan mediált újraprogramozása következik be, (hasonló: egér és a perzisztensen fennáló Herpes simplex vírus infekció esetén (*Barton, E. S. et al.*)

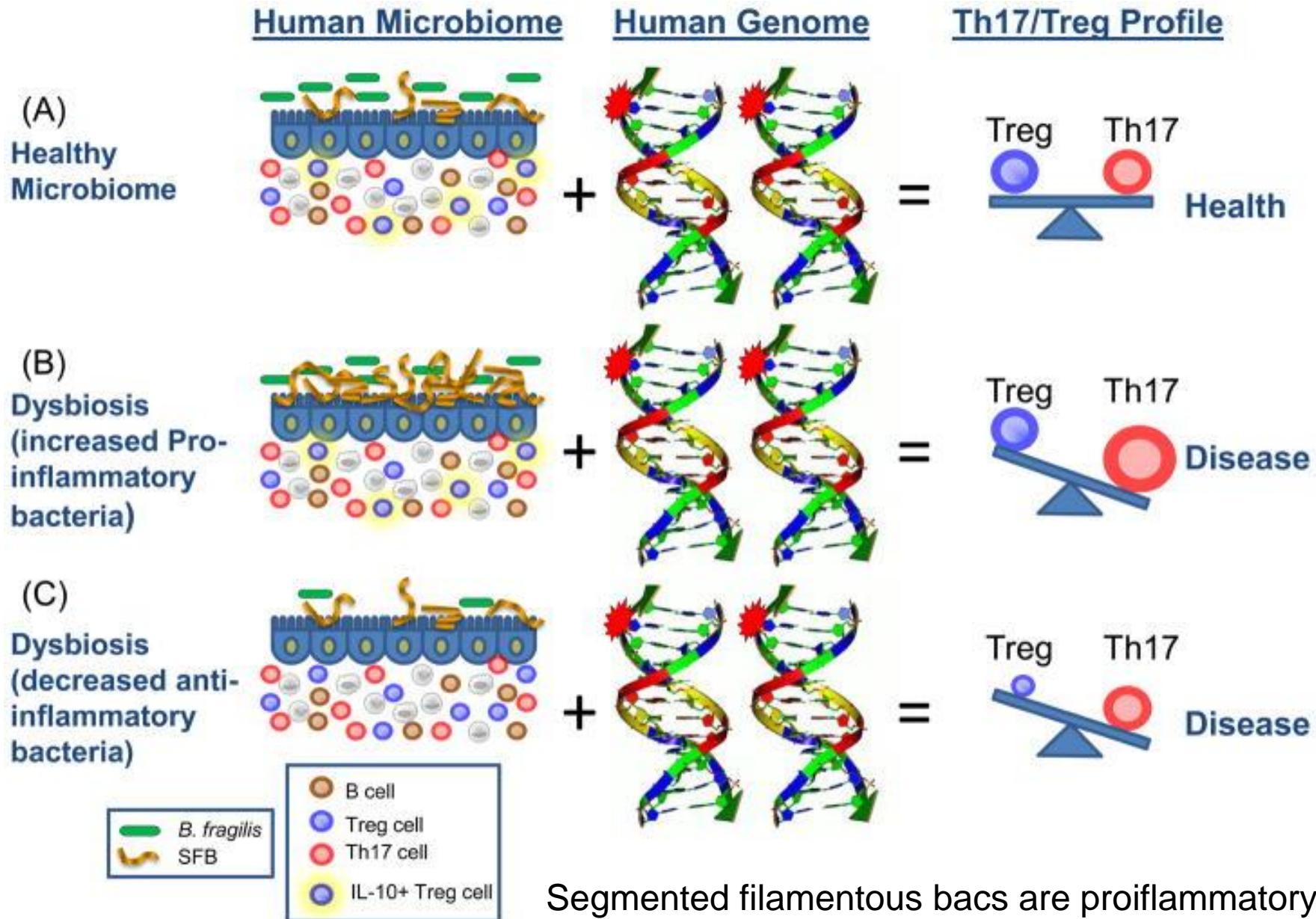
A mikrobiom funkciói

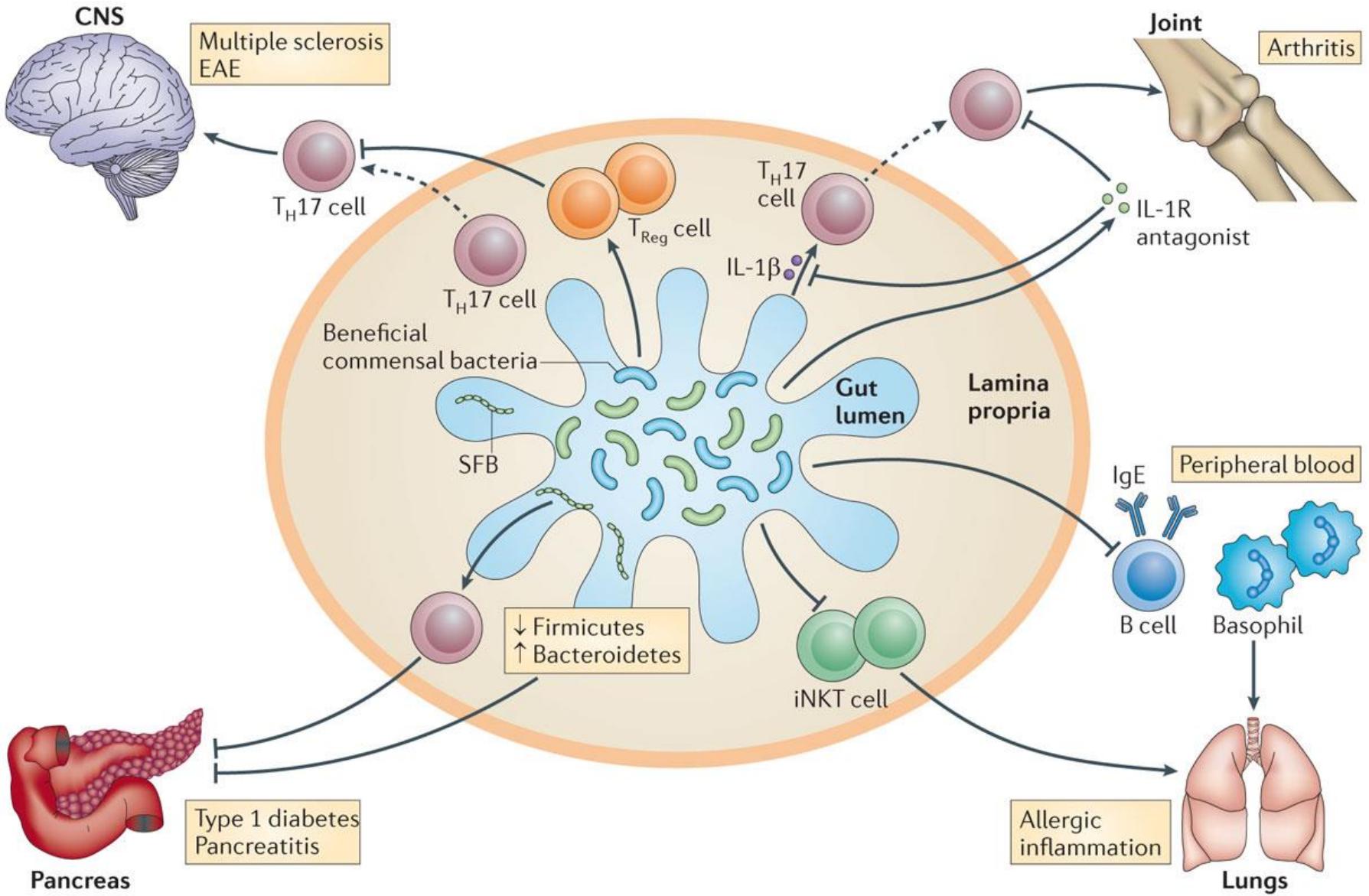
- Funkció
 - Metabolikus
 - Lebontás, erjesztés, felszívódás
 - SCFA , vitaminok (B, K) szintézise
 - Immun
 - **Az immunrendszer érése**
 - **Allergiák kivédése**
 - **C.diff, Staph.aureus>Bacteroides, Bifidobacteria**
 - **A pathogen mikrobiális flóra visszaszorítása**
 - Neuroaktív: bél-agy tengely
 - Stresszre adott válasz, idegrendszeri fejlődési zavarok
 - Endocannabinoid rendszer » obezitás
 - -.....

?????????



MICROBIOME AND IMMUNE REGULATORY NETWORKS

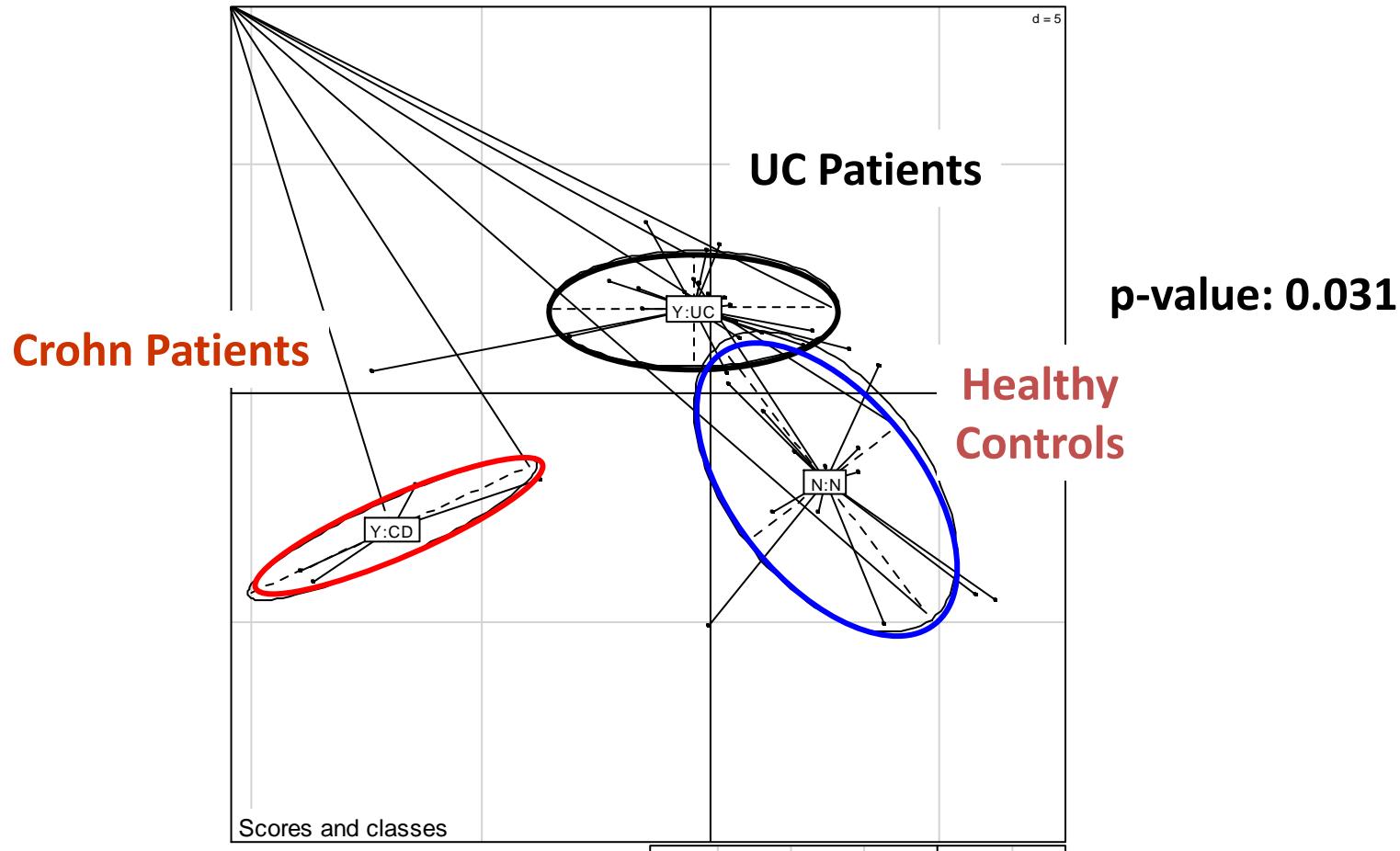




A lokális és szisztemás mikrobiom által befolyásolt klinikai állapotok:

- gastroenterológiai kórképek (Crohn, UC)
- a dohányzással kapcsolatos tüdőbetegségek (TGF β , IL-6, IL-13)
- obesitás (adipokinek)
- neurológiai és pszichiátriai CNS funkciók (serotonin) (pl. depresszió)
- carcinogenesis (SCFA, epesavak)
- sepsis, lokális gyulladások (pl. gingivitis)
- diabetes (I.,II.)
- rheumatoid arthritis
- atopiás dermatitis

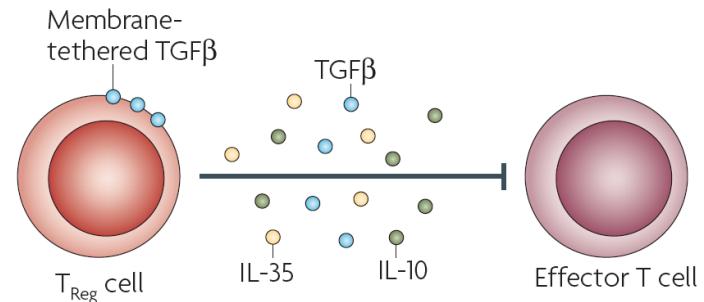
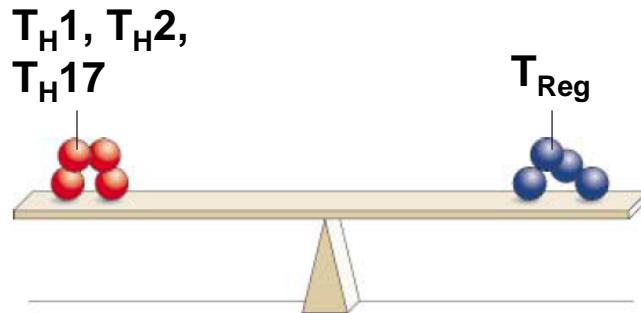
Metagenomic map in IBDs



IBD is driven by T cells

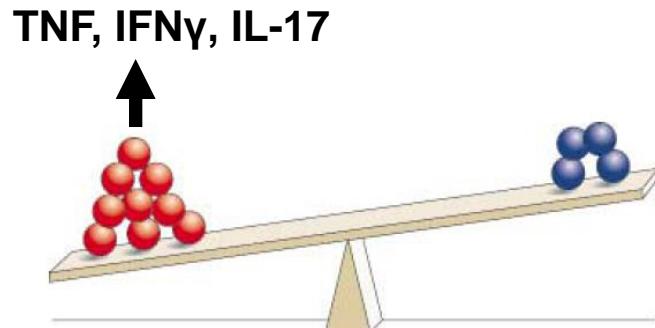
mucosal homeostasis

→ cytokine production by regulatory (T_{Reg}) T cells suppresses pro-inflammatory responses



mucosal inflammation

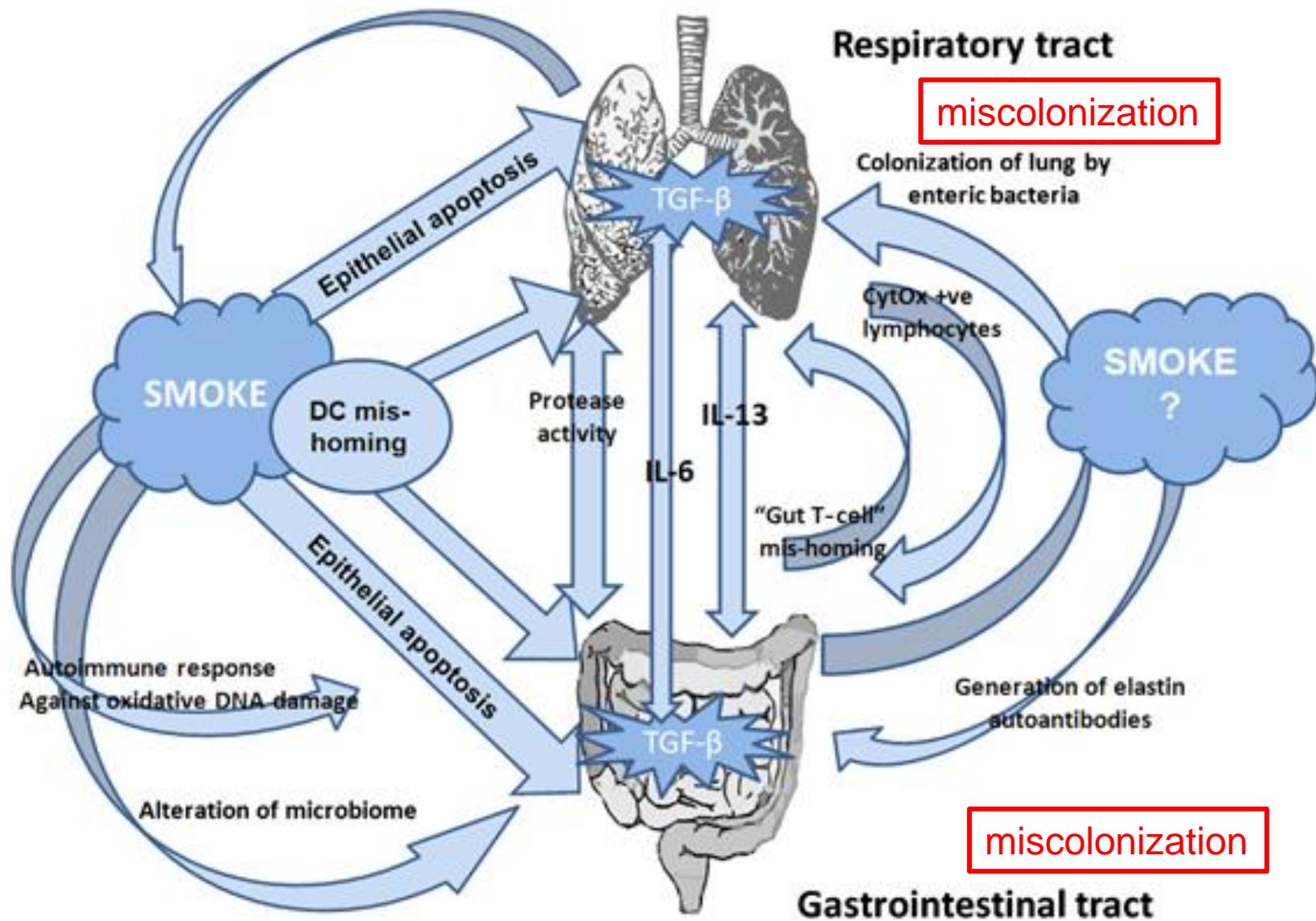
→ increased production of pro-inflammatory cytokines by T helper (T_H) cells

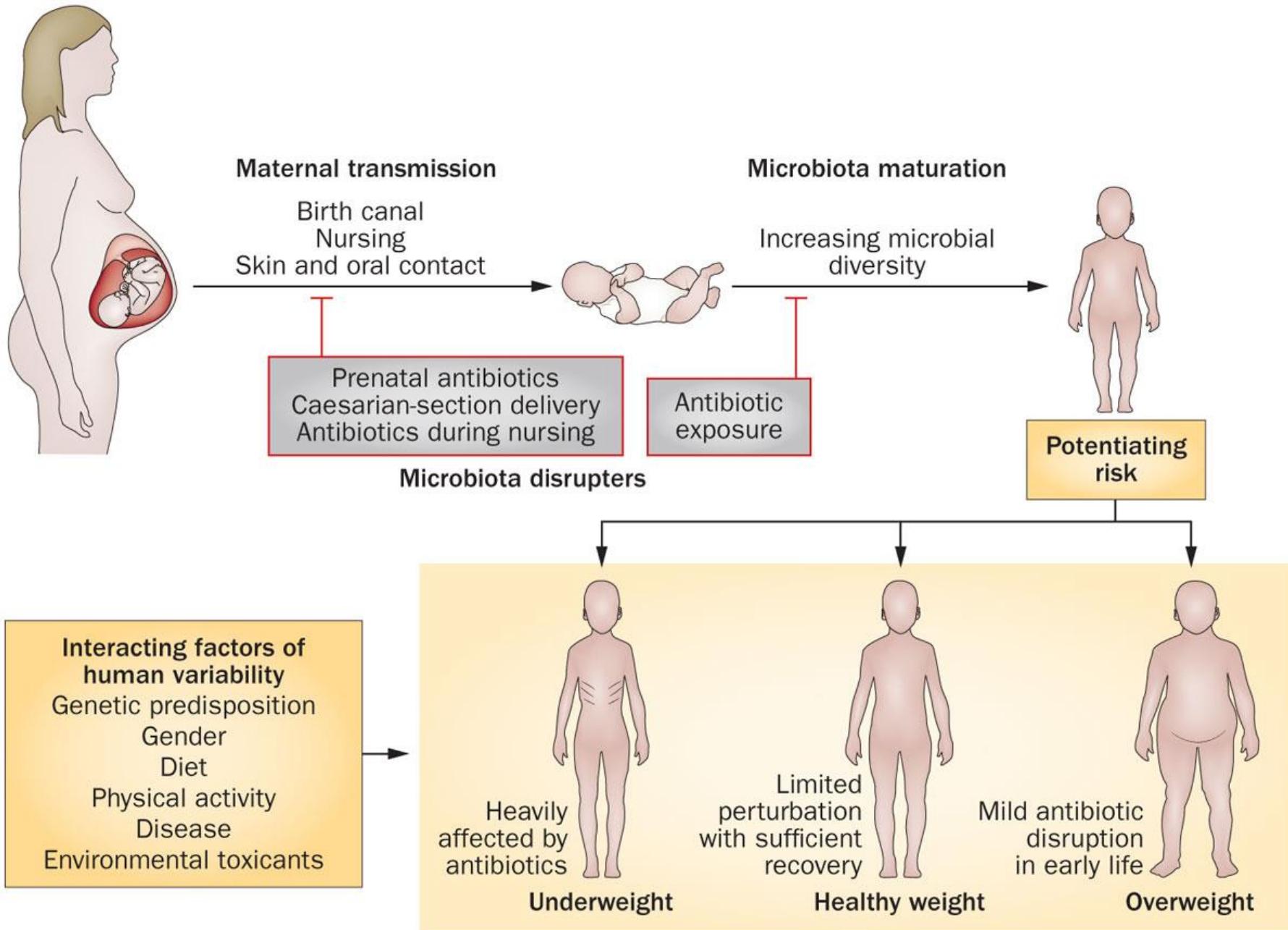


← T_{Reg} transfer can prevent the induction of experimental colitis

adapted from Bouma and Strober, Nat rev Immunol., 2003 and Vignali et al., Nat rev Immunol., 2008

Dohányzás és krónikus tüdőbetegségek



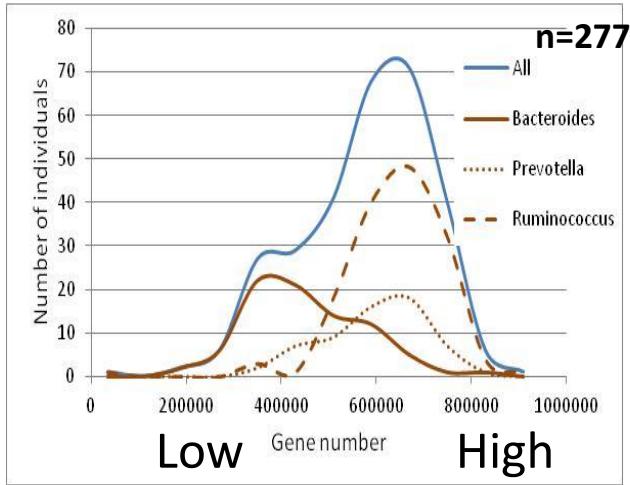


Mikrobiom kutatás egypetéjű ikekben

- kimutatható egy számottevő **közös “core” mikrobiota, de** az ikek között számottevő eltérések figyelhetők meg. **Ha az ikerpárok egyik tagja elhízott, esetében a mikrobiota diverzitása csökkent sovány ikertestvéréhez képest** (Turnbaugh és mtsai, 2011).
- A metabolikus állapot meghatározó szerepére utalnak (Ridaura és mtsai, 2013) közös ketrecben tartott egerekben végzett széklet-transzplantációs kísérletek is.
- Nemrég egypetéjű ikekben kimutatták (Goodrich és mtsai, 2014), hogy egy újonnan felfedezett, elsősorban az **alacsony BMI-vel jellemző sovány** személyekben kimutatható baktérium faj (***Christensenellaceae***), kolonizációja szignifikáns genetikai kötődést mutat. Ismert, hogy a mikrobiomban jellegzetes **baktérium társulások** fordulnak elő, egy ilyen genetikailag befolyásolt hálózat középpontjában áll a *Christensenellaceae* faj.
Az eredmény felveti annak lehetőségét, hogy a **genetikai meghatározottság nem egyformán érvényes a mikrobiom minden mikróbájára.**
Ugyanez a munkacsoport Tim Spector vezetésével az angliai ikerregisztert felhasználva 543 ikerpár DNS-éből SNP analízissel számos a mikrobiomra ható, immunválaszban kritikus jelentőségű sejtben expresszálódó gént (pl. **Treg-ENTPD1, ectonucleoside triphosphate diphosphohydrolase 1**) vizsgáltak. **Ezek a genetikai variánsok szignifikánsan asszociálódtak a ruminococcusok szintjével (baktériumok SCFA (rövidláncú zsírsavak) butirát termékei hatnak a Treg sejtekre)**
-- Érdekes és gondolatébresztő az az eredmény is, amely egy- és kétpetéjű ikekben a mikrobiom összetétel eltérő genetikai kapcsolódását mutatta ki.

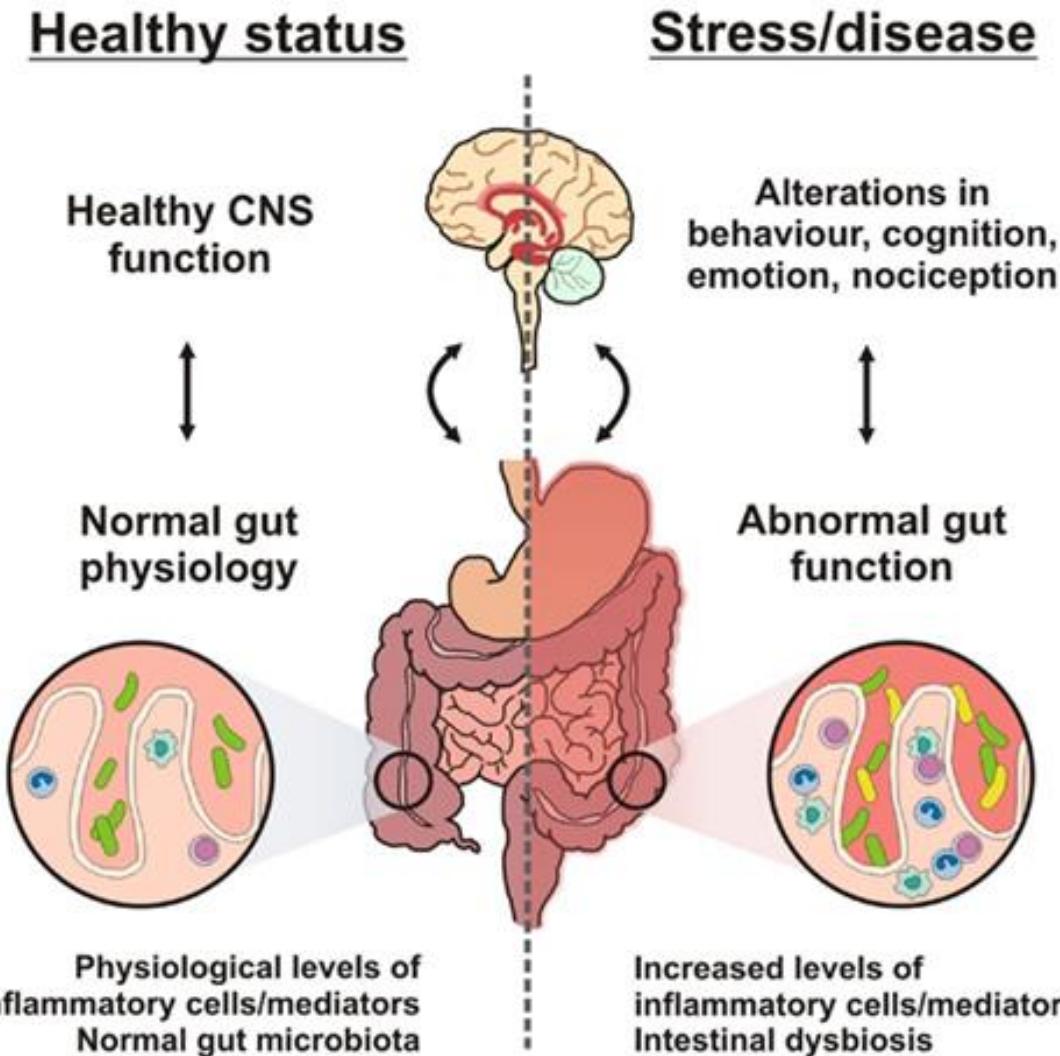
A súlyos obezitás hátterében dysbiosis?

Obese people differ by gut bacterial gene counts,
species and enterotypes



Ok vagy okozat?

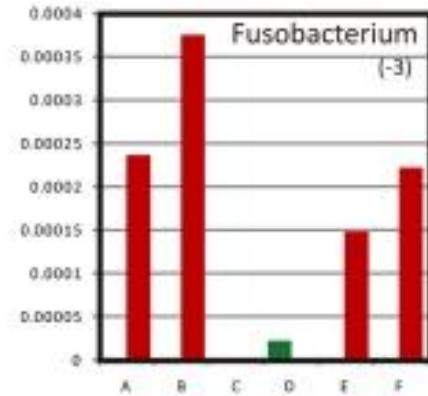
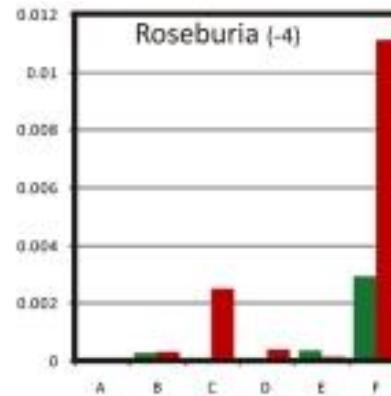
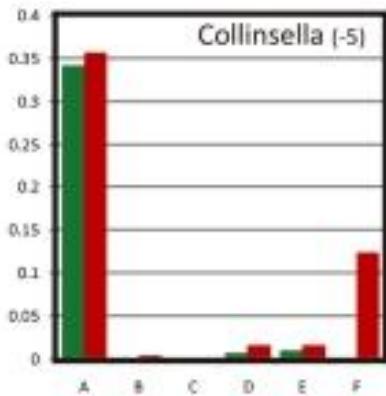
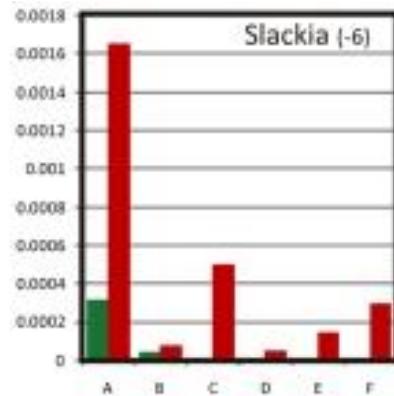
Központi idegréndszer és a mikrobiom



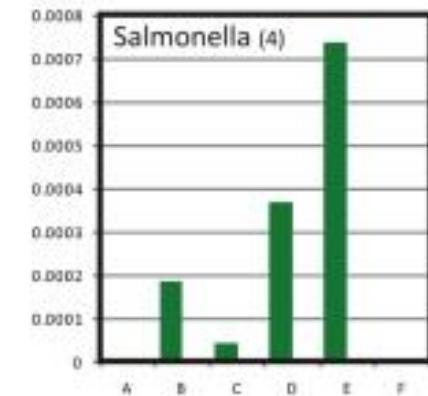
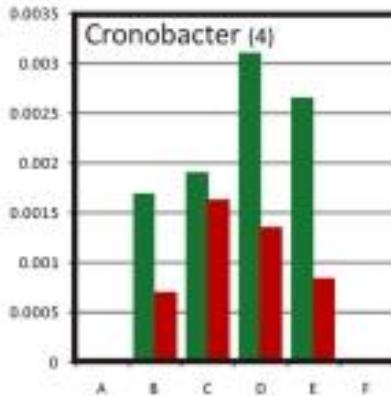
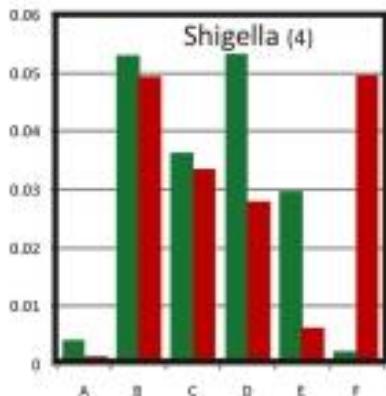
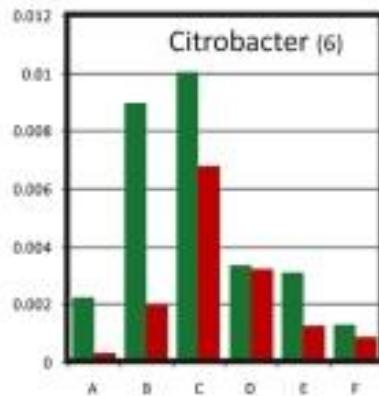
It has long been known that the colonization of gut flora is related to the stress response of the hosts, changing their states of anxiety and exploratory behavior.

Microbiom és a colorectalis carcinoma (CRC)

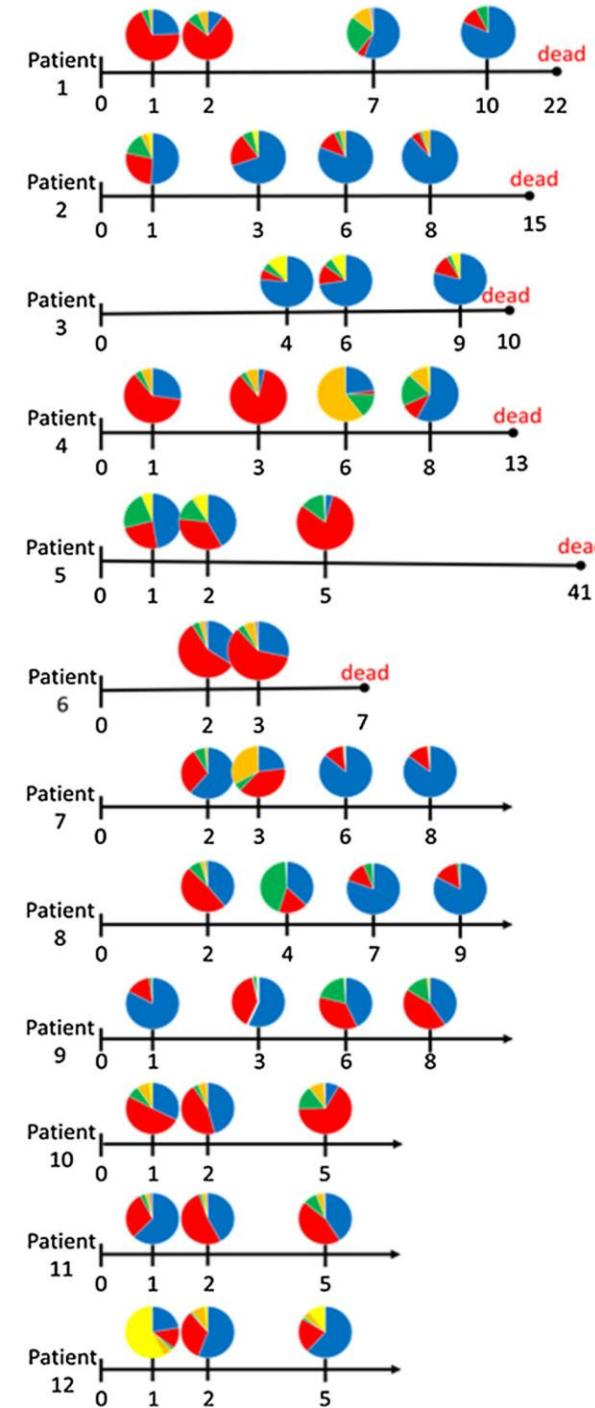
Fraction



Fraction

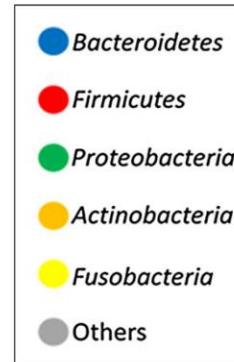


■ = off-tumor
■ = on-tumor



A bél flóra törzs szintű taxonomiai összetétel változása kritikus betegekben (metagenomikai analízis)

- A Bacteroidetes/Firmicutes (B/F) arány összefügg a kimenetellel
- A túlélők között egynél sem volt a B/F arány >10 vagy < 0.1 .
- Diverzitás csökken
- Pathogén törzsek szaporodnak

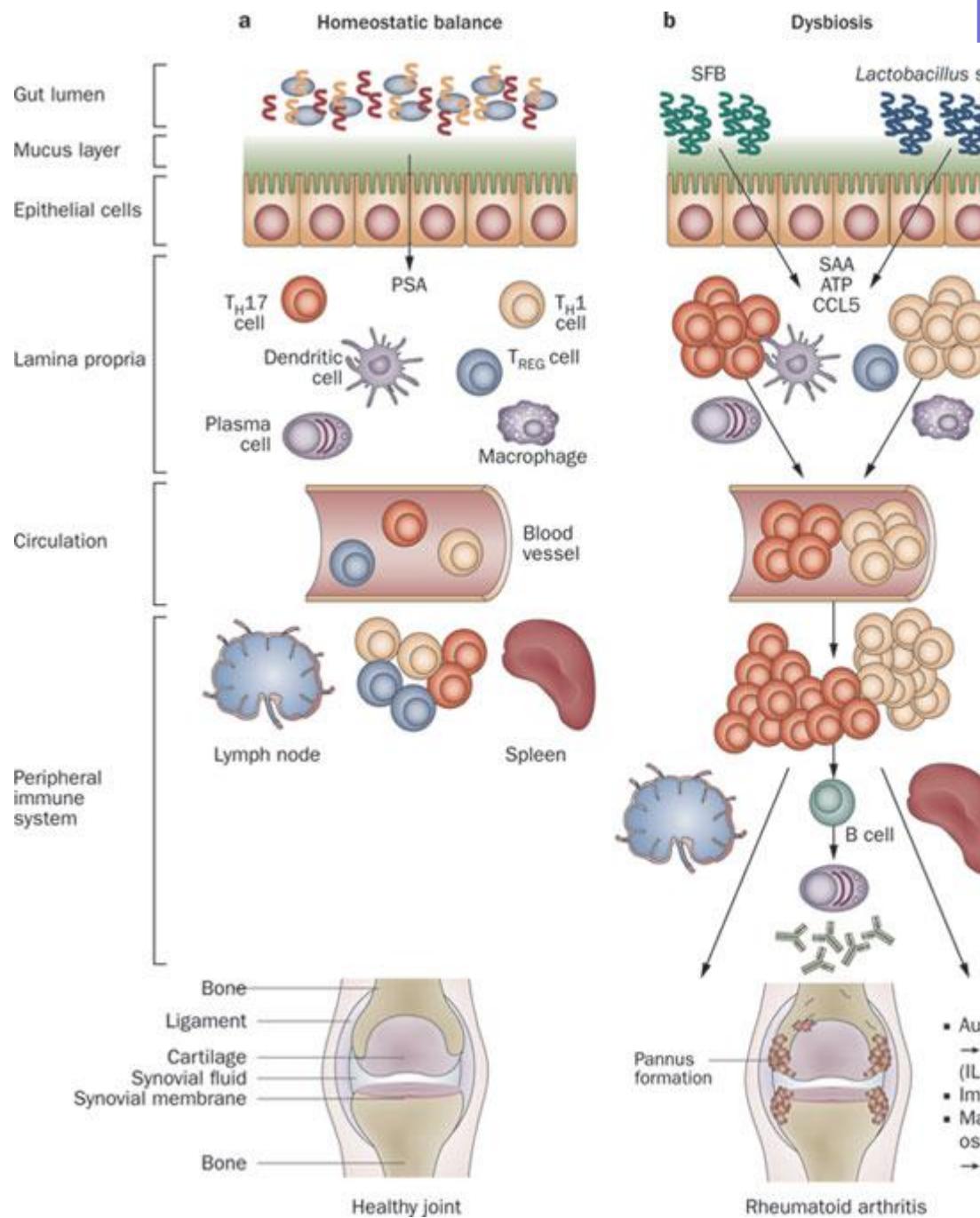


INSULIN FÜGGŐ (TYPE 1) DIABETES

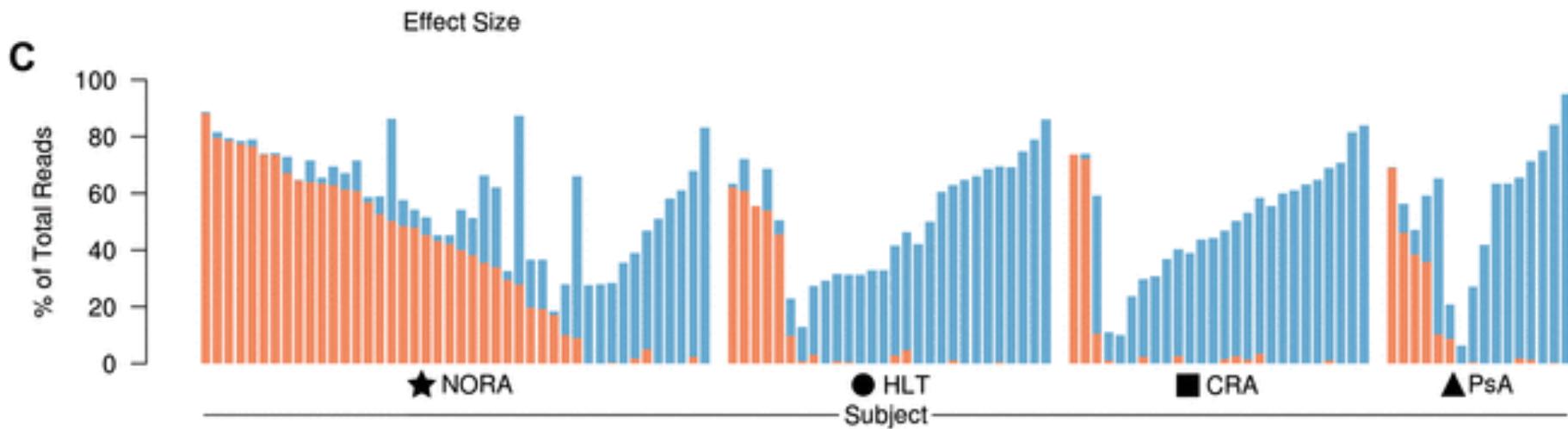
Non-obese diabetic (NOD) egér modell (type 1 diabetes,T1D)

- Commensalis baktériumok hímekben emelik az androgén hormon szintet,
- Hímekben védelem T1D ellen;
- Hímek bél mikrobiomja nőstényekben csökkenti a T1D-t
- Germ-free (steril) hímek mikrobiomja nem működik;
- Androgén receptor antagonistákkal a védelem felfüggeszthető

Rheumatoid arthritis



Prevotella dominancia a kezeletlen arthritis-ben



Prevotella

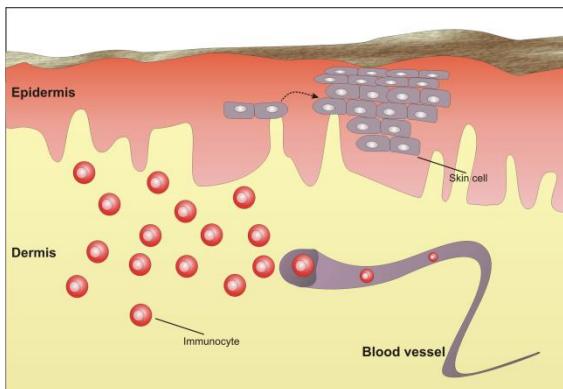
Bacteroides

Mikrobiom és allergia

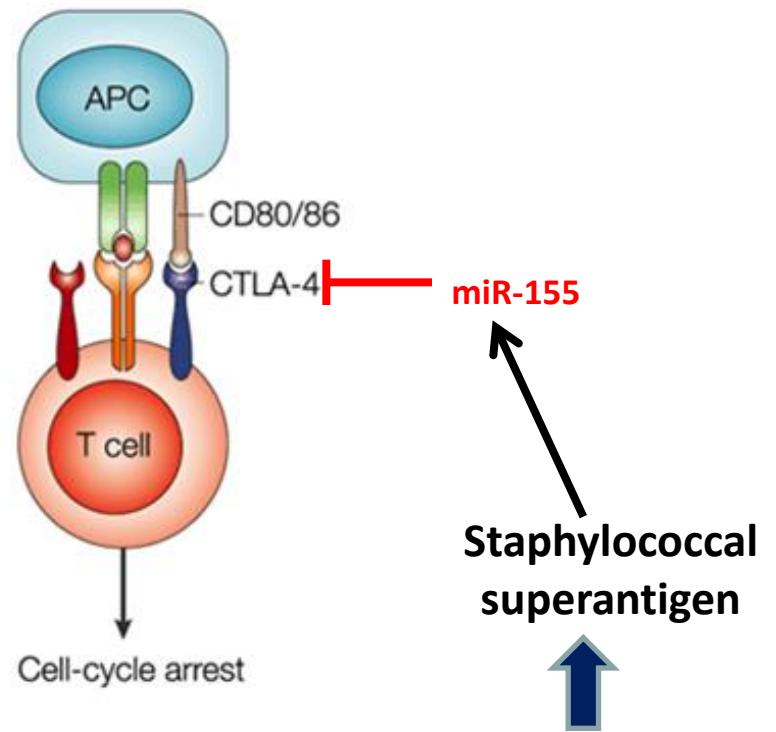
Periodic changes in gut microbiota in **allergic patients** during the pollen season
Probiotic bacterial culture was beneficial in preventing the symptoms



atopic dermatitis



Elevated T cell proliferation
by miRNA155 inhibiting
CTLA-4



DISTURBED MICROBIOME
BALANCE

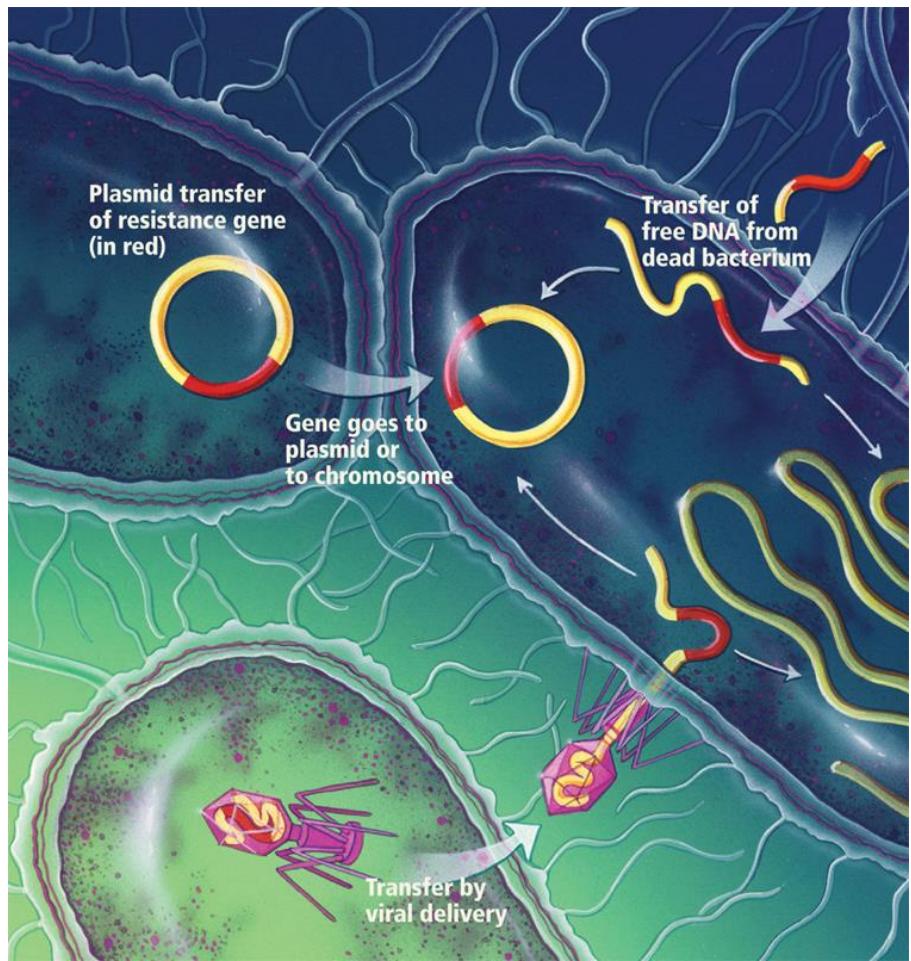
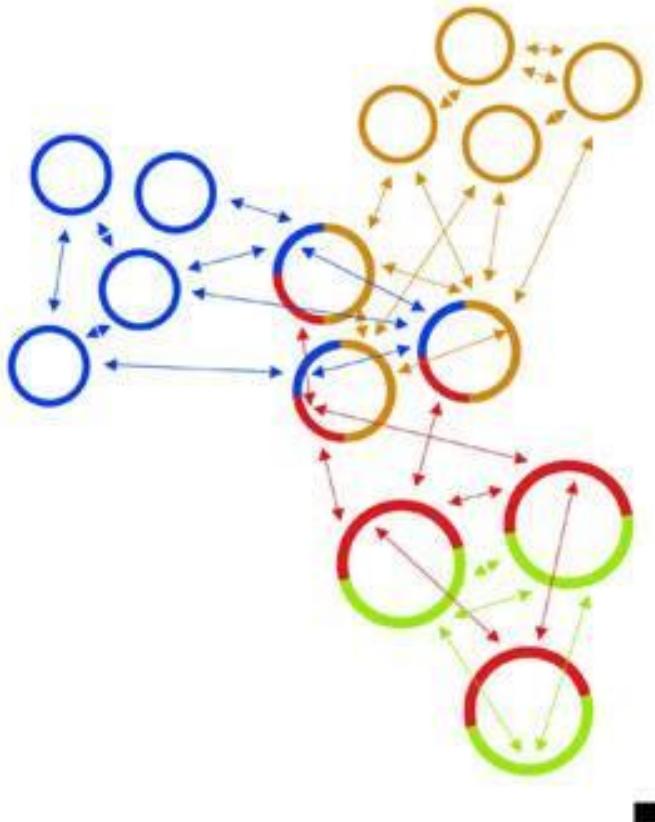
Communicating microbiomes

quorum sensing



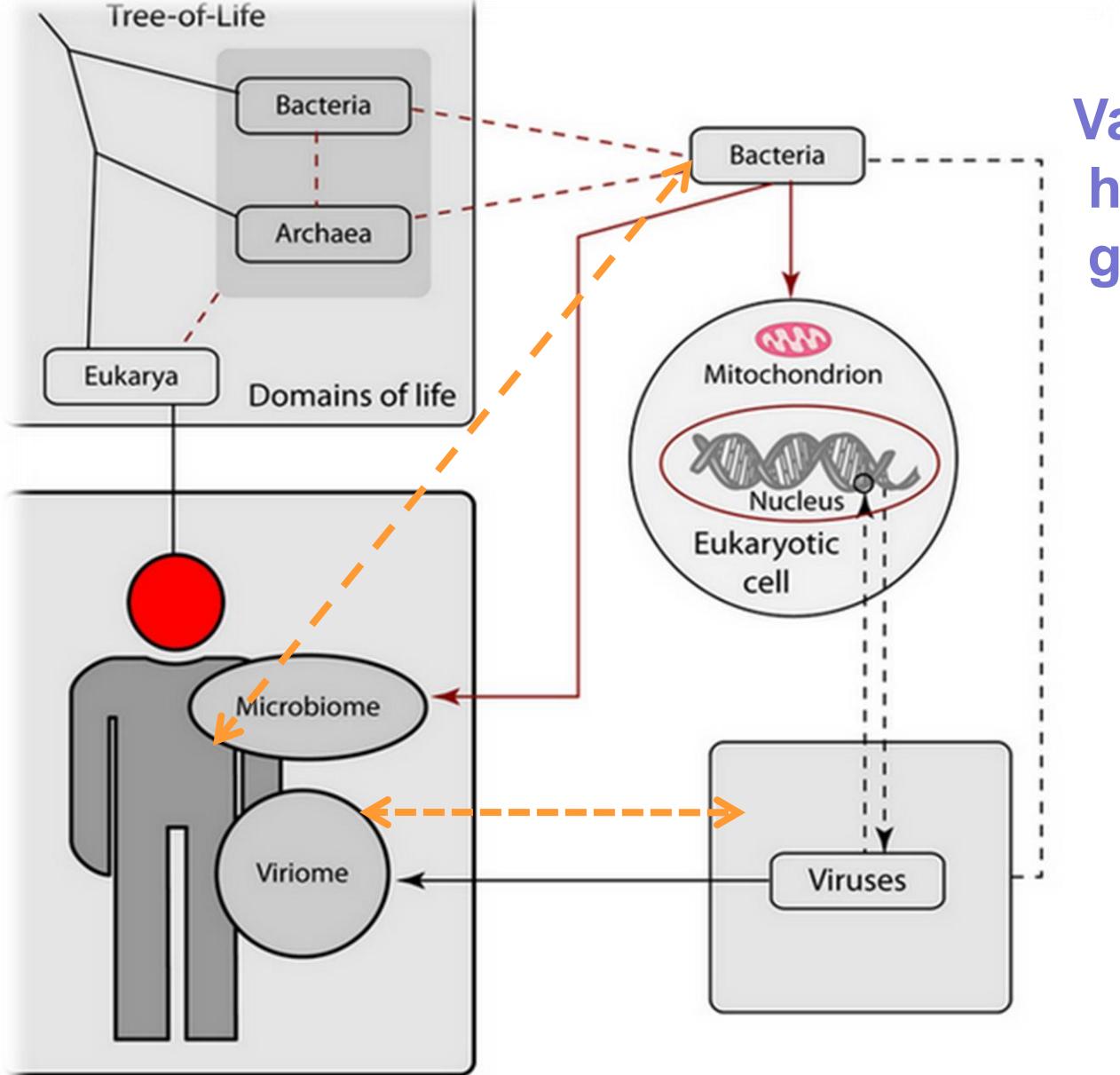
*

i.e. N butyryl-homoserine lacton, Br-furanone, N 3-oxo-dodecanoil-HL, etc. metabolites



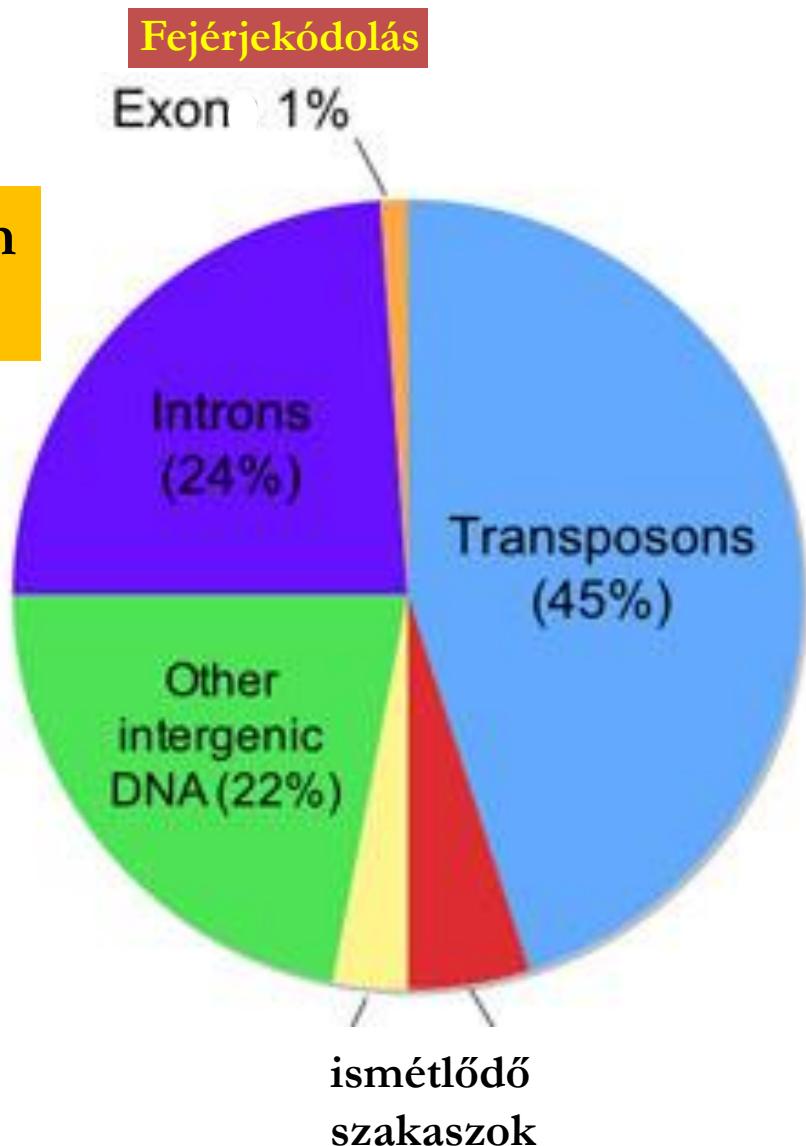
Horizontal gene transfer can produce organisms effectively belonging to several species at once. Each circle represents an individual genome with the arrows representing the transfer of genetic material. The all-blue, all-gold and red/green circles represent genomes from three different bacterial groups that might be designated species

Van-e közvetlen
horizontális
géntranszfer ?



----- Horizontal gene transfe
———— Phylogenetic
←———— Invasion/Symbiont

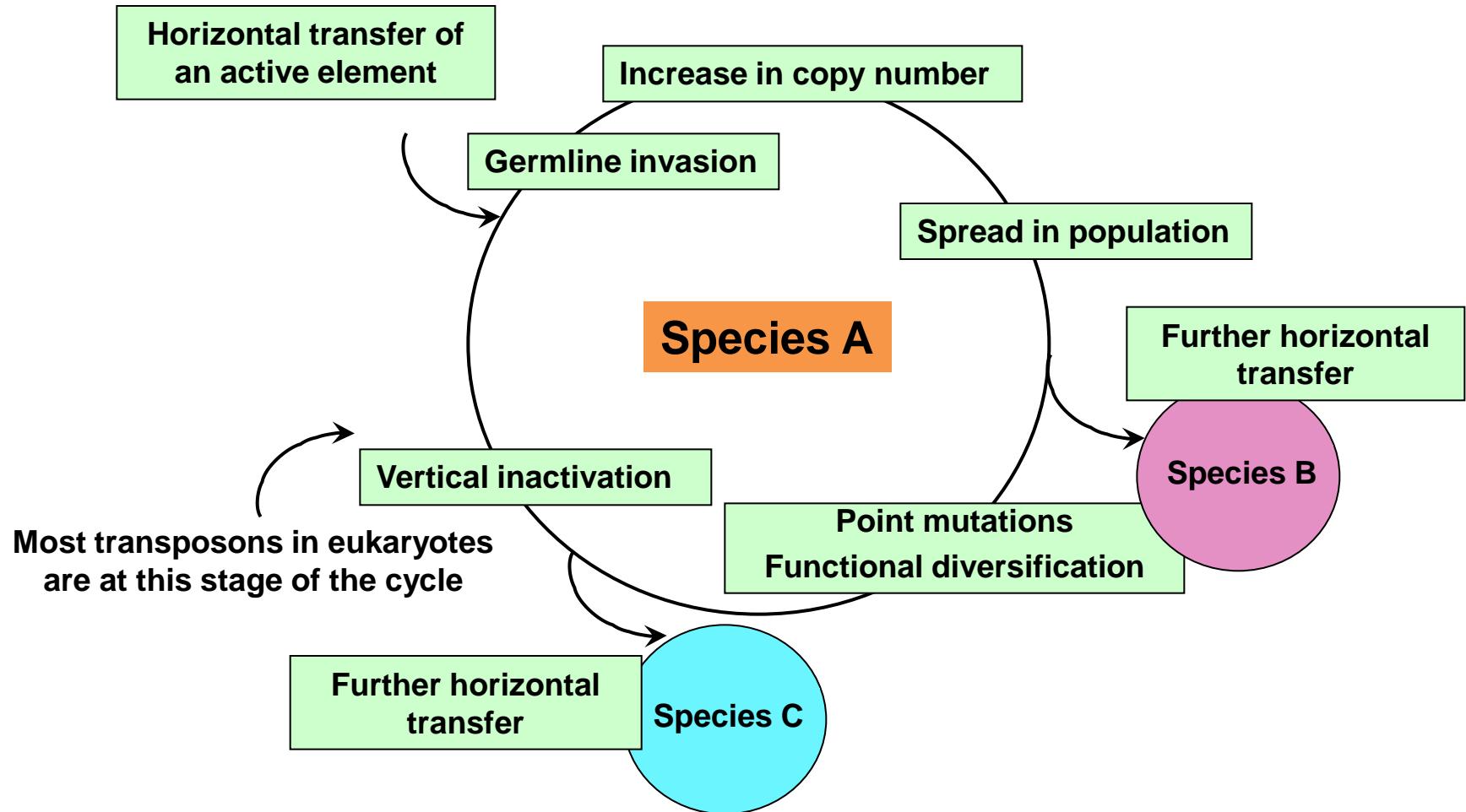
A (emberi) genom misztériuma



Az emberi genom
99%-a „szemét”?

Mobilis, „ugráló”
elemek?

The Life-Cycle of Transposons (evolúciós modell)



Izsvák Zsuzsa ábrája

Mikrobiom és a “globalizáció”

Clement és mtársai :"The microbiome of uncontacted Amerindians." Science Advances 1, no. 3 (2015): e1500183.

A venezuelai Yanomami bennszülött indián törzset vizsgáltak, akik a nyugati civilizációtól elzárva félnomád, vadászó-gyűjtögető életmódot folytatnak. A törzs az Amazonas-menti őserdő rezervátumában él, tagjai korábban semmilyen dokumentált gyógyszerkészítményt vagy szintetikus antibiotikum kezelést nem kaptak, így egyedüllálló módon képviselik a pre-antibiotikus korszakot.

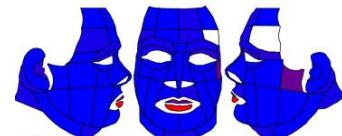
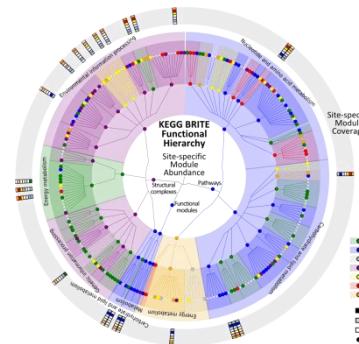
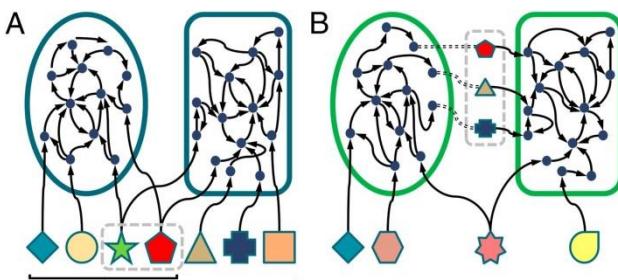
- sokszínűbbnek
- száj vízöblítése
- dohányrágás
- antibiotikum érzékenység -a vizsgált bennszülött populáció tagjai korábban nem érintkeztek semmilyen mesterséges antibiotikummal, baktériumflórájuk mégis 28 szintetikus vagy fél-szintetikus antibiotikum rezisztencia gén negyedik generációs cefalosporin ellen

A mikrobiom a korábbi antibiotikum-használattól függetlenül a humán flóra jellegzetessége.

A vizsgálat számos kérdést vet fel a globalizáció és a nyugati életvitel baktérium flórára gyakorolt hatásáról

TESTÜNK: ÖKOSZISZTÉMA

- A mikróbák nagy szám- és DNS-beli túlsúlyban vannak-
- „Ártatlan szemlélői” vagyunk a patogén és apatogén mikróbák kűzdelmének?
- Milyen szinten folyik a „párbeszéd”
- Ok? okozat?
- Horizontális géntranszfer a mikróbák és a sejtjeink között?
- Új „antibiotikum” –éra következik?





**“Ne érezd magad magányosnak, az egész univerzum
benned van.”**

Jalāl ad-Dīn Muhammad Rūmī