



Essen ganz transparent gemacht – Bundeslebensmittelschlüssel ist jetzt lizenzfrei

16.12.2025, Max Rubner-Institut – Bundesforschungsinstitut für Ernährung und Lebensmittel (MRI)

Welche Vitamine stecken in Äpfeln? Welcher Fisch enthält am meisten Jod? Über wie viel Ballaststoffe verfügen Erbsen im Vergleich zu Linsen? Wer ganz genau wissen will, was in Lebensmitteln steckt, kann den Bundeslebensmittelschlüssel (BLS) zu Rate ziehen. Die jüngst umfassend überarbeitete Datenbank enthält die durchschnittlichen Nährstoffdaten und Energiegehalte von mehr als 7.000 Lebensmitteln und Gerichten. Der BLS wird vom Max Rubner-Institut (MRI) zur Verfügung gestellt und regelmäßig aktualisiert. Ab sofort kann der BLS kostenlos genutzt werden. Die bisherige Lizenzgebühr entfällt komplett.

Dazu erklärt der Bundesminister für Landwirtschaft, Ernährung und Heimat Alois Rainer: „Das Angebot hochwertiger Lebensmittel in Deutschland ist riesig, dank der hervorragenden Arbeit unserer Landwirte, der Lebensmittelhersteller und des Handels. Daraus können sich die Verbraucherinnen und Verbraucher nach Lust und Laune bedienen – als Bundesregierung machen wir da keine Vorgaben. Wir unterstützen aber dabei, die Entscheidung für eine ausgewogene und gerne regionale Ernährung gut informiert zu treffen. Der kostenlose Zugang zum Bundeslebensmittelschlüssel hilft dabei.“ Die Präsidentin des MRI, Prof. Dr. Tanja Schwerdtle, sagt: „Der lizenzfreie Zugang zum Bundeslebensmittelschlüssel bietet nun auch der breiten Bevölkerung die Möglichkeit, sich über die Zusammensetzung einzelner Lebensmittel zu informieren. Wer weiß, was in Lebensmitteln steckt, kann sich bewusster ernähren. Dies kann eine ausgewogene und gesunde Ernährung unterstützen.“

Der BLS ist Deutschlands nationale Nährstoffdatenbank und wurde als Standardinstrument zur Auswertung von Ernährungsstudien entwickelt. Er dient als Datengrundlage für die Ernährungsberatung sowie für ernährungs- und gesundheitspolitische Maßnahmen. Zudem können Lebensmittelhersteller den BLS zur Berechnung der verpflichtenden Nährwertkennzeichnung nutzen.

Im BLS sind die durchschnittlichen Nährstoffdaten einer Vielzahl verschiedener Lebensmittel erfasst, die auf dem deutschen Markt erhältlich sind. Angegeben werden nicht nur die Gehalte an Makro- und Mikronährstoffen wie Kohlenhydraten, Protein, Fett, Vitaminen, Mineralstoffen und Spurenelementen, sondern auch Informationen zu Ballaststoffen, Fett- und Aminosäuren. Der Datenbestand wurde für die aktuelle Version um Lebensmittel ergänzt, die nicht oder kaum in der bisher üblichen Auswahl vorhanden waren, etwa Pflanzendrinks und Pseudogetreide wie Buchweizen und Quinoa. Darüber hinaus bildet der BLS auch eine große Bandbreite zusammengesetzter Gerichte ab – vom Gemüsebratling bis zur klassischen Lasagne.

Grundlage für die Nährstoffgehalte des BLS bilden neben den Labordaten des MRI auch die Untersuchungsergebnisse von nationalen Kooperationspartnern wie z. B. Bundesinstituten und -ämtern, Landesanstalten, Unternehmen der Lebensmittelwirtschaft und Verbänden. Ergänzt werden die Daten durch Informationen aus der wissenschaftlichen Literatur und aus internationalen Nährstoffdatenbanken. Eine Besonderheit des BLS sind seine komplexen Berechnungsalgorithmen: Sie ermöglichen Rezeptberechnungen sowie qualitätsgesicherte Nährstoffschätzungen, mit denen Datenlücken geschlossen werden können.

Seit 15. Dezember 2025 ist der BLS in Version 4.0 verfügbar. Für diese Version wurde die Lebensmittelauswahl vollständig überarbeitet und an aktuelle Verzehrgeohnheiten sowie Marktentwicklungen angepasst. Die Nachvollziehbarkeit der Daten wurde durch die Kennzeichnung von Quellen, Datenlücken und Berechnungsformeln entscheidend verbessert. Diese Transparenz ermöglicht eine fundierte Einordnung jeder einzelnen Nährstoffangabe.

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/news863529>.



Pilz verarbeitet Möhrenreste zu schmackhaftem Protein

17.12.2025, Justus-Liebig-Universität Gießen (JLU)

Pilze, die auf Möhrenresten wachsen, können als nachhaltige und schmackhafte Proteinquelle dienen. Dies zeigt eine Studie von Forschenden der Justus-Liebig-Universität Gießen (JLU) und der Technischen Hochschule Mittelhessen (THM): Vegane Patties und Würstchen, die mit dem hochwertigen Pilz-Protein hergestellt wurden, schmeckten den Testesserinnen und -essern besser als Produkte aus pflanzlichen Proteinen. Die Studie ist in der Fachzeitschrift „Journal of Agricultural and Food Chemistry“ in der Spezialausgabe „Up-cycling Food Waste into Value-Added Natural Foods and Ingredients“ der American Chemical Society (ACS) erschienen. Beteiligt waren Forschende aus den Arbeitsgruppen von Dr. Martin Gand am Institut für Lebensmittelchemie und -biotechnologie der JLU und von Prof. Dr.-Ing. habil. Denise Salzig, Professorin für Prozessanalytik in bioverfahrenstechnischen und pharmazeutischen Prozessen an der THM.

Da die Weltbevölkerung weiterhin wächst und nach wie vor viele Menschen hungern, steigt der Bedarf an nährstoffreichen Lebensmitteln und nachhaltigen sowie effizienten Herstellungsverfahren. Eine Möglichkeit sind essbare Pilze, die auf einer Vielzahl von organischen Resten, die bei der Lebensmittelproduktion in beträchtlichen Mengen anfallen – zum Beispiel Apfelprester aus der Herstellung von Apfelsaft und Molke aus der Käseherstellung – wachsen können. Auch Möhrenreste, die beispielsweise bei der Gewinnung natürlicher Farbstoffe anfallen, können ein Substrat für das Pilzwachstum sein, wie die Studie zeigt. „Darin sind wertvolle Nährstoffe enthalten, die wir für die menschliche Ernährung nutzen wollten“, erläutert Dr. Gand. Anstatt die Fruchtkörper der Pilze zu ernten, haben sich die Forschenden auf die wurzelähnlichen Myzelien konzentriert, die weniger Zeit und Platz zum Wachsen benötigen und dennoch unentbehrliche Nährstoffe produzieren. Zunächst ließen sie über 100 Pilzstämme auf Resten von orangefarbenen und schwarzen Möhren wachsen, die bei der Firma GNT Europa GmbH bei der Herstellung natürlicher Farbstoffe anfallen.

So konnten sie erkennen, welcher Pilz am besten wuchs und den höchsten Proteingehalt aufwies. Das Rennen machte *Pleurotus djamor*, auch als rosa Austernpilz oder Rosenseitling bekannt. Die Forschenden optimierten die Wachstumsbedingungen weiter, um die Erträge zu verbessern. Sie konnten so Proteine erzeugen, die denen von tierischen und pflanzlichen Proteinen ähneln, also ernährungsphysiologisch hochwertig waren. Zudem erwiesen sich die Myzelien des Rosenseitlings als fettarm.

Ein weiterer wichtiger Aspekt: Die Myzelien sind schmackhaft. Die Forschenden stellten damit vegane Patties her. Dabei ersetzten sie den typischen Sojaproteinanteil durch verschiedene Anteile an Myzelien. Freiwillige, die diese Speisen verkosteten, bewerteten sie nach Merkmalen wie Textur, Geschmack und Geruch. Am besten schmeckten ihnen die Patties, bei denen das gesamte Sojaprotein durch Myzelien ersetzt worden war. Anschließend kosteten die Freiwilligen vegane Würstchen, die entweder mit eingeweichten Kichererbsen oder mit frischen Myzelien hergestellt wurden. Auch hier schnitten die Würstchen mit den Myzelien bei Geruch und Geschmack besser ab. „Die Ergebnisse deuten darauf hin, dass pilzliche Myzelien eine nachhaltige und schmackhafte Proteinquelle sind, die zudem ähnliche ernährungsphysiologische Vorteile wie pflanzliche Proteine bieten kann“, so Dr. Gand. „Da hier Nebenprodukte in Lebensmittelqualität für die Produktion von hochwertigen Proteinen genutzt werden, muss keine zusätzliche Landwirtschaft betrieben werden, um die Ernährungssicherheit zu fördern. Dies reduziert die Umweltauswirkungen.“

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/news863641>.



Die Stellschrauben für ein nachhaltiges Agrar- und Ernährungssystem

19.12.2025, Potsdam-Institut für Klimaforschung (PIK)

Ausgangspunkt der Studie sind drei mögliche Zukunftsverläufe: das in der Wissenschaft gängige Basisszenario „SSP2“ mit der Fortschreibung bisheriger Trends, ein Szenario des schnellen Umbaus im Agrar- und Ernährungssystem sowie ein erweitertes Szenario mit mehr Nachhaltigkeit auch in anderen Wirtschaftssektoren. Ein leistungsfähiger, am PIK entwickelter Analyserahmen aus mehreren Modellen anderer Institute, mit dem PIK-Agrar- und Ernährungsmo- dell MAgPIE im Zentrum, ermittelt nicht nur die Effekte auf das Klima, sondern auch auf Gesundheit, Umwelt, soziale Gerechtigkeit und Wirtschaftskraft.

„Unsere Studie zeigt den großen Stellenwert des Agrar- und Ernährungssystems“, erklärt Benjamin Bodirsky, PIK-Forscher und Leitautor der Studie. „Wenn wir diesen Sektor entschlossen in Richtung Nachhaltigkeit umbauen, bremsen wir nicht nur die Erderhitzung deutlich, sondern bewegen uns auch in Richtung vieler anderer wünschenswerter Ziele. So erhöht sich die Lebenserwartung, die Überdüngung mit Stickstoff nimmt ab, auch die weltweite Armut geht leicht zurück. Und: Wenn wir auch in anderen Sektoren umsteuern, lässt sich sogar der Klimawandel auf weit unter 2 Grad begrenzen.“

Vom Speiseplan bis zu Landwirtschaft und Welt- handel

Das Forschungsteam modellierte den Umbau des Agrar- und Ernährungssystems sehr konkret und analysierte den Einfluss von 23 relevanten Stell- schrauben. Einige beziehen sich auf die im Jahr 2019 vom PIK mitentwickelte Planetary Health Diet, die die Gesundheit des Menschen ebenso ver- bessert wie die des Planeten: weniger Zucker, Fleisch und Milchprodukte, mehr Hülsenfrüchte, Gemüse, Obst, Nüsse und Vollkorn. Die Studie un- tersucht zudem, wie sich eine Reduktion von Hun- ger, Überernährung und Lebensmittelabfällen auf die globalen Produktionssysteme und die Umwelt auswirkt. Wieder andere Stellschrauben beziehen sich auf den Erhalt der Umwelt und nachhaltige

Landwirtschaft. Und schließlich geht es um Aus- wirkungen niedrigerer Handelsbarrieren, eines frei- eren Agrarhandels, existenzsichernder Löhne in der Landwirtschaft von ärmeren Ländern und we- niger kapitalintensiver Produktion in reicheren Ländern.

Die Studie zeigt zum einen detailliert, wie allein die Transformation des Agrar- und Ernährungssektors die diversen Ziele, von Klimaschutz bis zu gesun- der und erschwinglicher Nahrung, erreichen hilft: Die Aktivierung jeder einzelne Stellschraube hat Vor- und Nachteile, erst die Kombination führt zum klar positiven Ergebnis. Und zum anderen zeigt die Studie, was passiert, wenn die Transfor- mation eingebettet ist in eine noch breitere Verän- derung. Zu diesem Zweck dreht das Team an fünf weiteren Stellschrauben außerhalb von Landwirt- schaft und Ernährung: geringeres Bevölkerungs- wachstum, nachhaltigere wirtschaftliche und sozi- ale Entwicklung, schnellere Abkehr von fossilen Brennstoffen sowie mehr Biokunststoffe statt Plas- tik und mehr Holz als Baumaterial statt Stahl und Beton.

Studie hilft, das Ambitionsniveau von Politik zu beurteilen

In diesem erweiterten Nachhaltigkeitsszenario der Modellstudie werden im Jahr 2050 das 1,5-Grad- Limit mit 38 Prozent Wahrscheinlichkeit und die 2,0-Grad-Marke mit 91 Prozent Wahrschein- lichkeit eingehalten. Ernährungsbedingte Gesundheits- risiken wie Diabetes oder Herz-Kreislauf-Krank- heiten gehen zurück, die Wirtschaftskraft liegt deutlich höher als im Basisszenario. Und die Zahl der Menschen in extremer Armut liegt nicht nur ge- ringfügig, sondern immerhin um drei Viertel nied- riger als im Basisszenario. Zugleich kommt die Schädigung der Biosphäre zum Stillstand – ein ent- scheidender Erfolg für den Schutz der natürlichen Lebensgrundlagen.

„Die Transformation des Agrar- und Ernährungs- systems ist entscheidend für den Schutz der Arten- vielfalt“, erklärt Alexander Popp, Leiter des PIK- Labs Landsystemtransformation und ein Co-Autor der Studie: „Durch die Kombination von Maßnah- men – vom Schutz von Biodiversitäts-Hotspots



über vielfältigere Fruchtfolgen und besser strukturierte Landschaften bis hin zu pflanzenbetonten Ernährungsmustern – kann der Druck auf die Biodiversität deutlich verringert werden.“

Hermann Lotze-Campen, Leiter der PIK-Forschungsabteilung Klimaresilienz und ein Co-Autor der Studie, stellt klar: „Über welche Politik-Instrumente man all diese Stellschrauben verändern kann und wie sich das vermitteln und durchsetzen lässt, ist ganz bewusst nicht Gegenstand dieser Studie. Diese Arbeit schafft eine positive Zukunftsvision, beziffert die Wirkungszusammenhänge und hilft dadurch, das Ambitionsniveau von Politik zu beurteilen. Mit dieser ganzheitlichen Betrachtung, die auch Gesundheit, Umwelt und soziale Gerechtigkeit mit einbezieht, unterstützen wir den intensiver werdenden gesellschaftlichen und politischen Diskurs zur Zukunft unserer Ernährung.“

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/news863535>.

Neuer BMI deckt versteckte Stoffwechselstörung auf

07.01.2026, Universität Leipzig

Der herkömmliche Body-Mass-Index aus Körpergröße und Gewicht zeigt zwar Übergewicht an, erfasst jedoch nicht, wie gesund oder krank das Körperfett wirklich ist. Bis zu 30 Prozent der Menschen gelten laut BMI als normalgewichtig, zeigen aber bereits gefährliche Veränderungen des Stoffwechsels. Umgekehrt gibt es Personen mit erhöhtem BMI, deren Stoffwechsel weitgehend unauffällig bleibt. Diese Diskrepanz kann dazu führen, dass Risikopatient*innen zu spät erkannt und behandelt werden.

Für die aktuelle wissenschaftliche Arbeit nutzte das internationale Forschungsteam Daten von zwei großen schwedischen Bevölkerungsstudien mit insgesamt fast 2.000 Teilnehmer*innen. Neben klassischen Gesundheits- und Lebensstilmerkmalen wurden umfangreiche Laborwerte aus dem Blut

und dem Darmmikrobiom erhoben. Auf dieser Grundlage entwickelten die Forscher*innen ein Rechenmodell, das den metabolischen BMI vorhersagt. „Unser metabolischer BMI deckt eine versteckte Stoffwechselstörung auf, die auf der Waage nicht immer sichtbar ist. Zwei Menschen mit dem gleichen BMI können je nach Funktion ihres Stoffwechsels und ihres Fettgewebes völlig unterschiedliche Risikoprofile aufweisen“, sagt Dr. Rima Chakaroun, Forscherin der Universitätsmedizin Leipzig und Erstautorin der Studie. Während eines Gastaufenthalts an der Universität Göteborg leitete sie mit Prof. Fredrik Bäckhed diese wissenschaftliche Arbeit.

Zusammenhang mit Darmbakterien

Die Ergebnisse zeigen, dass ein unerwartet hoher metabolischer BMI (metBMI) mit einem bis fünfmal höheren Risiko für eine Reihe von Krankheiten und Beschwerden verbunden ist: Fettleber, Diabetes, Fettansammlung um die inneren Organe, Insulinresistenz. Zudem verloren Menschen mit hohem metBMI 30 Prozent weniger Gewicht nach sogenannten bariatrischen Operationen, also Eingriffen an Magen und Darm, die eine nachhaltige Gewichtsreduktion bewirken. Diese Patient*innen wurden am Universitätsklinikum Leipzig operiert, dadurch konnten für die Studie umfassende Daten gewonnen werden.

Ein wichtiger Befund der Forschungsarbeit war die enge Beziehung zwischen dem metabolischen Profil und der Zusammensetzung der Bakterien im Darm. Menschen mit höherem metBMI hatten eine geringere bakterielle Vielfalt und ein vermindertes Potenzial ihrer Darmflora, Ballaststoffe in gesundheitsfördernde Fettsäuren wie Buttersäure umzuwandeln. Die Studie hebt auch hervor, dass genetische Faktoren für den metBMI weniger wichtig sind als der Lebensstil und die Umwelt.

Der von den Forscher*innen entwickelte metabolische BMI basiert auf umfassenden Messungen von hunderten kleinen Molekülen im Blut, die den Zellstoffwechsel widerspiegeln. Aus ursprünglich über 1.000 analysierten Stoffwechselprodukten ließ sich ein reduziertes Panel aus nur 66 Metaboliten iden-



tifizieren, das nahezu die gleiche Aussagekraft be-
hält. Diese Moleküle reflektieren vor allem den
engen Austausch zwischen körpereigenem Stoff-
wechsel und Darmbakterien.

Bedeutung für die Medizin der Zukunft

„Der traditionelle BMI übersieht oft Menschen, die
normalgewichtig sind, aber ein hohes Stoffwech-
selrisiko haben. Der metBMI kann zu einer faireren
und genaueren Einschätzung des Krankheitsrisikos
beitragen“, sagt Dr. Chakaroun. Somit kann das
Modell helfen, Betroffene früher zu identifizieren,
die Auswahl für chirurgische oder medikamentöse
Interventionen zu präzisieren und therapeutische
Entscheidungen zu personalisieren. Künftig sollen
die Modelle weiter verbessert werden, indem dyna-
mische Marker zur Insulinsekretion berücksichtigt
und experimentelle Studien zur Darmmikrobiom-
Metaboliten-Achse gestartet werden.

*Hinweis: Dieser Artikel wurde von der Dr. Rainer
Wild-Stiftung gekürzt und enthält unveränderte
Auszüge aus dem Originalbeitrag. Der Original-
beitrag/Quelle ist zu finden unter [https://idw-on-
line.de/de/news864014](https://idw-online.de/de/news864014).*

Mikrobiell gebildete sekundäre Gallensäuren beschleunigen Dickdarmkrebsentstehung

12.01.2026, Deutsches Institut für Ernährungsforschung
Potsdam-Rehbrücke (DIfE)

Dickdarmkrebs zählt zu den tödlichsten
Krebsarten weltweit. Die Ursachen sind
teilweise genetisch, aber hauptsächlich
durch Umwelt- und Lebensstilfaktoren bedingt. So
steht die sogenannte westliche Ernährung, die reich
an Fett und Fleisch und arm an Ballaststoffen ist, in
Zusammenhang mit der Entwicklung des kolorek-
talen Karzinoms (KRK). Diese Ernährungsweise
beeinflusst auch das Darmmikrobiom. Insbeson-
dere Nahrungsfette stimulieren die Produktion von
sekundären Gallensäuren durch Darmbakterien mit
7-alpha-Deshydroxylierungs-Aktivität (7 α DH-po-
sitive Bakterien). Die dabei entstehende Desoxy-
cholsäure (DCA) ist die am häufigsten vorkom-
mende sekundäre Gallensäure, von der schon lange

bekannt ist, dass erhöhte Konzentrationen das
Dickdarmkrebsrisiko steigern können. Kausale Zu-
sammenhänge und mögliche zugrundeliegende
Mechanismen waren bisher jedoch unbekannt und
mangels guter Modelle wenig untersucht.

Spezialisiertes Ernährungsteam

Um eine ursächliche Rolle von 7 α DH-positiven
Bakterien bei Dickdarmkrebs belegen zu können,
konzipierten DIfE-Forscher*innen in Zusammen-
arbeit mit dem Collaborative Lab „Westernization
of Diet and the Gut“ (WESTGUT), ZIEL - Institute
for Food & Health der Technischen Universität
München und der Arbeitsgruppe Functional Micro-
biome, Institute of Medical Microbiology der Uni-
klinik RWTH Aachen Studien, welche die physio-
logischen Bedingungen eines Menschen so nah wie
möglich imitierten und sicherstellten, dass die
DCA-Produktion nicht durch den Futterzusatz,
sondern ausschließlich durch 7 α DH-positive
Darmbakterien erfolgte.

Einsatz multidimensionaler Modelle

Das Forscherteam prüfte seine Hypothesen sowohl
in Tiermodellen als auch in humanen Dickdarm-
krebskohorten. So konnten sie im genetisch verän-
derten Schweinmodell (APC1311/+) - welches
Polypen im Dickdarm entwickelt - zeigen, dass
eine westliche Ernährung die experimentell indu-
zierte Dickdarntumorgenese verschlimmerte.

Dr. Sören Ocvirk, Leiter der Gnotobiologie am
DIfE ergänzt: „Wir beobachteten außerdem, dass
die erhöhte Proliferation von Epithelzellen mit er-
höhten Spiegeln von fäkalen sekundären Gallen-
säuren, insbesondere DCA, verbunden war. Diesen
Zusammenhang konnten wir bei Schweinen durch
Colestyramin-Verabreichung umkehren und damit
demonstrieren, dass das Binden von
Gallensäuren das Tumorstadium verringern
kann.“

Die gezielte Besiedlung von gnotobiotischen, d. h.
keimfreien Mäusestämmen mit spezifischen 7 α DH-
positiven Bakterien induzierte die DCA-Produk-
tion. Das stimulierte ebenfalls das schnelle Wachs-
tum bzw. die Vermehrung von Epithelzellen



im Dickdarm, gemessen anhand des Proliferationsmarkers Ki67, und veränderte die Expression von Genen, die an der Epithelzell-Differenzierung beteiligt sind.

„Wir konnten in mehreren gnotobiotischen KRK-Modellen zeigen, dass 7 α DH-positive Bakterien die Tumorlast im Dickdarm der Tiere erhöhen, während dieser Effekt ausblieb, wenn 7 α DH-positive Darmbakterien durch eine genetische Modifikation kein DCA bilden konnten. Dies beweist im Tiermodell eine kausale Rolle von bakteriell gebildeten sekundären Gallensäuren bei der Pathogenese des kolorektalen Karzinoms“, erläutert Erstautorin Annika Oßwald vom DIFE die Ergebnisse der experimentellen Studien am Mausmodell.

Bestätigung experimenteller Ergebnisse anhand unterschiedlicher Kohorten

In Stuhlproben von Teilnehmenden bereits vorhandener Dickdarmkrebskohorten konnten die Forschenden schließlich zeigen, dass Patient*innen mit Dickdarmkrebs im Vergleich zu gesunden Kontrollpersonen mehr 7 α DH-positive Darmbakterien, wie z. B. Clostridium scindens, aufweisen. Die Wissenschaftler*innen schlussfolgern, dass die spezifische Detektion dieser Bakterienarten im menschlichen Stuhl helfen kann, Personen mit einem erhöhten KRK-Risiko aufgrund einer ungesunden Ernährung und Lebensweise frühzeitig zu identifizieren. Die Einführung personalisierter Ernährungsinterventionen für diese Personengruppe wiederum könnte helfen, die Produktion sekundärer Gallensäuren zu reduzieren.

Ocvirk fasst die Studienergebnisse so zusammen: „Unsere Ergebnisse zeigen, wie sehr eine westliche fettreiche Ernährung und die damit verbundenen Veränderungen im Dickdarmmikrobiom die menschliche Darmgesundheit langfristig beeinflussen können“.

Zukünftige Studien sollten die zugrundeliegenden Mechanismen weiter untersuchen, um neue Präventions- und Therapieansätze zu finden. So sollten z. B. zusätzliche 7 α DH-positive Bakterien-Isolate

aus unterschiedlichen Populationen mit unterschiedlicher Ernährung identifiziert, isoliert und untersucht werden, um den Einfluss der Ernährung auf das Darmmikrobiom weiter aufzuklären.

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/news864146>.

HERAUSGEBER



Dr. Rainer Wild-Stiftung

Mittelgewannweg 10

69123 Heidelberg

Tel: 06221 7511 200

E-Mail: info@gesunde-ernaehrung.org

Web: www.gesunde-ernaehrung.org

[LinkedIn](#)

INFORMATIONSQLLE



idw – Informationsdienst Wissenschaft

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

© Dr. Rainer Wild-Stiftung, 2026