



Deutsche Gesellschaft
für Ernährung e.V.

Pressemappe zum Wissenschaftlichen Symposium

Ernährung und Mikrobiom

29. September 2021, Online-Tagung

Der Wissenschaft verpflichtet –
Ihr Partner für Essen und Trinken



P R E S S E I N F O R M A T I O N

der Deutschen Gesellschaft für Ernährung e.V.

29. September 2021

Ernährung und Mikrobiom – Spannende Einblicke in die Forschung

Wissenschaftliches Symposium der DGE am 29. September 2021

Am 29. September 2021 diskutieren nationale und internationale Expert*innen auf dem diesjährigen digitalen Wissenschaftlichen Symposium der Deutschen Gesellschaft für Ernährung e.V. (DGE) über den gegenwärtigen Forschungsstand rund um das Thema Mikrobiom und Ernährung. Über 400 Teilnehmende nutzen die Gelegenheit, sich über die Rolle der Ernährung und des Mikrobioms für die Entwicklung chronischer Erkrankungen zu informieren. Seit etwa einem Jahrzehnt ist die Forschung verstärkt dem Mikrobiom und genetischen Analysen von Mikroorganismen auf der Spur. Auch wenn die Studienergebnisse der letzten Jahre zeigen konnten, dass das Darmmikrobiom wichtig für die Gesunderhaltung des Menschen ist, steckt die Mikrobiomforschung noch in den Kinderschuhen. Das Darmmikrobiom als mikrobielles Ökosystem und sein Einfluss auf das Immunsystem und Stoffwechselerkrankungen wirft noch viele Forschungsfragen auf. International forschen hierzu interdisziplinäre Teams von Wissenschaftler*innen, um ein funktionelles Verständnis der Mikroben-Wirt-Interaktionen in Gesundheit und Krankheit zu erlangen.

Mikrobielle Diversität – Unsichtbare Vielfalt

„Als Marker für ein stabiles Mikrobiom beim Gesunden gilt die Reichhaltigkeit der Bakterien. Auch Stoffwechselprozesse wie die Fermentation von Ballaststoffen sind Merkmal eines gesunden mikrobiellen Ökosystems“, sagt Prof. Dirk Haller Lehrstuhl für Ernährung und Immunologie an der TU München und Wissenschaftlicher Leiter des Symposiums, in seinem Einführungsvortrag. Protektive Bakterien bauen Kohlenhydrate ab und produzieren kurzkettige Fettsäuren, v. a. Butyrat. Sie stabilisieren die Darmbarriere und regulieren somit das Immunsystem. Schädliche Bakterien bilden hingegen Lipopolysaccharide, fördern Entzündungen, bauen Proteine ab und setzen Toxine frei. Die Ernährung prägt die Zusammensetzung der Bakterien – so kann man davon ausgehen, dass die Art und Menge an Ballaststoffen die Zusammensetzung des Mikrobioms wesentlich beeinflusst, vor allem langfristige Ernährungsmuster. Denn während kurzfristige Ernährungsumstellungen die Darmmikrobiota schnell, aber reversibel verändern, können sich längerfristige Änderungen auf das Genom und die Stoffwechselaktivitäten der Mikrobiota auswirken.

Herausgeber:

**Deutsche Gesellschaft
für Ernährung e.V. (DGE)**

Godesberger Allee 18
53175 Bonn

Tel.: 0228 3776-600
Fax: 0228 3776-800

E-Mail: webmaster@dge.de
Internet: www.dge.de

Nachdruck honorarfrei,
Quellenangabe (DGE)
erwünscht.
Belegexemplar erbeten.

Prof. Jeroen Raes, Universität Leuven, Center for Microbiology, Belgien, schildert seine Erfahrungen aus Populationsstudien. Er zeigt, wie die Entwicklung dezidierter Computeransätze bei der Mikrobiom-Analyse und -Interpretation helfen kann und welche Störfaktoren unbedingt in der Forschung von Mikrobiom und Erkrankung berücksichtigt werden müssen. Er stellt die Ergebnisse einer groß angelegten Studie vor, die die mikrobielle Diversität im Darm des Menschen in einer geografisch begrenzten Region in Flandern ausgewertet hat.

Mit den Besonderheiten des Darmmikrobioms im Alter beschäftigt sich Prof. Paul W. O'Toole von der Abteilung für Mikrobiologie des University College Cork. Seine Studien zeigen, dass sich das Darmmikrobiom älterer Menschen von jenem junger unterscheidet. Es gibt signifikante Zusammenhänge zwischen Ernährung, Mikrobiom und Gesundheitszustand. In einer seiner Studien, dem NuAge-Projekt, war eine 12-monatige Mittelmeer-Diät bei älteren Menschen aus fünf europäischen Ländern mit Veränderungen des Mikrobioms verbunden. Diese gingen mit geringeren Entzündungswerten, besseren kognitiven Leistungen und verminderter Gebrechlichkeit einher.

Die Rolle von Darmbakterien bei Erkrankungen

Prof. Andre Franke, Christian-Albrechts-Universität zu Kiel, geht in seinem Vortrag „Was ist dran an der Blutgruppendiät – Einfluss unseres Genoms auf das Mikrobiom?“ auf die Rolle der Blutgruppen im Darm ein. Denn das Mikrobiom wird durch die Ernährung, aber auch durch manche Blutgruppen beeinflusst. Clavel zeigt Daten aus jüngsten Studien, in denen er u. a. Beziehungen zwischen der ABO-Blutgruppe und bestimmten Bakterien herstellen konnte.

Das Forschungsteam um Prof. Dirk Haller fand in einer Studie heraus, dass sich Anzahl und Zusammensetzung des Darmmikrobioms im Tagesverlauf verändern. Bei Menschen mit Diabetes mellitus Typ 2 jedoch gehen diese tageszeitlichen Schwankungen verloren. „Auf epidemiologischer Ebene trägt diese arrhythmische Signatur bestimmter Bakterienarten zur Diagnose eines Diabetes mellitus Typ 2 bei und macht deutlich, dass es zwischen dem zirkadianen Rhythmus und dem Mikrobiom bei Stoffwechselerkrankungen Zusammenhänge gibt“, fasst Haller die Ergebnisse der Studie zusammen. Er betont aber, dass jeder Mensch eine individuelle Mikrobiota aufweist und gibt zu bedenken: „Bisher sehe ich nicht, wie man mit einer bestimmten Ernährung das Mikrobiom in eine klar definierte Richtung beeinflussen kann“.

Ballaststoffe als essentielle Nährstoffe für ein gesundes Mikrobiom?

Anhand von Längsschnittanalysen zeigt Prof. Gary D. Wu, Institute for Diabetes, Obesity and Metabolism, University of Pennsylvania, USA, die Auswirkungen von drei unterschiedlichen Ernährungsweisen – vegan, omnivor sowie einer ballaststofffreien synthetischen enteralen Ernährung – auf das menschliche Darmmikrobiom und sein Metabolom. Die Ergebnisse unterstreichen, dass die Ernährung, insbesondere Ballaststoffe, das Metabolitenprofil des menschlichen Mikrobioms beeinflusst, was sich auf die Gesundheit auswirken kann. Diese

Beobachtung kann insbesondere für Patienten von Bedeutung sein, die mit Antibiotika behandelt werden und eine begrenzte Ballaststoffaufnahme haben, wie z. B. auf der Intensivstation.

Auch die Studien von Prof. Stephen O'Keefe, University of Pittsburgh, USA, legen nahe, dass die Menge an Ballaststoffen entscheidend für die Gesundheit ist. Eine hohe Zufuhr fördert die Aufnahme von kurzkettigen Fettsäuren in den systemischen Kreislauf, wo sie zur Prävention von Entzündungen und Krebs beitragen können. Diese Ergebnisse unterstützen die Empfehlungen der DGE, sich überwiegend pflanzlich und ballaststoffreich zu ernähren.

Kontakt:

Deutsche Gesellschaft für Ernährung e. V.

Referat Öffentlichkeitsarbeit

Autorin: Silke Restemeyer

www.dge.de/presse/kontakt/



P R E S S E I N F O R M A T I O N

der Deutschen Gesellschaft für Ernährung e. V.

29. September 2021

DGE-Journalisten-Preis 2021

DGE zeichnet Medienvertreter*innen für ihre Berichterstattung zu Ernährungsthemen aus

Mit dem DGE-Journalisten-Preis prämiiert die Deutsche Gesellschaft für Ernährung e. V. (DGE) auch 2021 wieder herausragende journalistische Arbeiten zu aktuellen Ernährungsthemen in Wort und Bild. Dagmar von Cramm, Mitglied im Wissenschaftlichen Präsidium der DGE, überreichte die Auszeichnungen auf dem Wissenschaftlichen Symposium am 29. September 2021. Den mit insgesamt 10 000 EUR dotierten Preis vergab die Fachgesellschaft in diesem Jahr zum 32. Mal für wissenschaftlich fundierte, originelle und zielgruppengerecht aufbereitete Arbeiten in 5 Medienkategorien.

Im Bereich **Tages- und Wochenzeitungen** ging der Preis an Nadine Zeller für ihren Artikel „Lob auf die Familientafel“ in der Badischen Zeitung vom 02.05.2020. Ihr praxisorientierter Beitrag zeigt, dass Familienmahlzeiten nicht nur in Zeiten von Pandemie und Homeschooling sinnvoll sind. Hierzu fügt sie auch Studien-ergebnisse an, die zeigen, wie und warum sich gemeinsames Essen positiv auf die Gesundheit von Kindern auswirkt.

In der Kategorie **Publikumszeitschriften** zeichnete die Jury zwei Beiträge aus, die in der Zeitschrift ÖKO-TEST erschienen sind. Annette Sabersky erhielt den Preis für ihren Serviceartikel „Volle Kraft voraus“, in der März-Ausgabe 2020. Der informative und sachlich fundierte Beitrag berichtet über die vielfältigen gesundheitlichen Vorteile von Vollkornprodukten und ist damit ein Plädoyer für eines der weltweit wichtigsten, sättigenden Grundnahrungsmittel. Simonetta Zieger wurde für ihren Beitrag „Gold oder Gift – Streit ums Speiseöl“ in der November-Ausgabe 2020 ausgezeichnet. Der umfassende Artikel greift die Diskussion um Fette und Speiseöle auf. Er beurteilt die wesentlichen Inhaltsstoffe Fett und Fettsäuren nicht allein als Geschmacksträger, sondern auch aus gesundheitlicher Sicht. Zwei gut verständliche und sehr anschauliche Artikel, die mit gängigen Vorurteilen aufräumen, informieren und sachlich-fundiert aufklären.

Im Bereich **Hörfunk/Podcast** erhielten Dr. Kristin Becker und Markus Sambale den Preis für ihren Zukunfts-Podcast der Tagesschau „Mal angenommen, wir werfen kein Essen mehr weg“ in der ARD Audiothek vom 17.12.2020. In ihrem 30-minütigen Podcast fragen sie, wie es wäre, wenn wir ab sofort keine Lebensmittel mehr verschwenden würden, ob wir dann alle Foodsharing machen und wie sich das auf unseren Alltag, die Umwelt und die Wirtschaft auswirken könnte. Dieser hörenswerte Zukunfts-Podcast liefert ein sehr unterhaltsames

Herausgeber:

Deutsche Gesellschaft
für Ernährung e. V. (DGE)

Godesberger Allee 18
53175 Bonn

Tel.: 0228 3776-600

Fax: 0228 3776-800

E-Mail: webmaster@dge.de
Internet: www.dge.de

Nachdruck honorarfrei,
Quellenangabe (DGE)
erwünscht.

Belegexemplar erbeten.

Gedankenspiel mit überraschenden Aspekten, zahlreichen Fakten und neuen Impulsen.

In der Rubrik **Fernsehen** erhielt das „Quarks“-Team vom WDR mit Wobbeke Klare, Axel Bach, Katharina Adick, Sonja Legisa, Carsten Linder, Ilka aus der Mark, Larissa Richter, Antje Maly-Samiralow, Mike Schaefer, Jan Voelkel, Azuma Satter und Edith Dietrich den Preis für ihre Reportage „Vitamine – wie viel brauchen wir wirklich?“, im WDR-Fernsehen vom 18.08.2020. Ein fundierter, ansprechender Beitrag zur Frage des Bedarfs an Vitaminen, ihrer Funktionen, ausreichender Versorgung, Mangelsymptomen und Folgen sowie Risikogruppen. Wissenschaftliche Fakten werden mit tollen Animationen und Grafiken, verständlich für jedermann, serviert.

Der vom Redaktionsteam safespace beim rbb eingereichte Miniclip „Billig Bowl“ auf TikTok vom 21.09.2020 bekommt die Auszeichnung im Bereich **Internet/Social Media**. Ariane Böhm, Elena Münker, Susanne Faß und die Hosts Saphira, Säli, Lea, Rosa und Whitney. Sie zeigen in ihrem originellem und modernen Kurzclip wie Superfood auch regional und günstig geht. Ihr Storytelling ist kurz und prägnant, fokussiert auf einen Aspekt und präsentiert in maximal einer Minute verlässliche und wissenswerte Fakten zu aktuellen Ernährungsfragen.

Weitere Informationen zu den Preisträger*innen 2021 und den ausgezeichneten Arbeiten unter <http://www.dge.de/presse/journalisten-preis/>

Kontakt:

Deutsche Gesellschaft für Ernährung e. V.

Referat Öffentlichkeitsarbeit

Autorin: Antje Gahl

www.dge.de/presse/kontakt/



ABSTRACT

Quantitative microbiome profiling in health and disease.

Prof. Jeroen Raes, Bioinformatics and (eco-)systems biology lab, Department of Microbiology and Immunology, Rega institute, KU Leuven

Alterations in the gut microbiota have been linked to various pathologies, ranging from inflammatory bowel disease and diabetes to cancer. Although large numbers of clinical studies aiming at microbiome-based disease markers are currently being performed, our basic knowledge about the normal variability of the human intestinal microbiota and its determining factors remains limited. Here, I will discuss our findings studying a large-scale study (Flemish Gut Flora Project; n=3400) of the gut microbiome variation in a geographically confined region (Flanders, Belgium), in which analysis of microbiome variability in health identified the primary parameters associated to microbiome composition. In this presentation, I will discuss our experiences in large-scale microbiome monitoring, show how the development of dedicated computational approaches can assist in microbiome analysis and interpretation, and which confounders are essential for inclusion in microbiome disease research. In addition I will show how Quantitative Microbiome Profiling (QMP; Vandeputte et al. Nature 2017), which combines microbiomics with flow cytometry-based cell counts, is profoundly changing our view on gut microbiota variation and allowed the identification of an inflammation-associated, cross-disease enterotype.

Kontakt:

Prof. Jeroen Raes
Bioinformatics and (eco-)systems biology lab
Department of Microbiology and Immunology
Rega institute, KU Leuven
E-Mail: Jeroen.Raes@vub.ac.be



ABSTRACT

Stability and function of the microbiome in the elderly Stabilität und Funktion des Mikrobioms im Alter

Paul W. O'Toole Ph.D. Professor of Microbial Genomics, School of Microbiology and APC Microbiome Ireland, University College Cork, Ireland.

Aging is associated with the decline of multiple physiological systems that interact with the gut microbiome composition. Recent studies from our group and others show these microbiome changes can be further correlated with the risk or onset of several age-related pathologies. The challenge for progress is distinguishing cause from consequence, particularly because of the bidirectional interaction of the variables – diet, microbiome, medications, life-style and health.

We have previously described distinct microbiota composition groups in older people corresponding to habitual dietary patterns. Correlations in the data between diet, microbiota and health status suggested a causative axis. To investigate, we have studied diet-microbiome interaction in murine models, and by prebiotic and Mediterranean Diet (MedDiet) supplementation in humans. Germ-free mice retained a microbiota similar to healthy or frail elderly donors when maintained on a diet modelled on donor type. Swapping diets altered the microbiota in the direction of the new diet. Modest changes in inflammatory parameters were noted corresponding to diet-microbiota shifts. A human prebiotic supplementation trial (5 prebiotics for 6 months, or placebo) achieved no global effect on microbiome diversity or composition, but some taxon alterations. However in the NuAge project we profiled the gut microbiota in 612 older subjects in five European countries before and after the administration of a 12-month MedDiet. Adherence to the MedDiet was associated with specific microbiome alterations. Taxa enriched by adherence to the diet were positively associated with several markers of lower frailty and improved cognitive function, and negatively associated with inflammatory markers including C-reactive protein and interleukin-17.

Some gut microbiome alterations in older people overlap with those in “dysbiosis” related diseases. To tackle this, we compared the gut microbiome across five major diseases in 2,500 individuals from 20 to 89 years old. We identified a microbiome disease response shared across multiple diseases in elderly subjects that is distinct from that in young/middle-aged individuals, but also a novel set of taxa consistently gained in disease across all age groups. Some of the age-lost taxa were those retained by the NuAge MedDiet.

Recently we analyzed >10,000 gut microbiomes and showed that, although microbiome

**Ernährung und Mikrobiom
Wissenschaftliches Symposium der
Deutschen Gesellschaft für Ernährung e. V.**

29. September 2021
Online-Tagung



Diversity and Uniqueness were both positively associated with aging, increased abundance of beneficial commensals leads to both increased diversity and uniqueness, whereas elevated abundance of pathobionts increases uniqueness but not diversity. Investigation of 35

Kontakt:

Ph.D. Paul W. O'Toole
School of Microbiology and APC Microbiome
University College Cork, Ireland.
E-Mail: pwotoole@ucc.ie



ABSTRACT

Was ist dran an der Blutgruppendiät – Einfluss unseres Genoms auf das Mikrobiom?

Prof. Dr. Andre Franke, Christian-Albrechts-Universität zu Kiel

„Ihre Blutgruppe bestimmt Ihre Ernährung und Lebensweise.“ Diese Botschaft verbreitet der US-amerikanische Naturheilmediziner Dr. med. D'Adamo weltweit. Seine Bücher haben sich zum Verkaufsschlager entwickelt. Vertreter der Blutgruppendiäten postulieren, dass Menschen mit unterschiedlichen Blutgruppen Lebensmittel „evolutionär bedingt“ unterschiedlich gut vertragen. Eine entsprechende Einschränkung der Auswahl soll die Gesundheit und das Wohlbefinden verbessern und das Krankheitsrisiko senken. Beweise für diese Hypothesen sind bis heute in der wissenschaftlichen Literatur nur spärlich beschrieben. Das Darmmikrobiom könnte aber eine entscheidende Rolle spielen, da es durch die Ernährung aber auch durch manche Blutgruppen beeinflusst wird. In meinem Vortrag werde ich auf die Rolle der Blutgruppen im Darm näher eingehen und Daten aus jüngsten Studien zeigen, in welchen u. a. Beziehungen zwischen der ABO Blutgruppe und bestimmten Bakterien herstellen konnten.

Kontakt:

Prof. Dr. Andre Franke
Institut für Klinische Molekularbiologie
Christian-Albrechts-Universität zu Kiel
E-Mail: a.franke@mucosa.de



ABSTRACT

Gallensäuren und Mikrobiom als Tandem bei Stoffwechselerkrankungen Bile and microbiome – a tandem in metabolic health

Thomas Clavel, Uniklinik RWTH Aachen

Der Mensch besteht aus körpereigenen Zellen und Billionen von Mikroorganismen, die all seine Körperoberflächen kolonisieren. Der Darm beherbergt das Dichteste dieser mikrobiellen Ökosysteme, die sogenannte Darmmikrobiota. Bakterien sind ein Hauptbestandteil dieser Mikrobiota und stehen in komplexen und dynamischen Wechselwirkungen mit dem darmassoziierten Immunsystem, sowie dem Stoffwechsel des Menschen. Die enormen Entwicklungen im Bereich der molekularen Analyse mikrobieller Populationen haben wichtige Einblicke in die Bedeutung der Darmmikrobiota für die Physiologie des Wirtes ermöglicht. Die Identifizierung, Isolation und Charakterisierung physiologisch relevanter Bakterienstämme unseres Darmmikrobioms ist jedoch eine weitere Voraussetzung für die Entwicklung und Implementierung erfolgreicher mikrobieller Therapiestrategien. Vor allem sind sehr viele Gene und Metaboliten im Darmmikrobiom noch unbekannt. Zum Beispiel können Darmbakterien Gallensäure (GS), die von der Leber zur Unterstützung der Fettverdauung produziert werden, verstoffwechseln; viele dieser GS-metabolisierenden Bakterien und die daraus entstehenden Produkte kennen wir aber noch nicht. In diesem Vortrag werde ich einen kurzen Überblick über GS-metabolisierende Darmbakterien geben und die Bedeutung von GS-Mikrobiom Wechselwirkungen für die Ernährung bzw. Stoffwechselerkrankungen erläutern.

Kontakt:

Prof. Dr. Thomas Clavel
Institut für Medizinische Mikrobiologie
Functional Microbiome Research Group
Uniklinik RWTH Aachen
E-Mail: tclavel@ukaachen.de



ABSTRACT

Circadian rhythm and microbiome

Prof. Dr. Dirk Haller, Chair of Nutrition and Immunology, ZIEL – Institute for Food & Health, Technical University of Munich

The human digestive tract harbours a complex array of microorganisms, including bacteria, archaea, viruses and fungi. Bacteria colonize the compartmentalized gastrointestinal tract in a spatially structured manner following a gradient from the proximal to the distal part of the intestine, reaching their highest density and functional diversity in the colon. In addition to the question of "who is there" (referring to the microbiota), the term microbiome describes the "theatre of activity", including the complex physio-chemical characteristics of the microbial communities within the niche shaped by the host. Environmental factors, such as diet and medication, but also host intrinsic mechanisms control microbial adaptation in the digestive tract. Disruption of microbiome-host symbiosis contributes to the initiation and progression of lifestyle-related diseases, including immune and metabolic pathologies, such as inflammatory bowel diseases and type 2 diabetes (T2D). Nevertheless, and despite enormous efforts in cataloguing microbiome alterations, limited reproducibility and specificity of disease-associated microbiome alterations across cohorts complicates the identification of microbial risk factors. In several human cohorts, including more than 4000 fecal samples, we identified daytime-related oscillation of specific bacterial taxa and metabolic pathways. Rhythmicity in their relative abundance was disrupted in patients with T2D. A risk signature of 13 bacterial taxa was validated in the two German population cohorts KORA and FoCUS, and analysis of dietary records suggest mealtime independent mechanisms. Prediction models classified T2D with area under the curves of 70 – 80%, confirming the diagnostic value of these risk signature at the population but not the individual level. Involvement of the circadian system in daytime-related oscillations was confirmed in mouse models, suggesting a functional link between the mammalian clock and the microbiome in regulating host physiology. Disruption of daytime-related bacterial oscillation in the intestine correlates with metabolic disease susceptibility.

**Ernährung und Mikrobiom
Wissenschaftliches Symposium der
Deutschen Gesellschaft für Ernährung e. V.**

29. September 2021
Online-Tagung



Kontakt:

Prof. Dr. rer. nat. Dirk Haller
Technische Universität München
Lehrstuhl für Ernährung und Immunologie
Gregor-Mendel-Str. 2
85354 Freising
Tel.: +49 8161 71-2026
E-Mail: dirk.haller@tum.de



ABSTRACT

Metabolome patterns in response to diet – impact of microbiome

Ceylan Tanes, Kyle Bittinger, Yuan Gao, Elliot S. Friedman, Lisa Nessel, Unmeshha Roy Paladhi, Lillian Chau, Erika Panfen, Michael A. Fischbach, Jonathan Braun, Ramnik J. Xavier, Clary B. Clish, Hongzhe Li, Frederic D. Bushman, James D. Lewis, and Gary D. Wu

Gut microbiota metabolites may be important for host health, yet few studies have investigated the direct effect of diet on the human gut microbiome, its relevance to the production of fecal metabolites, and their impact on the plasma metabolome. Since gut microbiota metabolites are influenced by diet, we performed a longitudinal analysis of the impact of three divergent diets, vegan, omnivore, and a synthetic enteral nutrition (EEN) diet lacking fiber, on the human gut microbiome and its metabolome, including after a microbiota depletion intervention. Upon reconstitution of the microbiome following depletion, omnivore and vegan, but not EEN, diets altered fecal amino acid levels by supporting the growth of Firmicutes capable of amino acid metabolism. This correlated with relative abundance of a sizable number of fecal amino acid metabolites, some not previously associated with the gut microbiota. The effect on the plasma metabolome, in contrast, were modest. The impact of diet, particularly fiber, on the human microbiome influences broad classes of metabolites that may modify health. This observation may have particular relevance to patients who are being treated with antibiotics and have limited fiber intake, such as those in the intensive care unit setting.

Kontakt:

Wendy Urwin
Registered Nutritional Therapy Practitioner
Email: wendy@wunutrition.co.uk



ABSTRACT

Early life microbiota – tools for intervention

Prof. Dr. Lindsay Hall, Professur für Intestinal Microbiome, TU München

Acquisition of our initial pioneer microbial communities, including the dominant early life bacterial genus *Bifidobacterium*, occurs at a critical period of physiological development. *Bifidobacteria* are resident microbiota members throughout our lifetime and have been shown to digest certain dietary components and modulate specific immune cells and pathways. Notably, reductions in this genus have been associated with increased risk of infections and several diseases. Here I will discuss our mechanistic and clinical research which explores the role of the early life microbiota, *Bifidobacterium*, and nutrition in driving healthy host development. I will discuss the importance of specific dietary components and microbial strain level interactions in the gut microbiota that are key for next stage clinical interventions.

Kontakt:

Prof. Dr. Lindsay Hall
Technische Universität München
Weihenstephaner Berg 3
85354 Freising
E-Mail: lindsay.hall@tum.de



ABSTRACT

Dietary fibers and microbiome – essential substrates for a healthy ecosystem

Stephen J D O'Keefe, Division of Gastroenterology, University of Pittsburgh

Fiber is a complex mixture of dietary residues, chiefly carbohydrates, that are not digested and absorbed by the human small intestine but are utilized by the colonic microbiota and associated with health benefits. There are several different classes of fibre, but they share common influences on the colon and the colonic microbiota and generally preserve colonic health. While over 90% of starch and dietary proteins are digested and absorbed by the small intestine after digestion by enteropancreatic enzymes, the residues have complex structures that slowen digestion allowing spillover into the colon where they form the food for the microbiota. The microbiota ferment the residues to absorbable simple structures, the chief ones being the short chain fatty acids, acetate, propionate and butyrate. The colon and the microbiota have developed a remarkable symbiotic relationship as butyrate has become the preferred fuel source for the colonic mucosa and a large number of studies have revealed the ability of SCFA to maintain mucosal integrity, suppress inflammation and neoplastic change. Studies of ours suggest the quantity of fiber is critical to not only prevent neoplastic change but also counteract the function of endogenous and exogenous carcinogens. Furthermore, high production levels accelerate the absorption of SCFA into the systemic circulation where they have remarkable functions in not only suppressing inflammation and cancer, but also in improving metabolic balance by inhibiting excessive food consumption, and therefore obesity and T2 diabetes. Furthermore, they help prevent chronic heart disease by suppressing cholesterol synthesis. The actions may explain the experimental and epidemiological studies that show that populations who consume a high fiber plant-based diet have a lower risk of developing all non-communicable diseases, such as colon, liver and stomach cancer, atherosclerosis, obesity and diabetes. To optimize protection, it seems like at least 50g of fiber are needed in the daily diet.

These findings support the adoption of a high-fiber plant-based diet to reduce NCDs to increase lifespan and the quality of life in later years. A predominantly plant-based diet has the additional benefit of reducing greenhouse emissions and therefore climate change.

**Ernährung und Mikrobiom
Wissenschaftliches Symposium der
Deutschen Gesellschaft für Ernährung e. V.**

29. September 2021
Online-Tagung



Kontakt:

Stephen J D O'Keefe MBBS, MSc, MD, FRCP
Professor of Medicine
Division of Gastroenterology
University of Pittsburgh
USA
E-Mail: sjokeefe@pitt.edu

Extraordinary Professor
Department of Internal Medicine
Director African Microbiome Institute
University of Stellenbosch
South Africa
Cell 082 563 2887
E-Mail: sokeefe@sun.ac.za
<http://www.sun.ac.za/africanmicrobiomeinstitute>