

"Nutriomic" - komplexe Analyse der Interaktion zwischen Ernährungsumwelt und biologische Individualität

Im Jahre 1986 schrieb Renato Dulbecco, amerikanischer Nobelpreisträger für Medizin, in der Zeitschrift *Science*¹: "... we must now concentrate on the cellular genome". Dieser programmatische Aufruf an die biomedizinische Forschung führte innerhalb von 11 Jahren (1990-2001) zur vollständigen Sequenzierung des humanen Genoms (HUGO) und damit zur Möglichkeit, alle menschlichen Gene zu identifizieren. Darüber hinaus ist es mit der Kartierung von *Single-Nucleotide Polymorphisms* (SNP) erstmals möglich, die biologische Individualität auf der Ebene einzelner Basen zu erfassen. Mit diesen Großprojekten wird die Biologie zunehmend zur *big science*². Während die klassische Biologie einzelne Gene, Transkripte, Proteine oder Metabolite analysierte, steht in der neuen Biologie die vollständige Analyse aller Gene, Transkripte, Proteine und Metabolite in einem Organismus, Gewebe oder Zelle im Fokus. Diese ehrgeizigen Vorhaben werden Genomics, Transkriptomics, Proteomics und Metabolomics genannt³. Die methodischen Voraussetzungen zur Realisierung derartiger Omics sind mit den neuen mikroanalytischen Verfahren wie z. B. DNA-Chips oder der sensitiven Massenspektrometrie in den letzten Jahren erarbeitet worden⁴. Demgegenüber steht die bioinformatische Auswertung der erzeugten gigantischen Datenmengen erst am Anfang, obwohl die *in-silico* Simulation einzelner Zellen bereits als neuer Forschungszweig etabliert wurde⁵.

Der skizzierte Paradigmenwechsel der Biowissenschaften beeinflusste in den letzten Jahren zahlreiche angewandte Disziplinen. In der Ernährungswissenschaft kann ebenfalls ein Paradigmenwechsel beobachtet werden. Der Autor bezeichnet diesen neuen Zweig der Ernährungswissenschaft als *Nutriomic*. Das Erkenntnisideal der *Nutriomic* ist die vollständige Analyse der Interaktionen zwischen Ernährungsumwelt und biologischer Individualität. Am Beispiel von SNP-Analysen kann aufgezeigt werden, dass biologische Individualität zumindest zum Teil auf der Ebene einzelner Gene für a) die Blutdruckhomöostase⁶, b) den Intermediärstoffwechsel⁷, c) den Fremdstoffwechsel⁸ und d) die Gewichtsregulation⁹ erklärt werden kann. Dadurch

könnten zukünftig individualisierte Ernährungsregimes abgeleitet werden. Am Beispiel des Diabetes Typ 2 soll außerdem aufgezeigt werden, dass auch in der Ernährungswissenschaft bioinformatische Algorithmen notwendig sind, um die Komplexität ernährungsabhängiger Pathomechanismen zu verstehen. Die Einführung und Entwicklung der Disziplin Nutriinformatik könnte somit ein limitierender Faktor für die erkenntnisstiftende und grundlagenorientierten Ernährungswissenschaft sein. Dies gilt auch für die Transkriptomanalyse, mit dessen Hilfe zurzeit die Zusammenhänge zwischen Alterung, Ernährung und Genexpression entschlüsselt werden¹⁰. Darüberhinaus wird Transkriptomics betrieben, um den Einfluss einzelner Nährstoffe auf die Genexpression zu studieren und daraus Biomarker zur Beurteilung des Ernährungsstatus von Individuen abzuleiten (eigene unveröffentlichte Arbeiten).

Literatur

1. Science **231**, 1055 (1986)
2. M. Eigen: Perspektiven der Wissenschaft (1998)
3. Nature: **402**, 23 (1999); **402**, 362 (1999); **402**, 413 (1999); **403**, 623 (2000)
4. Am J Clin Nutr **71**, 434 (2000)
5. Nature **409**, 391 (2001)
6. Science **280**, 1077 (1998); Nature Genetics **22**, 239 (1999)
7. Acta Paed **88**, 61 (1999)
8. Trends Pharm **20**, 342 (1999)
9. Am J Hum Genet **65**, 1501 (1999)
10. Science **285**, 1390 (1999)