



Struktur von Ballaststoffen und Mikrobiota: Was die Übersichtsarbeit von Feng zeigt

Dr. A. Colonnese¹, R. Panzironi²

¹ Nutrition Biologist, Latina, Italy

² Independent Researcher, Latina, Italy

1. ABSTRACT

Die Übersichtsarbeit untersucht, warum der Begriff Ballaststoffe sehr unterschiedliche pflanzliche Substanzen umfasst. Der Kernpunkt ist, dass die chemische Zusammensetzung, die physikalische Form und die Art und Weise, wie ein Ballaststoff Wasser bindet, seinen Verdauungsweg und den Kontakt mit Darmmikroorganismen verändern können. Die Autoren fassen Studien zu Ballaststoffen von der molekularen Ebene bis hin zur Ebene des Lebensmittels zusammen. Sie beschreiben, wie die Art der Zucker, aus denen der Ballaststoff besteht, chemische Bindungen, Verzweigungen, Kristallinität, Porosität und Partikelgröße die Zugänglichkeit für Darmbakterien beeinflussen können. Ein leichter zugänglicher Ballaststoff kann einfacher fermentiert werden; eine kompaktere Struktur oder eine, die in der pflanzlichen Matrix eingeschlossen ist, kann diesen Prozess hingegen verlangsamen. Die Übersichtsarbeit befasst sich auch mit Instrumenten zur Charakterisierung dieser Eigenschaften, wie etwa der Röntgendiffraktion, die zur Bewertung der kristallinen Ordnung nützlich ist, und Gasadsorptionsverfahren, die zur Bestimmung von Oberfläche und Poren dienen. Zudem wird erörtert, wie Mahlen, Extrusion, enzymatische Behandlungen und andere Verarbeitungsmethoden Struktur, Löslichkeit und Fermentierbarkeit verändern können. Die biologische Botschaft lautet, dass es nicht ausreicht, einen Ballaststoff als löslich oder unlöslich zu klassifizieren, um sein Verhalten vorherzusagen. Es handelt sich jedoch um eine narrative Übersichtsarbeit: Sie integriert Ergebnisse aus Studien mit Menschen, Tieren und Labormodellen, ohne ein neues klinisches Experiment durchzuführen oder zu beweisen, dass eine bestimmte Veränderung der Mikrobiota die Gesundheit verbessert.

VIDEO ARTICLE



ARTICLE INFORMATION

Received: October 25, 2026

Revised: October 25, 2026

Accepted: October 25, 2026

Published: October 2026

DOI 10.5281/zenodo.placeholder

KEYWORDS

struttura delle fibre e microbiota intestinale
proprietà fisiche delle fibre
fermentazione delle fibre
matrice alimentare vegetale
fibre viscosi e non viscosi
struttura chimica delle fibre

MISSION

LIFE Science Hub – Journal of Science entstand mit dem Ziel, wissenschaftliches Wissen zugänglich zu machen, ohne auf methodische Strenge, Qualität der Quellen und Verlässlichkeit der Inhalte zu verzichten. Die Zeitschrift fördert die Verbreitung von Wissen in den Gesundheits-, Ernährungs-, Medizin- und Langlebigkeitswissenschaften und schlägt so eine Brücke zwischen der Welt der Forschung und der Gesellschaft.

Durch Artikel, Übersichtsarbeiten, vertiefende Beiträge und Expertenbeiträge stärkt das Journal die evidenzbasierte Medizin und Wissenschaft, fördert eine korrekte Interpretation wissenschaftlicher Daten und tritt Fehlinformationen entgegen. Jeder Inhalt wird mit dem Ziel entwickelt, die Komplexität der Forschung in verständliche, nützliche und anwendbare Informationen zu übersetzen, wobei die Grundsätze von Genauigkeit, Transparenz und wissenschaftlicher Unabhängigkeit unangetastet bleiben.

Frei von politischen, industriellen und kommerziellen Einflüssen versteht sich die Zeitschrift als maßgeblicher und unabhängiger redaktioneller Raum, der der Förderung der wissenschaftlichen Kultur, der beruflichen Weiterbildung und dem Wachstum des Gesundheitsbewusstseins in der Bevölkerung gewidmet ist.



2. WAS DIESE UNTERSUCHUNG ANALYSIERT HAT

Für den Organismus sind Ballaststoffe kein einheitliches Material: Einige bilden dichte Lösungen, andere bleiben weitgehend intakt und wieder andere werden von den Mikroorganismen im Dickdarm schnell verwertet. Feng und Kollegen analysierten im Jahr 2025 diese Variabilität und verknüpften die Struktur der Ballaststoffe mit ihrem Verhalten während der Verdauung und Fermentation. Die Publikation unterscheidet zwischen molekularen Eigenschaften, wie den Monosacchariden, aus denen der Ballaststoff besteht, und deren Bindungen, sowie physikalischen Merkmalen wie Kristallinität, Porosität, exponierter Oberfläche und Partikelgröße. Sie untersucht zudem die Lebensmittelmatrix, also die Architektur des pflanzlichen Gewebes, die einen Ballaststoff für Enzyme und Bakterien mehr oder weniger zugänglich machen kann. Abschließend werden Charakterisierungstechniken und Verarbeitungsmethoden beschrieben, die diese Eigenschaften verändern können. Dies schafft die Grundlage, um die Ergebnisse präziser einordnen zu können.

3. WELCHE ERGEBNISSE GEHEN AUS DER STUDIE HERVOR

Das Hauptergebnis ist, dass strukturelle Eigenschaften erklären können, warum zwei Ballaststoffe mit derselben allgemeinen Bezeichnung unterschiedliche Wege nehmen können. Eine weniger zugängliche Struktur kann den Abbau verlangsamen; eine exponiertere oder weniger kompakte Struktur kann den Kontakt mit mikrobiellen Enzymen und damit die Fermentation im Dickdarm begünstigen. Die Autoren betonen, dass Löslichkeit, Viskosität und Fermentierbarkeit zwar miteinander verbundene, aber nicht gleichbedeutende Eigenschaften sind. Die Viskosität gibt an, wie stark ein Ballaststoff eine Flüssigkeit eindickt; die Fermentierbarkeit hingegen gibt an, wie gut das Mikrobiom ihn verwerten kann. Kristallinität und chemische Vernetzung können den Zugang zum Ballaststoff einschränken, während Poren, Verzweigungen und eine Verringerung der Partikelgröße diesen erleichtern können. Die praktische Bedeutung ist mechanistischer Natur: Diese Elemente können die von den Bakterien

produzierten Metaboliten beeinflussen, sie belegen jedoch keinen automatischen klinischen Nutzen.

4. WARUM DIESE STUDIE RELEVANT IST

Diese Übersicht ist relevant, da sie eine häufige Vereinfachung vermeidet: alle Ballaststoffe so zu behandeln, als würden sie die gleiche Darmreaktion hervorrufen. Stattdessen wird vorgeschlagen, die Zusammensetzung, die physikalische Struktur, die Verarbeitung und das Ausgangsmikrobiom gemeinsam zu betrachten. Dieser Rahmen hilft auch dabei, experimentelle Ergebnisse zu interpretieren. Wenn sich die Struktur des Ballaststoffs ändert, können sich auch die Bakterien, die ihn verwerten können, sowie die kurzkettigen Fettsäuren, die während der Fermentation entstehen, verändern. Eine mikrobielle Veränderung ist jedoch an sich weder ein prognostischer Biomarker, also ein Indikator für den zukünftigen Krankheitsverlauf, noch ein prädiktiver Biomarker, also ein Indikator für das Ansprechen auf eine Behandlung. Es bedarf gezielter klinischer Studien, um diese Schritte mit gesundheitlichen Ergebnissen zu verknüpfen.

5. GRENZEN DER STUDIE UND WAS SIE NICHT BEWEIST

Feng und Kollegen haben im Jahr 2025 weder den Teilnehmern Ballaststoffe zugewiesen noch klinische Ergebnisse gemessen. Die Publikation ist eine narrative Übersichtsarbeit und fasst Belege mit unterschiedlichen Studiendesigns, Dosierungen, Lebensmitteln, Tierarten und Laborbedingungen zusammen. Daher schätzt sie weder einen durchschnittlichen Effekt noch einen eindeutigen Kausalzusammenhang ab. Sie beweist nicht, dass eine Veränderung der Porosität, Kristallinität oder Verzweigung die Gesundheit bei allen Menschen verbessert. Sie legt nicht fest, welcher Ballaststoff absolut gesehen der beste ist, und erlaubt es nicht, Daten, die im Reagenzglas, an Tieren oder mit isolierten Ballaststoffen gewonnen wurden, direkt auf ein ganzes pflanzliches Lebensmittel zu übertragen. Auch das ursprüngliche Mikrobiom, die allgemeine Ernährung und die Dosis können die Reaktion beeinflussen. Unabhängige Belege verdeutlichen, wie fundiert die Darstellung ist und inwieweit sie vom Kontext abhängt.



6. UNABHÄNGIGE BESTÄTIGUNGSNACHWEISE

Eine randomisierte klinische Studie von Deehan und Kollegen verglich drei resistente Stärken des Typs 4, also Stärken, die modifiziert wurden, um der Verdauung zu widerstehen. Bei gesunden Erwachsenen führten geringfügige strukturelle Unterschiede zu deutlichen Veränderungen des Mikrobioms sowie zu einer relativen Prävalenz von Propionat oder Butyrat; die dominierenden Effekte nahmen mit der Dosis bis zu einem Plateau bei 35 g pro Tag zu [1]. Der bestätigte Ablauf lautet: Faserstruktur selektive Nutzung durch Bakterien Fermentationsprofil. Die Bestätigung ist für diese drei Inhaltsstoffe direkt und relativ stark, entspricht jedoch keinem Nachweis für alle Ballaststoffe oder klinische Ergebnisse. In einem Fermentationsmodell mit fäkalem Mikrobiom verschiedener Probanden beobachteten Cantu-Jungles und Kollegen, dass komplexere Ballaststoffe, die nur von wenigen Bakterien genutzt werden, bei verschiedenen Spendern zu ähnlicheren Reaktionen führten als Ballaststoffe mit geringer Spezifität [2]. Bei unlöslichem Beta-Glucan stieg der Anteil von Anaerostipes im Durchschnitt von 0,3 % auf 16,5 % und der von Bacteroides uniformis von 2,5 % auf 17,9 %; die Schwankungen waren mit den Verhältnissen von Butyrat und Propionat assoziiert. Die Bestätigung für das Prinzip der Selektivität ist direkt, das Modell bildet jedoch nicht den menschlichen Organismus ab. Jensen und Kollegen fermentierten 55 Ballaststoffe über 72 Stunden mit einem gepoolten fäkalen Inokulum von Katzen. Die Zusammensetzung der Monosaccharide war mit dem End-pH-Wert, kurzkettigen Fettsäuren und der mikrobiellen Gemeinschaft assoziiert [3]. Dies stützt den Ablauf chemische Zusammensetzung Fermentation, stellt jedoch eine indirekte Bestätigung dar, da es sich um ein In-vitro-System und ein nicht-menschliches Mikrobiom handelt.

7. WIDERSPRÜCHLICHE BELEGE

Die Nachweise deuten nicht darauf hin, dass die Faserstruktur allein eine vorhersehbare Reaktion bestimmt. In einer Crossover-Studie an 76 gesunden Erwachsenen, von denen 59 Teilnehmer das Protokoll abschlossen, verglichen Devarakonda und Kollegen

resistente Stärke vom Typ 2, Typ 4 und verdauliche Stärke über jeweils zehn Tage. Das Ausgangsmikrobiom, die gewohnheitsmäßige Ballaststoffaufnahme und die Reihenfolge der Interventionen trugen dazu bei, einige Reaktionen vorherzusagen; zudem stiegen die Konzentrationen kurzkettiger Fettsäuren bei verdaulicher Stärke stärker an [4]. Dies schränkt die Verallgemeinerbarkeit eines linearen Zusammenhangs zwischen Struktur und Metaboliten ein, ohne ihn jedoch zu widerlegen. Moncada und Kollegen verglichen zudem 16 Ballaststoffe in einer In-vitro-Fermentation mit gesundem Mikrobiom sowie vier Ballaststoffe mit einem Mikrobiom, das mit Colitis ulcerosa assoziiert war. Im zweiten Fall waren die Fermentation, die Gasbildung und die kurzkettigen Fettsäuren bei allen vier ausgewählten Ballaststoffen geringer [5]. Dieser Befund deutet darauf hin, dass die ursprüngliche mikrobielle Gemeinschaft den erwarteten Effekt der Struktur begrenzen kann. Diese Einschränkung ist relevant: Der Vergleich mit Colitis ulcerosa stammte von nur einem Spender. Es wurden keine direkt widersprüchlichen Belege identifiziert, die über diese kontextuellen Bedingungen hinaus ausreichend relevant wären; dies beweist jedoch nicht das Fehlen gegenteiliger Ergebnisse.



8. QUADRO COMPARATIVO E SINTESI DELLE EVIDENZE

Die folgenden Publikationen bewerten, inwieweit Faserstruktur, Ausgangsmikrobiom und Versuchsmodell zur Fermentation beitragen.

Quadro comparativo

Publikation	Modell und Stichprobengröße	Hauptergebnis	Bezug zur Studie
Deehan et al., 2020 [1]	RCT, gesunde Erwachsene; Stichprobengröße in der geprüften Quelle nicht verfügbar	Drei strukturell unterschiedliche resistente Stärken führten zu verschiedenen mikrobiellen und metabolischen Profilen.	Direkte Bestätigung am Menschen, beschränkt auf spezifische modifizierte Stärken.
Cantu-Jungles et al., 2021 [2]	In-vitro-Fermentation mit fäkalen Inokula verschiedener Spender	Spezifischere Ballaststoffe induzierten konsistentere mikrobielle Veränderungen zwischen den Spendern.	Direkte Bestätigung der Rolle der Komplexität, jedoch ohne Exposition im Organismus.
Jensen et al., 2024 [3]	In-vitro-Bioreaktoren; 55 Ballaststoffe, gepooltes fäkales Inokulum von Katzen	Die Monosaccharide der Ballaststoffe waren mit Fermentation, pH-Wert und mikrobieller Gemeinschaft assoziiert.	Indirekte Bestätigung des Zusammenhangs zwischen Zusammensetzung und mikrobieller Reaktion.
Devarakonda et al., 2024 [4]	Human-Crossover-Studie; 76 Teilnehmer, 59 Studienabschlüsse	Die Reaktion auf resistente Stärken variierte je nach Ausgangsmikrobiota, Ernährung und Reihenfolge der Interventionen.	Kontextuelle Evidenz: Die Struktur allein reicht nicht aus, um jede Reaktion vorherzusagen.
Moncada et al., 2024 [5]	In-vitro-Fermentation; 16 Ballaststoffe, Vergleich mit Mikrobiota bei Colitis ulcerosa	Dysbiose und Ballaststoffeigenschaften reduzierten Fermentation und Metaboliten bei den vier getesteten Ballaststoffen.	Kontextuelle Evidenz, begrenzt durch den einzelnen Spender mit Colitis ulcerosa.

9. SINTESI EDITORIALE E CONCLUSIONI

REDAKTIONELLES FAZIT

Die Übersichtsarbeit von Feng und Kollegen zeigt, dass Ballaststoffe als eine Familie unterschiedlicher Strukturen und nicht als einheitlicher Inhaltsstoff betrachtet werden müssen. Die Zusammensetzung der Monosaccharide, chemische Bindungen, Verzweigungen, Porosität, Kristallinität, Partikelgröße und die pflanzliche Matrix können beeinflussen, wie zugänglich ein Ballaststoff für das Mikrobiota ist. Unabhängige Studien stützen diesen Ansatz: Strukturell unterschiedliche Ballaststoffe können verschiedene mikrobielle Gemeinschaften und Fermentationsprofile selektieren. Die vorliegenden Belege deuten jedoch auch auf eine starke

Kontextabhängigkeit hin. Das ursprüngliche Mikrobiota, die Dosis, das ballaststoffhaltige Lebensmittel und das Versuchsmodell können die Reaktion verändern. Die solidesten Ergebnisse betreffen Fermentationsmechanismen und mikrobiologische Veränderungen, nicht jedoch die Prävention oder Behandlung von Krankheiten. Für den Leser ist die Botschaft daher vorsichtig: Die Unterscheidung zwischen löslich und unlöslich bleibt zwar nützlich, reicht aber nicht aus, um die Wirkung eines Ballaststoffs im Darm zu beschreiben. Zukünftige Forschung muss diese Eigenschaften mit messbaren klinischen Ergebnissen verknüpfen.

Aggiornato al 25/10/2026. Questo contenuto riflette una sintesi divulgativa delle evidenze scientifiche al momento della pubblicazione e non sostituisce il parere medico.



10. TRANSPARENZ UND WISSENSCHAFTLICHE VERANTWORTUNG

Künstliche Intelligenz wurde ausschließlich als Hilfsmittel zur redaktionellen und dokumentarischen Unterstützung eingesetzt. Sämtliche Inhalte, Interpretationen, Literaturangaben und Schlussfolgerungen wurden vom Autor geprüft, überarbeitet und freigegeben, der die volle wissenschaftliche Verantwortung dafür übernimmt.

Das Manuskript wurde zudem vor der Veröffentlichung einem unabhängigen Peer-Review-Verfahren unterzogen.

Um größtmögliche Transparenz zu gewährleisten, ist die vollständige Chronologie des Artikels, einschließlich der Daten von Einreichung, Überarbeitung, Annahme und Veröffentlichung sowie der Angaben zum Peer-Review-Verfahren, auf der eigenen Seite zur Artikelhistorie verfügbar.

11. RIFERIMENTI BIBLIOGRAFICI

- [1] **Precision Microbiome Modulation with Discrete Dietary Fiber Structures Directs Short-Chain Fatty Acid Production**
Deehan et al., 2020
Cell Host & Microbe
DOI: <https://doi.org/10.1016/j.chom.2020.01.006>
- [2] **Dietary Fiber Hierarchical Specificity: the Missing Link for Predictable and Strong Shifts in Gut Bacterial Communities**
Cantu-Jungles et al., 2021
mBio
DOI: <https://doi.org/10.1128/mbio.01028-21>
- [3] **Dietary fiber monosaccharide content alters gut microbiome composition and fermentation**
Jensen et al., 2024
Applied and Environmental Microbiology
DOI: <https://doi.org/10.1128/aem.00964-24>
- [4] **Gut microbial features and dietary fiber intake predict gut microbiota response to resistant starch supplementation**
Devarakonda et al., 2024
Gut Microbes
DOI: <https://doi.org/10.1080/19490976.2024.2367301>

- [5] **Dietary Fiber's Physicochemical Properties and Gut Bacterial Dysbiosis Determine Fiber Metabolism in the Gut**
Moncada et al., 2024
Nutrients
DOI: <https://doi.org/10.3390/nu16152446>