



Wie unsere Emotionen beeinflussen, was wir essen

17.01.2024, Leibniz-Institut für Präventionsforschung und Epidemiologie - BIPS

Eine neue Untersuchung des Leibniz-Instituts für Präventionsforschung und Epidemiologie – BIPS hat ermittelt, wie emotionale Zustände die Ernährungsgewohnheiten von Kindern und Jugendlichen beeinflussen und welche Interventionen helfen, ungesunde Essgewohnheiten zu ändern. Die Forschungsarbeit konzentriert sich auf die Rolle von Stress und Impulsivität bei der Nahrungsauswahl, insbesondere im Zusammenhang mit süßen und fetthaltigen Lebensmitteln. Sie ist jetzt im Fachmagazin *International Journal of Behavioral Nutrition and Physical Activity* erschienen.

„Unsere Untersuchung zeigt, dass emotionale Zustände, insbesondere negativer Stress, einen erheblichen Einfluss auf die Ernährungswahl bei Jugendlichen haben“, erklärt Stefanie Do, Wissenschaftlerin am BIPS und Erstautorin der Publikation. „Diese Erkenntnis kann dabei helfen, wirksame Interventionen zu entwickeln, die darauf abzielen, ungesunde Ernährungsmuster zu ändern.“

Um den Zusammenhang zwischen Emotionen, Impulsivität und der Vorliebe für süße und fetthaltige Lebensmittel zu untersuchen, analysierte das Team um Do Daten der europäischen IDEFICS/I.Family Kohorte. Eine breit angelegte multizentrische Studie in acht europäischen Ländern (Belgien, Zypern, Estland, Deutschland, Ungarn, Italien, Spanien, Schweden), in der die Auswirkungen gesundheitsbezogener Verhaltensweisen auf Übergewicht und metabolische Störungen bei Kindern und Jugendlichen untersucht wurden. Die Erhebung begann 2007 mit 16.230 Kindern im Alter von zwei bis neun Jahren und wurde in weiteren Wellen bis 2021 fortgesetzt. In der aktuellen Studie hat das Team um Do hypothetisch alle Jugendlichen auf ein hohes Wohlbefinden bzw. eine niedrige Impulsivität gesetzt und mit den niedrigen bzw. hohen Werten verglichen, um so die Effekte auf die Neigung zu süßen und fetthaltigen Lebensmitteln zu schätzen.

„Der Verzehr von ungesunden Lebensmitteln wie süßen oder fetthaltigen Lebensmitteln, als Reaktion auf negative Emotionen, ist eine oft unregulierte Strategie unseres Körpers mit negativen Emotionen umzugehen, wie zum Beispiel Angst, Wut, Frust, Stress oder Trauer“, erklärt PD Dr. Antje Hebestreit, Leiterin der Fachgruppe Lebensstilbedingte Erkrankungen am BIPS. „Vergleicht man die Auswirkungen des Wohlbefindens und der Impulsivität auf die Neigung zu ungesunden Lebensmitteln, so deuten unsere Analysen darauf hin, dass Impulsivität einen stärkeren Effekt haben könnten. Dies unterstreicht die Bedeutung von Maßnahmen, die emotionsgesteuerte Impulsivität senken. Konkret helfen könnte da zum Beispiel Sport.“

Jugendliche, die unter chronischem Stress leiden, neigen zu impulsivem Verhalten und sind daher sehr anfällig für die zunehmende Verfügbarkeit und Werbung für ungesunde Lebensmittel wie Süßigkeiten oder Chips. Die Ergebnisse der Studie sind besonders relevant angesichts der starken Präsenz und Vermarktung ungesunder Lebensmittel in Europa. Das Heranwachsen ist eine Zeit, in der Jugendliche Strategien erlernen, mit Stress besser umzugehen. Daher eignet sich diese Altersgruppe besonders für entsprechende Präventionsmaßnahmen. Erlernt ein Mensch in dieser Phase ungesunde Verhaltensweisen, bleiben sie meist ein Leben lang. Weiterer Forschung zu wirksamen Interventionen ist daher sehr wichtig, so das Team in seinem Paper.

Hinweis: Dieser Artikel wurde von der Dr. Rainer Wild-Stiftung gekürzt und enthält unveränderte Auszüge aus dem Originalbeitrag. Der Originalbeitrag/Quelle ist zu finden unter <https://idw-online.de/de/news827035>.



Wie Stresshormone Fettleibigkeit beeinflussen können

16.01.2024, Justus-Liebig-Universität Gießen

Die Volkskrankheit Adipositas birgt schwerwiegende gesundheitliche Risiken wie Diabetes, Herz-Kreislauf-Erkrankungen oder Krebs. Nicht immer ist das jeweilige Essverhalten die Ursache – auch ein Überschuss am Stresshormon Kortisol kann Adipositas begünstigen. Die Betroffenen leiden dann am sogenannten „Cushing Syndrom“, das sich neben einem stark erhöhten Körpergewicht auch durch ein extrem rundes Gesicht und einen Stiernacken äußert. Bislang war die genaue Diagnostik dieses Syndroms aufwendig und langwierig. Wissenschaftlerinnen und Wissenschaftler der Universitäten Gießen und München haben nun eine Methode entwickelt, mit dem das Cushing-Syndrom schnell und sicher diagnostiziert werden kann. Die Ergebnisse dieser Studie sind in der Lancet-Fachzeitschrift „EBio-Medicine“ veröffentlicht worden.

Um die hormonellen Ursachen der Erkrankung zu ermitteln, untersuchten die Forschenden den Urin von betroffenen Patientinnen und Patienten im Steroidforschungslabor der Justus-Liebig-Universität Gießen (JLU). Dazu wendeten sie die Analysetechnik Gaschromatographie-Massenspektrometrie an. Die erforderlichen Proben wurden von Prof. Dr. Martin Reincke, Direktor der Medizinischen Klinik und Poliklinik IV des LMU Klinikums München, zur Verfügung gestellt. Er gründete und leitet das Deutsche Cushing-Register, die weltweit umfangreichste Datensammlung zu dieser Erkrankung. Die Ergebnisse der Harnuntersuchung wurden anschließend am Institut für Medizinische Informatik der JLU unter Leitung von Dr. Jörn Pons-Kühnemann ausgewertet.

„Die neue Methode zur Abklärung des Cushing-Syndroms ist das Ergebnis einer überaus erfolgreichen Zusammenarbeit – und vor allem ein großer medizinischer Fortschritt“, erläutert Prof. Dr. Stefan Wudy, Leiter des Gießener Forschungslabors, das zu den weltweit führenden Institutionen auf dem Gebiet zählt.

„Diese Harnsteroidanalyse ist für die Patientinnen und Patienten nicht belastend und das Ergebnis liegt deutlich schneller vor als bei herkömmlichen Tests.“ Bislang seien dafür mehrere Blutentnahmen, teilweise auch ein stationärer Krankenhausaufenthalt mit komplizierten Eingriffen nötig gewesen. Außerdem hätten die Betroffenen monatelang auf eine effektive Therapie warten müssen.

Mithilfe der neu entwickelten Hormonanalyse konnten die Forschenden aber nicht nur schnelle, sondern auch umfangreiche Informationen über die genauen Ursachen des Cushing-Syndroms im Körper erhalten. „So wiesen Betroffene mit Tumoren der Hirnanhangdrüse deutlich andere Verteilungsmuster der Steroidhormone auf als solche, die Tumoren oder Vergrößerungen der Nebennieren hatten“, erläutert die Erstautorin der Studie, PD Dr. Leah Braun, Assistenzärztin an der Medizinischen Klinik und Poliklinik IV des LMU Klinikums.

Um die Ergebnisse der Studie langfristig auch in der medizinischen Praxis zu verankern, soll die erfolgreiche Kooperation zwischen Gießen und München in Folgeprojekten fortgesetzt werden.

Hinweis: Dieser Artikel wurde von der Dr. Rainer Wild-Stiftung gekürzt und enthält unveränderte Auszüge aus dem Originalbeitrag. Der Originalbeitrag/Quelle ist zu finden unter <https://idw-online.de/de/news826967>.

Was macht unser Mikrobiom menschlich und gesund?

15.01.2024, Christian-Albrechts-Universität zu Kiel

Eine wichtige Frage in der modernen lebenswissenschaftlichen und medizinischen Forschung ist, wie die in und auf einem Körper lebenden Mikroorganismen die Lebensprozesse und damit Gesundheit und Krankheit des Wirtsbewesens beeinflussen.



Wissenschaftlerinnen und Wissenschaftler des Kieler Sonderforschungsbereichs (SFB) 1182 „Entstehen und Funktionieren von Metaorganismen“ haben nun Mikrobiomdaten von verschiedenen Menschenaffen mit jenen von Menschen mit ländlichen und urbanen Lebensweisen in der bislang größten Studie dieser Art verglichen, um bestimmte Muster von Gemeinsamkeiten und Unterschieden in der Mikrobenbesiedlung der verschiedenen Wirte herauszuarbeiten. Damit hoffen sie, neue Erkenntnisse über den Einfluss der evolutionären Entwicklung, der Umwelt und des Lebensstils auf die Zusammensetzung des Mikrobioms zu gewinnen und mögliche Auswirkungen zu identifizieren. In ihrer neuen Arbeit konnten sie vor allem bestätigen, dass die mikrobielle Besiedlung eines Lebewesens sehr wirtsspezifisch ist, die Evolution von Mikroorganismen und ihren Wirten gemeinsam und parallel abläuft und dass die Artenvielfalt des menschlichen Mikrobioms im Vergleich mit Menschenaffen reduziert ist. Ihre Ergebnisse veröffentlichten sie kürzlich gemeinsam mit Forschenden verschiedener Partnerinstitutionen, unter anderem dem Greifswalder Helmholtz Institut für One Health, einem Standort des Helmholtz-Zentrums für Infektionsforschung, in der renommierten Fachzeitschrift *Nature Communications*.

Das Forschungsteam des SFB 1182 führte eine sogenannte Metagenomstudie anhand von rund 200 Stuhlproben durch, die von wildlebenden afrikanischen Menschenaffen, unter anderem Schimpansen und Gorillas, und von menschlichen Probanden aus der Demokratischen Republik Kongo und der Elfenbeinküste sowie aus Dänemark und Deutschland stammen. Die afrikanischen Probandinnen und Probanden leben in ländlichen Umgebungen am Rande von Nationalparks, in denen die Tiere beprobt wurden, während die europäischen Teilnehmenden aus städtischen Umgebungen stammen. Die so gewonnenen Genome von Mikroorganismen stellen das bisher größte Datenset dieser Art dar. Auf diese Weise konnten die Wissenschaftlerinnen und Wissenschaftler Vielfalt und Zusammensetzung der in den jeweiligen Mikrobiomen enthaltenen mikrobiellen Arten bestimmen und sie hinsichtlich ihrer Entwicklung und der Auswirkung von Umwelteinflüssen vergleichen.

„Dabei hat uns insbesondere der evolutionäre Blickwinkel interessiert, also wie sich Mikrobiome von einem gemeinsamen Ahnen hin zu den heutigen Affenarten und menschlichen Populationen über lange Zeiträume entwickelt haben“, sagt Dr. Malte Rühlemann, Erstautor der Studie und wissenschaftlicher Mitarbeiter in der Arbeitsgruppe von Professor Andre Franke am Institut für Klinische Molekularbiologie (IKMB).

Ein erstes Ergebnis dieser Vergleichsstudie war, dass sie erneut die hohe Wirtsspezifität des Mikrobioms bestätigen konnte – also, dass die Mikrobenbesiedlung des Darms in jedem Wirtsorganismus sehr charakteristisch zusammengesetzt ist. „Wir konnten anhand der unterschiedlichen Bakterienarten und ihren Mengenverhältnissen ganz klar unterscheiden, ob es sich beispielsweise um das Mikrobiom eines Schimpansen, Gorillas oder eines Menschen handelt“, betont Ko-Autor Dr. Jan Gogarten vom Helmholtz Institut für One Health. Diese charakteristischen Mikrobiome sind deutlich anhand der Ab- oder Anwesenheit bestimmter charakteristischer Arten voneinander zu unterscheiden und deren Zusammensetzung folgt in ihrer Ähnlichkeit der evolutionären Entwicklung ihrer Wirte. Eine solche gemeinsame Evolution von Wirt und Symbionten bezeichnen Forschende als Phylosymbiose. „Dafür beinhalten unsere Daten deutliche Zeichen. Wir haben bei allen untersuchten Menschenaffen Signale festgestellt, die auf konservierte evolutionäre Beziehungen zwischen mikrobiellen Gemeinschaften und ihren Wirtsarten hinweisen. Dies untermauert die Bedeutung der Phylosymbiose als Ergebnis einer engen Interaktion zwischen Wirt und Mikrobiom über evolutionäre Zeiträume“, sagt Dr. Gogarten.

Der Vergleich von Mikrobiomzusammensetzungen und -veränderungen bei verschiedenen Wirten wirft zudem die Frage auf, wie sich deren Unterschiede funktionell auswirken und welche Rolle dabei bestimmten einzelnen mikrobiellen Arten oder Gruppen zukommt.

Insbesondere konnte in der Studie gezeigt werden, dass einige evolutionär konservierte Mikroorganismen bei Menschen mit städtischen Lebensweisen sukzessive verloren gehen.



Als ein prägnantes Beispiel hat das Kieler Forschungsteam dazu die Gruppe der Prevotella-Bakterien untersucht: „Diese sind in den europäischen Mikrobiomen sehr wenig zu finden, treten aber in den Proben aus der demokratischen Republik Kongo und Elfenbeinküste häufiger und ganz massiv bei den tierischen Wirten auf. Wir vermuten daher, dass diese Gruppe von Bakterien aus evolutionärer Sicht seit Millionen von Jahren ein integraler Bestandteil des hominiden Mikrobioms ist, jedoch im Zusammenhang mit einem urbanen Lebensstil deutlich reduziert im Darm von Menschen vorkommt“, erklärt Dr. Corinna Bang, Ko-Autorin und Leiterin des Mikrobiom-Labors am IKMB.

Um herauszufinden, was diese Veränderung auf funktioneller Ebene bedeuten könnten, haben die Forschenden untersucht, wie sich die im menschlichen Mikrobiom zu findenden Prevotella-Bakterien in genetischer Hinsicht von ihren Artgenossen im Darm von Schimpansen unterscheiden. Dabei stellten sie fest, dass innerhalb dieser Bakteriengattung ein bestimmtes Gen bei 90 Prozent der mit Menschen assoziierten Bakterien vorkommt, aber bei keiner der Spezies, die sich in Affen finden. „Bislang wurde dieses Gen bei Prevotella nicht im Detail erforscht. Experimente mit dem Modell-Bakterium Escherichia coli zeigen aber, dass es den Mikroorganismen ermöglicht, sehr empfindlich auf Sauerstoff reagieren zu können und den Bakterien möglicherweise dabei hilft, unter nicht vollständig sauerstofffreien Bedingungen zu überleben, wie sie im menschlichen Darm vorübergehend vorkommen“, so Bang. Ein Erklärungsansatz dafür ist, dass es sich hier um eine funktionelle Anpassung der Bakterien an das Leben spezifisch im menschlichen Darm handeln könnte. Ein längerfristiges Vorhandensein von Sauerstoff im Darm ist jedoch häufig mit Entzündungsprozessen verbunden, besonders bei CED liegt ein massiver Anstieg des intestinalen Sauerstoffgehalts vor.

Während Ursache und Wirkung hier noch nicht ausreichend geklärt sind, besteht in dieser genetischen Anpassung sowie letztlich dem Verschwinden von Prevotella-Bakterien möglicherweise eine Verbindung zu Krankheitsrisiken, die die Forschenden künftig genauer untersuchen wollen.

Hinweis: Dieser Artikel wurde von der Dr. Rainer Wild-Stiftung gekürzt und enthält unveränderte Auszüge aus dem Originalbeitrag. Der Originalbeitrag/Quelle ist zu finden unter <https://idw-online.de/de/news826917>.

Projekt RegioVers: Öffentliche Gemeinschaftsverpflegung als Zugpferd für regionale Verwertung biologischer Lebensmittel

10.01.2024, inter 3 Institut für Ressourcenmanagement

RegioVers steht für die „Regionalisierung von Bio-Wertschöpfungsketten durch Diversifizierung von Bezugsquellen für die öffentliche Gemeinschaftsverpflegung (öGV)“. Darin enthalten ist der Ansatz, kleine wie größere Lebensmittelproduzent:innen aus der Region, deren Mengen ggf. für Kantinen und Caterer nicht ausreichen, durch regionale Lösungen für die Bündelung, Weiterverarbeitung und den Vertrieb von landwirtschaftlichen Erzeugnissen in die Wertschöpfungskette einzubinden. Beteiligt an dem Projekt sind die Forschungspartner inter 3, diversu e.V. und die Hochschule Neubrandenburg.

Axel Dierich, Projektkoordinator von inter 3 – Institut für Ressourcenmanagement, verdeutlicht die Ziele des Projekts: „Über allem steht die Idee, mehrere, auch kleinere Bezugsquellen für die öffentliche Gemeinschaftsverpflegung zu erschließen. Damit wollen wir verlässliche regionale Absatzmöglichkeiten für Biobetriebe fördern, mit entsprechend gesteigerter Wertschöpfung und verkürzten Transportwegen. Dies soll letztlich auch einen Anreiz für die Umstellung auf den ökologischen Landbau bieten.“

Zunächst werden bestehende regionale Wertschöpfungsnetzwerke im Bereich der öffentlichen Gemeinschaftsverpflegung ausgewertet: In Workshops mit Wissensträger:innen werden Faktoren für Erfolg oder Misserfolg der regionalen Wertschöpfung erhoben und auf ihre Übertragbarkeit geprüft.



„In einem zweiten Schritt sollen räumlich Daten zu Produktionskapazitäten, Verarbeitungsstrukturen und Vertriebswegen erhoben werden, und zwar speziell in Mecklenburg-Vorpommern“, wie Dr. Christine Katz von diversu - Institut für Diversity und Nachhaltigkeit ausführt. „Mit einer solchen Datenbank lässt sich das Potenzial von regionalen Wertschöpfungsketten im Bereich der öffentlichen Gemeinschaftsverpflegung genauer bestimmen.“

Das identifizierte Potenzial wird anschließend aus ökonomischer Sicht evaluiert: „Mit einem Target-Pricing-Modell“, so die Erläuterung durch Prof. Dr. Michael Harth von der Hochschule Neubrandenburg, „werden bezogen auf die Preisgestaltung genauere Kenntnisse über die Veränderungsbereitschaft sowohl der Angebots- als auch der Nachfrageseite eruiert.“

Vor diesem Hintergrund werden schließlich gemeinsam mit den Praxispartnern erfolgversprechende Strategien entwickelt und in zwei ausgewählten Untersuchungsräumen regionale Bio-Wertschöpfungsketten und -netzwerke initiiert.

Das Projekt zeichnet sich durch eine enge Kooperation von Wissenschaft, Unternehmen aus Nahrungsmittelproduktion und -logistik und Verbänden aus: Sowohl in der Analysephase, als auch für die Konzeption und Erprobung des RegioVers-Modells arbeiten die Partner:innen eng mit erfahrenen Praxisakteuren wie der Biovertrieb Watzkendorf GmbH zusammen. Im Sinne einer engen Einbindung weiterer Lebensmittelproduzent:innen sowie Dienstleister:innen der Gemeinschaftsverpflegung baut RegioVers zudem auf Kooperationen mit dem Landesverband der Regionalbewegung Mecklenburg-Vorpommern e.V., mit der DGE Vernetzungsstelle Schulverpflegung in M-V sowie mit dem Biopark e.V.

Weitere an bio-regionalen Vernetzungsstrukturen interessierte Akteure aus M-V sind herzlich eingeladen, sich an das RegioVers-Team zu wenden.

Finanziert wird RegioVers aus Mitteln des Bundesministeriums für Ernährung und Landwirtschaft (BMEL) aufgrund eines Beschlusses des Deutschen Bundestages.

Projektträger ist die Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung (BLE) im Rahmen des Bundesprogramm Ökologischer Landbau.

Hinweis: Dieser Artikel wurde von der Dr. Rainer Wild-Stiftung gekürzt und enthält unveränderte Auszüge aus dem Originalbeitrag. Der Originalbeitrag/Quelle ist zu finden unter <https://idw-online.de/de/news826735>.

Hauptregulator für den Ofen im Körper entdeckt: Protein identifiziert, das die Bildung von gutem braunem Fett steigert

09.01.2024, Universitätsklinikum Bonn

Adipositas, also die krankhafte Zunahme von weißem Fett, ist weltweit ein großes Problem, das ein stark erhöhtes Risiko für kardiovaskuläre Erkrankungen wie Herzinfarkt und Schlaganfall birgt. „Sport und Diäten reichen nicht aus, um die Pfunde effektiv und dauerhaft purzeln zu lassen“, sagt Korrespondenzautor Prof. Alexander Pfeifer, Direktor des Instituts für Pharmakologie und Toxikologie am Universitätsklinikums Bonn und Mitglied in den Transdisziplinären Forschungsbereichen (TRA) „Life & Health“ und „Nachhaltige Zukunft“ der Universität Bonn. „Unser energiereiches Essen führt dazu, dass Energie in dem weißen Fett gespeichert wird. Aber Abnehmen funktioniert nicht so einfach, da der Körper als Reaktion auf Diäten Energie spart. Also ist unser Ziel eine zusätzliche Energieabgabe zu erreichen.“

Braune Fettzellen dagegen fungieren als biologischer Ofen und sorgen beispielsweise dafür, dass Neugeborene nicht auskühlen. Erwachsene haben aber kaum noch braune Fettzellen, meist nur die jungen und schlanken Menschen.

„Daher stellten wir uns die Frage, wie sich die braune Fettmasse erhöhen lässt, bei gleichzeitig weniger schlechtem weißem Fett“, sagt die Bonner Postdoktorandin und Erstautorin Dr. Laia Reverte-Salisa.



Das Bonner Team untersuchte zusammen mit Forschenden des Universitätsklinikums Hamburg-Eppendorf, von Helmholtz Munich und der Universität Toulouse-Paul Sabatier den cAMP-Signalweg im Fettstoffwechsel. Sie fanden im Mausmodell heraus, dass das relativ unbekanntes Protein „Exchange Proteins directly activated by cAMP“ (EPAC1), an das der Botenstoff cAMP gebunden wird, für das Wachstum von braunem Fett verantwortlich ist. Darüber hinaus entstehen durch EPAC1 sogar verstärkt braune Fettzellen im weißen Fett, diese werden auch als „beige“ Zellen bezeichnet. Das Team um Prof. Pfeifer zeigte zudem, dass der Signalweg auch in menschliche Fettzellen aktiv ist. Außerdem konnte in der Studie sogar an menschlichen Organoiden – organähnliche Mikrostrukturen, die als humanes braunes Fettmodell dienen – die Funktion von EPAC1 bestätigt werden. Ferner fanden die Bonner Forschenden heraus, dass das Vorhandensein funktionsloser EPAC1-Genvarianten mit einem erhöhten Body Mass Index (BMI) einhergeht. „Unsere Studie zeigt, dass EPAC1 ein attraktives Ziel ist, um die braune Fettmasse und somit auch den Energieverbrauch zu steigern“, sagt Prof. Pfeifer. Mit Blick auf die weltweite Zunahme von Adipositas erhofft er sich Ansätze zu finden, Betroffene beim Abnehmen pharmakologisch zu helfen und gleichzeitig Stoffwechselerkrankungen zu bekämpfen. Ein besseres Verständnis über die verschiedenen Arten von Fettgeweben und deren Rolle bei Stoffwechselerkrankungen verfolgt der DFG-Sonderforschungsbereich Transregio-SFB 333 „Braunes und beiges Fett – Organinteraktionen, Signalwege und Energiehaushalt (BATenergy)“, in dessen Rahmen diese Untersuchungen erfolgten.

Hinweis: Dieser Artikel wurde von der Dr. Rainer Wild-Stiftung gekürzt und enthält unveränderte Auszüge aus dem Originalbeitrag. Der Originalbeitrag/Quelle ist zu finden unter <https://idw-online.de/de/news826647>.

HERAUSGEBER



Dr. Rainer Wild-Stiftung

Mittelgewannweg 10

69123 Heidelberg

Tel: 06221 7511 -200

E-Mail: info@gesunde-ernaehrung.org

Web: www.gesunde-ernaehrung.org

INFORMATIONSQUELLE



idw – Informationsdienst Wissenschaft

Web: <https://idw-online.de/de/>

© Dr. Rainer Wild-Stiftung, 2024