



Hochschule für Angewandte Wissenschaften Hamburg
Fakultät Life Science

Eine Literaturrecherche über die Auswirkung ultra-verarbeiteter Lebensmittel und ihrer Zusatzstoffe auf die bakterielle Diversität und mikrobielle Dysbiose im Darmmikrobiom von Kindern und Jugendlichen

Bachelorarbeit
im Department Ökotrophologie

vorgelegt von

Esra Geyik



Hamburg, 17.09.2025

Erstgutachterin:

Prof. Dr. Nina Riedel (HAW Hamburg)

Zweitgutachterin:

Prof. Dr. Annegret Flothow (HAW Hamburg)

Inhaltsverzeichnis

Abkürzungsverzeichnis.....	IV
Abbildungsverzeichnis.....	V
Tabellenverzeichnis	V
Zusammenfassung.....	1
Abstract	2
1 Einleitung	3
2 Hintergrund	5
2.1 Ultra-Processed Foods (UPFs).....	5
2.1.1 Definition und Klassifikation nach NOVA.....	5
2.1.2 Zusammensetzung typischer UPFs	6
2.1.3 Zusatzstoffe in UPFs	7
2.1.4 Verzehrsmuster bei Kindern und Jugendlichen.....	8
2.2 Das Darmmikrobiom im Kindes- und Jugendalter	10
2.2.1 Mikrobiota: Zusammensetzung, Diversitätsmaße und Methoden der Mikrobiomanalyse	10
2.2.2 Entwicklung und Reifung des Mikrobioms	12
2.2.3 Funktionelle Bedeutung des Mikrobioms	13
2.2.4 Einflussfaktoren auf die Mikrobiota- Zusammensetzung.....	14
2.3 Ernährung und Mikrobiominteraktion	16
2.3.1 Ernährungsmuster und mikrobielle Zusammensetzung.....	16
2.3.2 UPFs und deren Einfluss auf die mikrobielle Zusammensetzung	17
2.3.3 Gesundheitliche Konsequenzen einer mikrobiellen Dysbiose im Kindesalter	18
3 Methode	20
4 Ergebnisse	23
4.1 Übersicht der eingeschlossenen Studien (PICOR-Schema).....	24
4.2 Ergebnisse aus Studien zum UPF-Konsum bei Kindern und Jugendlichen	26
4.3 Ergebnisse zu Interventionen mit Säuglingsnahrungen/ Zusatzstoffen	28

5	Diskussion.....	31
5.1	Diskussion der Ergebnisse der eingeschlossenen Studien.....	31
5.2	Diskussion der Methodik der eingeschlossenen Studien.....	35
5.3	Diskussion der Methodik dieser Arbeit	36
6	Fazit und Ausblick	38
	Literaturverzeichnis	39
	Anhang.....	44
	Eidesstaatliche Erklärung.....	51

Abkürzungsverzeichnis

16S-rRNA	16S Ribonukleinsäure
db-RDA	Distance-based Redundancy Analysis
FDR	False Discovery Rate
FFQ	Food Frequency Questionnaire
UniFrac	unique fraction metric
GOS	Galacto-Oligosaccharide
KIDMED	mediterranean Diet Quality Index for children and adolescents
MD	Mediterranean Diet (mediterrane Ernährung)
MINA	Maternal and Infant Nutrition Assessment
MSG	Mononatriumglutamat
Pelotas	Pelotas Birth Cohort Study
PERMANOVA	Permutational Multivariate Analysis of Variance
PICOR	Population Intervention Cotrol Outcome Result
PRISMA	Preferred Reporting Items for Systematic Reviews and Meta-Analyses
SCFA	short-chain fatty acids (kurzkettige Fettsäuren)
SQ-HPF	Screening Questionnaire for Highly Processed Food consumption
UPF	Ultra-Processed Food (ultra-verarbeitete Lebensmittel)
zOTUs	Zero-radius Operational Taxonomic Units

Abbildungsverzeichnis

Abbildung 1: PRISMA-Flow-Chart zur Darstellung des Auswahlprozesses der eingeschlossenen Studien im Rahmen der systematischen Literaturrecherche	22
--	----

Tabellenverzeichnis

Tabelle 1: Ein- und Ausschlusskriterien der systematischen Literaturrecherche	21
Tabelle 2: PICOR-Tabelle der eingeschlossenen Studien aus der systematischen Literaturrecherche	24
Tabelle 3: PICOR-Tabelle der eingeschlossenen Studien zu Interventionen mit Säuglingsnahrung und Zusatzstoffe und das kindliche Mikrobiom.....	25
Tabelle 4: Übersicht der verwendeten Suchstrings für die systematische Literaturrecherche in der Datenbank PubMed.....	44
Tabelle 5: Übersicht der verwendeten Suchstrings für die systematische Literaturrecherche in der Datenbank ScienceDirect.....	47
Tabelle 6: Übersicht der verwendeten Suchstrings für die systematische Literaturrecherche in der Datenbank SpringerLink.....	49
Tabelle 7: Übersicht der verwendeten Suchstrings für die systematische Literaturrecherche in der Datenbank BASE.....	50

Zusammenfassung

Ultra-verarbeitete Lebensmittel (UPF, ultra-processed food) gewinnen im Ernährungsalltag von Kindern und Jugendlichen an Umfang. Unter anderem aus diesem Grund wächst das Interesse am kindlichen Darmmikrobiom, dem eine Funktion in der Gesundheit und Entwicklung zukommt. Vor diesem Hintergrund zielt die vorliegende Arbeit davon ab, den Einfluss von UPF und deren Zusatzstoffen auf die bakterielle Diversität und mikrobielle Dysbiose im Kindes- und Jugendalter zu untersuchen.

Die Untersuchung erfolgt auf Basis einer systematischen Literaturrecherche nach der Preferred Reporting Items for Systematic Reviews and Meta-Analyses (PRISMA)-2020-Leitlinien. Eingeschlossen wurden ausschließlich peer-reviewte Humanstudien mit gesunden Kindern und Jugendlichen im Alter von 0–18 Jahren. Die Recherche wurde in den Datenbanken PubMed, ScienceDirect, Springer-Link und BASE durchgeführt. Nach Anwendung der definierten Ein- und Ausschlusskriterien wurden insgesamt fünf Studien in die Analyse eingeschlossen.

Die Ergebnisse zeigen, dass ein hoher UPF-Konsum mit einer veränderten mikrobiellen Zusammensetzung verbunden ist, die Merkmale einer Dysbiose aufweist. In mehreren Studien wurde eine reduzierte α -Diversität und veränderte β -Diversität festgestellt, begleitet von einer Verschiebung hin zu weniger vorteilhaften Taxa sowie einem Rückgang bifidobakterienreicher Profile. Interventionsstudien zu Säuglingsnahrung verdeutlichten zudem die protektive Rolle des Stillens, während Placebogruppen mit UPF-Nahrungsmitteln weniger günstige mikrobielle Muster aufwiesen.

Insgesamt legen die vorliegenden Befunde nahe, dass UPF das kindliche Mikrobiom ungünstig beeinflussen können. Gleichzeitig besteht ein erheblicher Forschungsbedarf, insbesondere hinsichtlich der isolierten Auswirkung typischer Zusatzstoffe. Die Resultate dieser Untersuchung dienen als Ausgangspunkt für weiterführende Forschungen und betonen, wie wichtig es ist, sich kritisch mit UPF in der kindlichen Ernährung auseinanderzusetzen.

Abstract

Ultra-processed foods (UPF) are becoming increasingly prevalent in the everyday diets of children and adolescents. This is one of the reasons why there is growing interest in the gut microbiome in children, which plays a role in health and development. Against this background, the present study aims to investigate the influence of UPF and their additives on bacterial diversity and microbial dysbiosis in children and adolescents.

The investigation is based on a systematic literature review according to the PRISMA 2020 guidelines. Only peer-reviewed human studies with healthy children and adolescents aged 0–18 years were included. The search was conducted in the PubMed, ScienceDirect, SpringerLink and BASE databases. After applying the defined inclusion and exclusion criteria, a total of five studies were included in the analysis.

The results show that high UPF consumption is associated with an altered microbial composition that exhibits characteristics of dysbiosis. Several studies found reduced α -diversity and altered β -diversity, accompanied by a shift towards less beneficial taxa and a decline in bifidobacteria-rich profiles. Intervention studies on infant formula also highlighted the protective role of breastfeeding, while placebo groups fed UPF foods exhibited less favourable microbial patterns.

Overall, the available findings suggest that UPF can have an unfavourable effect on the infant microbiome. At the same time, there is a considerable need for further research, particularly about the isolated effects of typical additives. The results of this study serve as a starting point for further research and emphasise the importance of critically examining UPF in pediatric nutrition.

1 Einleitung

Der Konsum von industriell hergestellten und stark verarbeiteten Lebensmitteln nimmt in modernen Gesellschaften nach wie vor zu. Nicht zuletzt für Kinder und Jugendliche sind UPF ein fester Bestandteil des Ernährungsalltags geworden (Petridi et al., 2025). Dazu zählen Produkte wie Süßwaren, gesüßte Getränke, Snacks oder sonstige Fertigprodukte (Monteiro et al., 2010). Diese Lebensmittel zeichnen sich durch einen hohen Verarbeitungsgrad, zahlreiche Zusatzstoffe und eine veränderte Nährstoffzusammensetzung aus. Ihr Verarbeitungsgrad wird sowohl aus ernährungsphysiologischer als auch aus gesundheitlicher Perspektive kritisch diskutiert, da ein hoher UPF-Konsum mit einer unausgewogenen Nährstoffzufuhr und potenziell negativen gesundheitlichen Folgen verbunden ist (Moubarac et al., 2016).

Darum oder gleichwohl hat das Darmmikrobiom in den vergangenen Jahren zunehmend an wissenschaftlicher Aufmerksamkeit gewonnen. Es gilt als Regulationsorgan, das entscheidend zur Aufrechterhaltung zahlreicher physiologischer Prozesse beiträgt. Dazu gehören die Verdauung von Nahrungsbestandteilen, die Synthese von Metaboliten wie kurzkettige Fettsäuren (SCFA, short-chain fatty acids) sowie die Entwicklung und Modulation des Immunsystems (Stallmach & Vehreschild, 2016). Ein gesundes, vielfältiges und dynamisches Mikrobiom gilt als ein wesentlicher Faktor für die Gesamtgesundheit, während Störungen in seiner Zusammensetzung, sogenannte Dysbiosen, mit einer Vielzahl von Erkrankungen in Verbindung gebracht werden, darunter entzündliche Darmerkrankungen, Adipositas, metabolische Störungen und Allergien (Schulz & Malfertheiner, 2024).

Insbesondere in der Kindheit spielt das Darmmikrobiom eine beachtliche Rolle. Die ersten Lebensjahre sind geprägt von einer intensiven Phase mikrobieller Reifung und Anpassung, in der die Grundlage für langfristig stabile und funktionelle Mikrobiota gelegt wird. Externe Faktoren wie die Art der Geburt, Stillen oder Antibiotika beeinflussen diese Entwicklung ebenso wie die Ernährung. Vor diesem Hintergrund wird die Frage gestellt, inwiefern moderne Ernährungsmuster mit hohem UPF-Anteil die Reifung und Zusammensetzung des kindlichen Mikrobioms beeinflussen und ob dadurch negative gesundheitliche Effekte begünstigt werden (Schulz & Malfertheiner, 2024).

Bisherige wissenschaftliche Studien legen nahe, dass UPF aufgrund ihrer Zusammensetzung und der Vielzahl an Zusatzstoffen potenziell schädliche Auswirkungen auf das intestinale Ökosystem haben können (Faggiani et al., 2025). Diskutiert wird insbesondere, dass bestimmte Inhaltsstoffe wie Emulgatoren, Süß- oder Konservierungsstoffe die bakterielle Diversität verringern, das mikrobielle Gleichgewicht verschieben und dadurch proinflammatorische Prozesse fördern können. Es sind aber auch Forschungslücken erkennbar, denn viele vorhandene Studien beziehen sich auf Tiermodelle und erwachsene Populationen, während Daten aus Humanstudien mit Kindern und Jugendlichen bislang nur begrenzt verfügbar sind. Zudem untersuchen zahlreiche Arbeiten den Gesamtverzehr von UPF, während der isolierte Effekt einzelner typischer Zusatzstoffe im Kindesalter kaum erforscht ist (Alves et al., 2025).

Vor diesem Hintergrund ergibt sich die Notwendigkeit, den wissenschaftlichen Kenntnisstand systematisch zu sichten und kritisch zu bewerten. Durch die Bündelung und Analyse vorhandener Humanstudien können übergreifende Muster sichtbar gemacht und bestehende Forschungslücken benannt werden. Eine solche Übersicht ist nicht nur für die wissenschaftliche Diskussion relevant, sondern gibt Hinweise für Präventionsstrategien und gesundheitspolitische Maßnahmen, die auf eine Verbesserung der Ernährungssituation von Kindern und Jugendlichen abzielen.

Die Forschungsfrage lautet: „Welche Auswirkungen haben UPF und ihre Zusatzstoffe auf die bakterielle Diversität und mikrobielle Dysbiose im Darmmikrobiom von Kindern und Jugendlichen?“

Der vorzulegende systematische Literaturrecherche verfolgt mithin das Ziel, den Einfluss von UPF und ihrer Zusatzstoffe auf die bakterielle Diversität und mikrobielle Dysbiose im Darmmikrobiom von Kindern und Jugendlichen systematisch darzustellen.

2 Hintergrund

In diesem Kapitel wird der theoretische Hintergrund dargestellt, auf den die Ergebnisdarstellung und Diskussion folgen. Es beinhaltet die wesentlichen Konzepte und wissenschaftlichen Erkenntnisse, die für das Verständnis des Forschungsstands notwendig sind und stellt sie in den Kontext der aktuellen Literatur. So wird ein Rahmen geschaffen, der es ermöglicht, die später ausgewerteten Studien einzuordnen und kritisch zu bewerten.

2.1 Ultra-Processed Foods (UPF)

2.1.1 Definition und Klassifikation nach NOVA

Die NOVA-Klassifikation wurde im Jahre 2009 von einem Forschungsteam der Universität São Paulo entwickelt, dem auch Monteiro et al. angehören (Medin et al., 2025). Sie hat sich als anerkanntes Instrument etabliert, das unter anderem in UN- und Ernährungsempfehlungen relevanter Fachorganisationen Anwendung findet. Diese Klassifikation ordnet Lebensmittel nicht nach ihrem Nährstoffprofil, sondern nach dem Grad und Zweck ihrer industriellen Verarbeitung ein. Nach der NOVA-Klassifikation werden Lebensmittel in vier Gruppen unterteilt (Monteiro et al., 2018).

Die erste Gruppe (NOVA1) umfasst unverarbeitete oder nur geringfügig verarbeitete Lebensmittel. Darunter fallen essbare Teile von Pflanzen oder Tieren, die direkt aus der Natur stammen oder lediglich durch einfache Verfahren wie Trocknen, Kühlen oder Fermentieren haltbar gemacht wurden. Die zweite Gruppe (NOVA2) beinhaltet kulinarische Zutaten, die aus Lebensmitteln der ersten Gruppe gewonnen werden. Dazu zählen beispielsweise Salz, pflanzliche Öle, Zucker oder Stärken, die in der Zubereitung von Speisen als Grundzutaten Verwendung finden. Die dritte Gruppe (NOVA3) bezeichnet verarbeitete Lebensmittel, die durch Kombination von Produkten aus Gruppe 1 und 2 entstehen. Typische Beispiele sind Brot, Konserven oder gepökelte Fleischwaren, die meist nur wenige Zutaten enthalten und noch deutlich als ursprüngliche Lebensmittel erkennbar sind. Die vierte Gruppe (NOVA4) umfasst schließlich UPF. Hierbei handelt es sich um industriell formulierte, meist verzehrfertige Produkte, die überwiegend oder vollständig aus isolierten Nahrungsbestandteilen sowie Zusatzstoffen bestehen. Charakteristisch ist, dass nur noch geringere oder keine Anteile intakter Lebensmittel aus Gruppe 1 enthalten sind (Braesco et al., 2022). Ihre Herstellung umfasst in der Regel eine Reihe physikalischer, biologischer sowie chemischer Prozesse, die über traditionelle Lebensmittelverarbeitung hinausgehen (Moubarac et al., 2016). Das Ziel der Ultraverarbeitung besteht darin, markenspezifische Lebensmittelprodukte herzustellen, die lange haltbar, verzehrfertig und allgegenwärtig verfügbar sind (Monteiro et al., 2018). Zudem zeichnen sich durch eine besonders hohe sensorische Attraktivität und Schmackhaftigkeit aus. Diese wird vor allem durch erhöhte Mengen an Fett, Zucker und Salz sowie durch Farb-, Aroma- und weiteren Zusatzstoffen erzielt (Monteiro et al., 2013). Darüber hinaus werden sie oft mit ansprechenden Verpackungen und Marketingstrategien beworben (Monteiro et al., 2018). Für die Hersteller sind sie besonders

gewinnbringend durch den Einsatz kostengünstiger Zutaten. Zudem erscheinen bestimmte Produkte durch die Zugabe von Mikronährstoffen oder Health Claims vermeintlich als gesünder, obwohl sie typische Merkmale von UPF aufweisen (Mescoloto et al., 2023; Monteiro et al., 2018).

Typische Beispiele sind Softdrinks, Süßwaren, gezuckerte Frühstückscerealien, Fertiggerichte, verarbeitete Fleischprodukte, industriell hergestellte Backwaren, Chips, aromatisierte Milchgetränke (Monteiro et al., 2010; Moubarac et al., 2016) sowie Produkte der Säuglingsnahrung, darunter insbesondere Folgenahrung und andere industriell gefertigte Babyprodukte (Monteiro et al., 2010, 2019).

2.1.2 Zusammensetzung typischer UPF

UPF weisen Merkmale in ihrer Zutaten- und Nährstoffzusammensetzung auf, die sie deutlich von gering verarbeiteten Lebensmitteln unterscheiden (Moubarac et al., 2016). Die Kombination aus energiedichter, nährstoffarmer Zusammensetzung und dem Einsatz funktioneller wie sensorisch wirksamer Zutaten macht UPF zu einer klar abgrenzbaren NOVA-Kategorie (Monteiro et al., 2018). Im Allgemeinen enthalten sie selten oder gar nicht ganze oder unverarbeitete Lebensmittel (Monteiro et al., 2013).

Darüber hinaus weisen UPF einen hohen Gehalt an Advanced Glycation End Products (AGE) auf. Diese entstehen durch die nicht-enzymatische Bindung von Zuckerverbindungen an Proteine oder Lipide. Verantwortlich für die erhöhte Bildung in UPF sind unter anderem ihr hoher Zuckergehalt, der Einsatz dehydrierter Zutaten, Verarbeitungsschritte bei sehr hohen Temperaturen, wie dem Frittieren oder Mikrowellenbehandlung, sowie lange Lagerzeiten (Canani et al., 2024, S. 2).

UPF bestehen aus fünf oder – regelmäßig sehr viel mehr Inhaltsstoffen (Moubarac et al., 2016). Sie enthalten meist Zucker, Öle und Fette, Salz, die auch in verarbeiteten Lebensmitteln verwendet werden. Ein hoher Anteil an zugesetztem Zucker, gesättigten und trans-Fettsäuren, Natrium, raffinierte Stärken macht sie jedoch sehr energiedicht, während Proteine, Ballaststoffe und Mikronährstoffe nur in geringeren Mengen vorliegen (Monteiro et al., 2018).

Darüber hinaus enthalten UPF Zutaten, die in der häuslichen Küche unüblich sind, einige werden direkt aus Lebensmitteln extrahiert, wie Kasein, Laktose, Molke oder Gluten. Meistens sind es jedoch jene Substanzen, die durch die Weiterverarbeitung anderer Bestandteile oder einer Abfolge industrieller Herstellungsprozesse gewonnen werden, wie hydrolysiertes Protein, modifizierte Stärke, hydrierte sowie umgeesterte Öle und Zusatzstoffe (Medin et al., 2025; Monteiro et al., 2018; Moubarac et al., 2016). Letztere werden während vieler Vorgänge – u. a. Zubereitung, Herstellung, Verarbeitung, Verpackung – hinzugefügt, um die physikalischen, chemischen, sensorischen oder biologischen Eigenschaften des Produktes zu verändern. Zu ihnen gehören Konservierungsstoffe, Süßungsmittel, Farbstoffe, Fett-Ersatzstoffe, Nährstoffe, Emulgatoren, Stabilisatoren, Verdickungsmittel, Säureregulatoren, Backtrieb-, Feuchthalte-, Festigungsmittel und Geschmacksverstärker (Monteiro et al., 2019; Moubarac et al., 2016).

Es gilt zu beachten, dass sich die Nährstoffprofile innerhalb der NOVA4-Kategorie erheblich unterscheiden können. Einige der Produkte haben eine akzeptable Ernährungsqualität, größtenteils handelt es sich jedoch um solche mit bereits beschriebener Zusammensetzung, somit ungünstigen ernährungsphysiologischen Werten (Braesco et al., 2022).

2.1.3 Zusatzstoffe in UPF

Wie erwähnt, sind Zusatzstoffe ein wesentliches Merkmal dieser Produktkategorie. Sie werden nicht zur grundlegenden Ernährung zugesetzt, sondern hauptsächlich der Konservierung, der Modifikation sensorischer Eigenschaften oder der technischen Stabilisierung (Monteiro et al., 2018, 2019). Zusatzstoffe, die in großer Zahl und mit unterschiedlichen Funktionen vorhanden sind, sollten gesondert betrachtet werden. Sie tragen wesentlich zu Charakteristik von UPF bei und können potenziell gesundheitlich relevante Effekte haben (Moubarac et al., 2016).

Emulgatoren sind Lebensmittelzusatzstoffe, die in der Lebensmittelindustrie verbreitet eingesetzt werden (Moubarac et al., 2016), um Emulsionen zwischen eigentlich nicht mischbaren Komponenten wie Wasser und Öl zu ermöglichen und stabil zu halten (Besedin et al., 2024). Sie werden in vielen UPF zur Stabilisierung und Verbesserung der Textur eingesetzt, nicht nur gezielt für ihre technologische Funktion, sondern auch um die sensorischen Eigenschaften zu optimieren (Monteiro et al., 2018). Typische Vertreter sind Xanthan, modifizierte Stärken und Pektin. Emulgatoren können mehrere Funktionen erfüllen. So werden etwa modifizierte Cellulosen wie Carboxymethylcellulose und Carrageen als Emulgatoren, ebenso als Verdickungs- und Geliermittel eingesetzt (Besedin et al., 2024).

Lebensmittelfarben umfassen Farbstoffe, Pigmente oder andere Substanzen, die Lebensmitteln Farbe verleihen. Ihr primärer Zweck besteht darin, die optischen Eigenschaften von Produkten zu verbessern oder wiederherzustellen, wenn diese während der Verarbeitung beeinträchtigt wurden. Darüber hinaus tragen sie zur Wiedererkennbarkeit von Marken bei. Grundsätzlich lassen sich Lebensmittelfarben in drei Hauptgruppen unterteilen: natürliche, synthetische und anorganische Farbstoffe (Besedin et al., 2024).

Aromastoffe sind weitere sehr verbreitete Lebensmittelzusatzstoffe, die aus komplexen Mischungen natürlicher und synthetischer Komponenten bestehen. Natürliche Aromastoffe werden aus tierischen oder pflanzlichen Quellen gewonnen und umfassen unter anderem Öle, Gewürze sowie Produkte, die durch Destillation, Fermentation, Rösten oder Erhitzen entstehen. Synthetische Aromastoffe hingegen werden chemisch hergestellt, sind in dieser Form in natürlichen Produkten nicht nachweisbar, können jedoch identische chemische Strukturen wie natürliche Aromastoffe aufweisen. Neben diesen Aromastoffen werden auch Geschmacksverstärker eingesetzt, die nicht selbst aromabestimmend wirken, sondern den Eigengeschmack von Lebensmitteln verstärken. Die am häufigsten verwendete Aromakomponente ist Zitronensäure, gefolgt vom Geschmacksverstärker Mononatriumglutamat

(MSG). Bezogen auf das Gewicht zählt MSG zu den am häufigsten konsumierten Lebensmittelzusatzstoffen (Besedin et al., 2024).

Konservierungs- und Lebensmittelzusatzstoffe dienen dazu, die Haltbarkeit von Produkten zu verlängern, indem sie mikrobielle Kontamination verhindern, den Abbau von Inhaltsstoffen verlangsamen und dadurch die Qualität und Sicherheit von Lebensmitteln über längere Zeiträume gewährleisten (Canani et al., 2024). Sie wirken, indem sie Verfügbarkeit von Wasser reduzieren, chemische Reaktionen verlangsamen und das Wachstum von Mikroorganismen hemmen. Da mikrobieller Verderb eine der größten Herausforderungen der Lebensmittelkonservierung darstellt, entfalten sie meistens Konservierungsstoffe ihre Wirkung über antimikrobielle Mechanismen. Einige Substanzen, wie Salz und Zucker, wurden bereits lange vor der industriellen Herstellung von UPF in der traditionellen Küche zur Konservierung genutzt. Die übrigen Konservierungsstoffe lassen sich in mehrere Hauptgruppen einteilen: schwache organische Säuren wie Benzoate, Propionate und Sorbate sowie deren Salze; anorganische Verbindungen wie Sulfite und Nitrite; sowie p-Hydroxybenzoesäureester (Parabene) (Besedin et al., 2024).

Hinzu kommen funktionelle Kategorien, die in unterschiedlichen technologischen Kontexten eingesetzt werden. Hierzu zählen Süßungsmittel, Fett-Ersatzstoffe, zugesetzte Nährstoffe, Stabilisatoren, Säureregulatoren, Verdickungs-, Backtrieb-, Feuchthalte- und Festigungsmittel. Diese Substanzen erfüllen spezifische Funktionen, indem sie den Energiegehalt variieren, die Textur und Stabilität von Lebensmitteln beeinflussen, den pH-Wert regulieren oder die Haltbarkeit und sensorische Eigenschaften optimieren (Besedin et al., 2024; Moubarac et al., 2016). Diese Stoffe werden in der industriellen Lebensmittelherstellung gezielt kombiniert, um Produkte zu erzeugen, die geschmacklich, visuell und haptisch besonders ansprechend sind (Hall et al., 2019; Monteiro et al., 2013).

2.1.4 Verzehrmuster bei Kindern und Jugendlichen

Der UPF-Konsum dominiert im Nahrungsmittelangebot von Ländern mit hohem Einkommen, während er in Ländern mit mittlerem Einkommen inzwischen rapide ansteigt (Monteiro et al., 2013). In den USA, Kanada oder dem Vereinigten Königreich machen UPF mehr als die Hälfte der gesamten Energiezufuhr aus (Canani et al., 2024). Langzeitstudien zeigen, dass der UPF-Konsum in europäischen Kohorten mehrheitlich niedriger ist (Chen et al., 2025). In Ländern mit mittlerem Einkommen liegt der Anteil deutlich niedriger (Monteiro et al., 2018), steigt jedoch jährlich stark an (Canani et al., 2024).

Die brasilianischen Nationalen Demografie- und Gesundheitsumfrage 2006/2007 zeigte, dass Kinder in stärker urbanisierten Regionen eine Ernährung mit einem höheren Anteil an verarbeiteten Lebensmitteln wie Süßigkeiten und Softdrinks aufweisen (Chew et al., 2020). Während die traditionelle Ernährung überwiegend auf unverarbeiteten landwirtschaftlichen Erzeugnissen basiert, haben Urbanisierung und Industrialisierung den Zugang zu verarbeiteten Lebensmitteln stark erhöht. Mit Globalisierung und sozialem Wandel ist zudem davon auszugehen, dass auch Länder mit mittlerem

Einkommen zunehmend einen stärkeren Zugang zu verarbeiteten Lebensmitteln erhalten (Chew et al., 2020).

Der Konsum von UPF ist bereits im Kindes- und Jugendalter weit verbreitet und trägt in vielen Ländern erheblich zur täglichen Energieaufnahme bei. Internationale Analysen mit der NOVA-Klassifikation zeigen, dass UPF im Durchschnitt etwa die Hälfte der gesamten Energiezufuhr von Kindern und Jugendlichen ausmachen (Petridi et al., 2025).

In der Canadian Healthy Infant Longitudinal Development (CHILD)-Kohorte (prospektive Geburtskohorte mit >3.000 Kindern) machten UPF bei Dreijährigen durchschnittlich 45 % der täglichen Energiezufuhr aus, wobei sich die Werte bei Jungen und Mädchen nur geringfügig unterschieden (Chen et al., 2025).

Eine aktuelle Untersuchung von Petridi et al. mit Daten aus Griechenland (Querschnittsstudie, Kinder 2–11 Jahre) zeigte, dass der Anteil der Gesamtenergiezufuhr aus UPF bei durchschnittlich 39,8 % lag. Dabei konnten nur geringe Unterschiede zwischen den normalgewichtigen und Kindern mit Übergewicht oder Adipositas nachweisen werden. In der Gesamtbetrachtung stammen die größten Beiträge aus Fertiggerichten, süßen Getreideprodukten, herzhaften Snacks und Süßigkeiten. Zudem zeigten sich Unterschiede nach Geschlecht und Altersgruppe: Jungen konsumierten tendenziell mehr energiedichte UPF, während Mädchen häufiger süße Milchprodukte und Backwaren wählten (Petridi et al., 2025).

Eine brasilianische Querschnittsanalyse von Bento et al. zeigte den Einfluss des Ernährungssettings auf den UPF-Konsum: Kinder, die zwei Schulmahlzeiten täglich konsumierten, nahmen etwa 18 % weniger UPF zu sich; bei drei Schulmahlzeiten lag der Rückgang bei 26 % im Vergleich zu Gleichaltrigen ohne Schulmahlzeiten (Bento et al., 2018).

Eine Untersuchung von Mescoloto et al. mit brasilianischen Jugendlichen (Querschnittsstudie, 13–19 Jahre) wies nach, dass der Verzehr von frischen Lebensmitteln wie Obst und Gemüse sowie minimal verarbeiteter Grundnahrungsmittel wie Reis und Bohnen bei einem erheblichen Teil der Teilnehmenden unzureichend ausfiel. Gleichzeitig wurde ein hoher Konsum von UPF festgestellt: 33 % verzehrten Hamburger oder Aufschnitt, 63 % Sandwich-Kekse, Süßwaren oder Bonbons und 83 % gesüßte Getränke. Zudem erwies sich neben der Art der verzehrten Lebensmittel auch die Struktur der Ernährung als relevant. Die Ergebnisse zeigten, dass das Auslassen des Frühstücks häufig mit Außer-Haus-Mahlzeiten und dadurch einem höheren UPF-Konsum einherging (Mescoloto et al., 2023).

Eine weitere brasilianische Querschnittsstudie mit 790 Jugendlichen (14–19 Jahre) zeigte, dass der Konsum von UPF insbesondere bei jenen Jugendlichen höher war, die sich in einem ungesunden Ernährungskontext befanden. Dazu zählten Essgewohnheiten Mahlzeiten außer Haus, an lauten Orten, im Bett, im Stehen oder Gehen, vor Bildschirmen sowie ohne soziale Begleitung (Petridi et al., 2025).

In der Querschnittsstudie von Khoury et al., die auf den Daten der longitudinalen Childhood Obesity Risk Assessment Longitudinal Study (CORALS) basiert, wurden 1.426 Kinder mit einem Durchschnittsalter von 5,8 Jahren untersucht. Festgestellt wurde, dass der UFP-Konsum bei Kindern, deren Familien einen niedrigeren sozioökonomischen Status aufwiesen oder deren Mütter über ein niedriges Bildungsniveau verfügten, deutlich häufiger zu beobachten war. Dieser Befund stimmt mit den Ergebnissen anderer europäischer Studien überein und verdeutlicht, dass soziale Ungleichheiten das Ernährungsverhalten von Kindern prägen und den UPF-Konsum begünstigen können (Khoury et al., 2024, S. 9).

Zudem werden UPF nicht nur von Kindern und Jugendlichen, sondern bereits im Säuglingsalter aufgenommen. In Deutschland ist der Gebrauch von Säuglingsanfangsnahrung im frühen Kindesalter weit verbreitet. Theurich et al. zufolge erhalten 43 % der Säuglinge bis zum Alter von sechs Monaten ausschließlich Formulamilch, während weitere 38 % sowohl Formulamilch als auch Muttermilch erhalten. Insgesamt konsumieren damit bis zu 81 % der Säuglinge in diesem Altersbereich zumindest teilweise Formulamilch (Theurich et al., 2024). Es zeigten Plaza-Diaz et al., dass auch Beikostprodukte wie Getreidebrei in vielen Ländern zu den ersten Lebensmitteln gehören. Aufgrund ihrer halb-festen Konsistenz erleichtern sie den Übergang von ausschließlicher Milchernährung zu fester Kost. Getreidebreie für Säuglinge werden in der Regel aus raffinierten Mehlen hergestellt, die häufig durch den Zusatz von Amylasen hydrolysiert werden, um die Viskosität zu reduzieren. Dieser Prozess führt zu einem erhöhten Gehalt an Einfachzuckern und es werden oftmals weitere Zucker, wie Saccharose, zugesetzt (Plaza-Diaz et al., 2021).

Nach der grundlegenden Betrachtung von UPF richtet sich der Fokus nun auf das Darmmikrobiom im Kindes- und Jugendalter.

2.2 Darmmikrobiom im Kindes- und Jugendalter

2.2.1 Mikrobiota: Zusammensetzung, Diversitätsmaße und Methoden der Mikrobiomanalyse

Das Mikrobiom bezeichnet die Gesamtheit aller Mikroorganismen, die im menschlichen Organismus leben. Der überwiegende Anteil der mikrobiellen Gemeinschaften des menschlichen Körpers ist im Darm (Stallmach & Vehreschild, 2016), insbesondere im Dünndarm (Turroni et al., 2017) als eine mikrobielle Gemeinschaft lokalisiert, deren Zellzahl mit der Anzahl menschlicher Körperzellen vergleichbar ist (Stallmach & Vehreschild, 2016). Die mikrobielle Vielfalt wird mit Klassifikationssystemen erfasst. Dabei ist ein Taxon eine Gruppe von Organismen, die aufgrund gemeinsamer Merkmale kategorisiert wird. Die Mikrobiota des Darms sind äußerst vielfältig: Schätzungen zufolge gibt es mehr als eintausend identifizierbare Spezies, von denen jeder Mensch einen individuellen Teil dieser Gesamtheit repräsentiert. Die beiden Phyla Firmicutes und Bacteroides machen zusammen mehr als 90 % der bakteriellen Gemeinschaft aus und stellen den größten Anteil. Weniger häufig

kommen Phyla, wie Actinobacteria, Proteobacteria, Verrucomicrobia oder Fusobacteria vor. Es zeigt sich auch auf der Ebene der Gattungen eine charakteristische Zusammensetzung, häufig sind etwa Bacteroides, Faecalibacterium, Bifidobacterium, Prevotella und Roseburia. Zudem haben einzelne Arten eine besondere funktionelle Bedeutung, das Faecalibacterium prausnitzii wird etwa mit entzündungshemmenden und butyratproduzierenden Eigenschaften in Verbindung gebracht. Es gilt als Schlüsselspezies für die Aufrechterhaltung der Darmgesundheit (Stallmach & Vehreschild, 2016).

Zur quantitativen Erfassung der Diversität mikrobieller Gemeinschaften werden ökologische Konzepte genutzt. Die α -Diversität gibt die Vielfalt innerhalb einer einzelnen Probe an. Sie berücksichtigt die Anzahl der Taxa (Richness) sowie deren relative Häufigkeiten (Evenness). Eine hohe α -Diversität beschreibt, dass viele Mikroorganismenarten innerhalb einer Probe vertreten und relativ gleichmäßig verteilt sind. Zur Berechnung kommen Indizes zum Einsatz: Der Chao1-Index schätzt die Anzahl der vorhandenen Taxa, während der Shannon-Index sowohl die Häufigkeit als auch die Gleichverteilung berücksichtigt. Der Schwerpunkt des Simpson-Index liegt stärker auf dominierenden Taxa. Eine ausgeprägte α -Diversität wird als Zeichen für eine stabile und belastbare mikrobielle Gemeinschaft angesehen. Sie unterstützt das Darmmikrobiom dabei, sich auf äußere Belastungen wie Antibiotika, Infektionen oder Veränderungen in der Ernährung einzustellen. Eine geringere Diversität wird hingegen mit einer erhöhten Anfälligkeit für Dysbiosen und damit verbundenen Störungen in Verbindung gebracht (Stallmach & Vehreschild, 2016).

Die β -Diversität bezieht sich auf die Unterschiede zwischen mehreren mikrobiellen Proben. Eine hohe β -Diversität beschreibt, dass die mikrobiellen Proben in ihrer Zusammensetzung stark variieren. Abweichungen in der Zusammensetzung können mit Distanzmaßen wie dem Bray-Curtis-Dissimilarity-Index quantifiziert werden. Zusätzlich zu den Taxa berücksichtigen phylogenetische Verfahren wie Unifrac die evolutionären Verwandtschaftsbeziehungen zwischen ihnen (Stallmach & Vehreschild, 2016).

Die funktionelle Diversität umfasst mehr als die reine taxonomische Zusammensetzung und bezieht sich auf eine Vielfalt von mikrobiellen Stoffwechselwegen. Zudem hat sie viele Funktionen, wie die Produktion von SCFA oder die Regulation immunbiologischer Prozesse (Plaza-Diaz et al., 2021).

Zur Analyse der Mikrobiota werden molekularbiologische Verfahren verwendet. Die 16S Ribonukleinsäure (16S-rRNA)-Amplikon-Sequenzierung, die eine taxonomische Zuordnung der Mikroorganismen anhand des konservierten 16S-rRNA-Gens ermöglicht, ist ein Standardverfahren. Für detailliertere Analysen kommt die Metagenom-Shotgun-Sequenzierung zum Einsatz, die das gesamte genetische Material einer Probe erfasst und somit sowohl taxonomische als auch funktionelle Einsichten ermöglicht. Zusätzlich gibt es Verfahren, die phylogenetischen Beziehungen stärker betonen, wie unique fraction metric (UniFrac), das Unterschiede anhand evolutionärer Stammbäume quantifiziert (Stallmach & Vehreschild, 2016).

2.2.2 Entwicklung und Reifung des Mikrobioms

Die Entwicklung des kindlichen Darmmikrobioms beginnt bereits während der Geburt und verläuft in sukzessiven Abschnitten, die durch eine zunehmende Diversität und funktionelle Spezialisierung gekennzeichnet sind (Turroni et al., 2017).

Die Mikrobiomprogression des sich entwickelnden Darmmikrobioms durchläuft eine Entwicklungsphase (Monate 3–14), eine Übergangsphase (Monate 15–30) und eine stabile Phase (Monate 31–46). Diese können jedoch stark durch einige Faktoren, die in Abschnitt 2.2.4 dargestellt werden, abweichen (Stewart et al., 2018).

Der erste wesentliche Kontakt mit Mikroorganismen erfolgt während bzw. nach der Geburt. Obwohl die intrauterine Umgebung als steril gilt, gibt es Hinweise darauf, dass Bakterien auf oder im Fötus vorkommen, die durch aus pränataler Besiedlung des Mekoniums stammen. Dort kommen Bakterien wie *Escherichia coli*, *Enterococcus faecium* sowie *Bifidobacterium species pluralis* und *Staphylococcus epidermis* vor, die wiederum möglicherweise durch Verschiebung aus dem mütterlichen Darm in den fetalen Kreislauf gelangt sind (Turroni et al., 2017).

Das intestinale Ökosystem wird unmittelbar nach der Geburt vor allem durch die Entbindungsart geprägt: Bei vaginal geborenen Kindern ist die Prävalenz von Bakterien der Spezies *Bacteroides*, insbesondere *Bacteroides fragilis*, die aus dem mütterlichen Geburtskanal stammen, höher (Stewart et al., 2018). Im Gegensatz dazu wurden bei per Kaiserschnitt geborenen Kinder vermehrt Haut- und Umweltkeime festgestellt (Turroni et al., 2017). Unabhängig vom Geburtsmodus wird das Vorkommen von *Bacteroides* mit einer erhöhten Diversität und einer beschleunigten Reifung der Darmmikrobiota assoziiert (Stewart et al., 2018). Diese anfängliche mikrobielle Kolonisation ist prägend für die weitere Immunentwicklung und metabolische Programmierung (Navarro-Tapia et al., 2020).

Die Ernährung in den ersten Lebensmonaten stellt einen Treiber der mikrobiellen Reifung dar (Turroni et al., 2017). Der wichtigste Faktor, der mit der Mikrobiomstruktur in Verbindung steht, ist die Aufnahme von Muttermilch, entweder ausschließlich oder teilweise (Stewart et al., 2018). Sie bietet, soweit quantitativ ausreichend, den Säuglingen die optimale Ernährung, da sie einzigartige Inhaltsstoffe enthält, die die Entwicklung der Pionier-Darmmikrobiota anregen, darunter zahlreiche komplexe Oligosaccharide und immunmodulatorische Komponenten (Plaza-Díaz et al., 2018). Sie liefert neben Nährstoffen präbiotisch wirksame humane Milch-Oligosaccharide, die das Wachstum spezifischer *Bifidobacterium*-Arten, wie *Bifidobacterium breve*, *Bifidobacterium bifidum* (Stewart et al., 2018) und *Bifidobacterium longum subspecies infantis*, antreiben (Turroni et al., 2017). Zudem korreliert das Stillen mit einer höheren relativen Häufigkeit an Actinobacteria und einer geringen mikrobiellen Diversität, was als schützender Faktor in der frühen Entwicklung angesehen wird (Plaza-Díaz et al., 2021).

Gegen Ende des Kleinkindalters, etwa im Alter von ein bis zwei Jahren, beginnt mit der schrittweisen Entwöhnung eine Übergangsphase, in der die Häufigkeit des Stillens abnimmt und gleichzeitig feste Nahrungsmittel eingeführt werden (Turroni et al., 2017). Dies sind Einflussfaktoren für die

strukturelle Entwicklung und Reifung der kindlichen Darmmikrobiota, was durch den Stamm der Firmicutes besonders deutlich wurde (Stewart et al., 2018). Zudem kommt es zu einer fortschreitenden Abnahme der Bifidobakterien, jedoch sind sie nach einem Monat der Entwöhnung weiterhin im Darmmikrobiom dominant. Nach dem Abstillen sinkt der Gehalt an Bifidobakterien zusammen mit dem Gehalt an *Clostridium perfringens* und *Clostridium difficile* stark, während die Häufigkeit anderer, streng anaerober Clostridien zunimmt (Turroni et al., 2017). Während dieser Phase werden die zuvor dominanten Phyla, insbesondere Proteobacteria und Actinobacteria, zunehmend von den für das adulte Mikrobiom charakteristischen Phyla Firmicutes und Bacteroidetes übernommen (Plaza-Díaz et al., 2018), die relative Stabilität der mikrobiellen Gemeinschaften steigt (Turroni et al., 2017). Das Mikrobiom des Darms bei Kleinkindern unterscheidet sich in dieser Phase weiterhin vom Erwachsenenmikrobiom. Wann das Mikrobiom die Ausprägung eines Erwachsenen erreicht, ist schwer zu bestimmen und nicht klar definiert, aber es wird nahegelegt, dass dies zwischen dem 1. und 3. Lebensjahr geschieht. Es bedarf mehrerer Jahre und Entwicklungsschritte des Körpers, wie hormonelle Veränderungen während der Pubertät und Veränderungen in der Ernährung (Turroni et al., 2017).

Nach dieser dynamischen Phase wird das Mikrobiom zunehmend robust gegenüber äußeren Einflüssen, bleibt jedoch weiterhin durch Faktoren wie Ernährung, Krankheiten oder Umwelteinflüsse beeinflussbar. Untersuchungen zeigen, dass ein großer Teil der in der frühen Kindheit erworbenen mikrobiellen Stämme, die oft durch enge Verwandte weitergegeben wurden, über Jahre im Darm verbleiben. Ein Großteil der bakteriellen Gemeinschaft konnte noch fünf Jahre nach der Erstbesiedlung nachgewiesen werden, was auf eine Langzeitstabilität hindeutet. Zugleich gibt es Unterschiede in der Stabilität zwischen den einzelnen Phyla. Bacteroidetes und Actinobacteria werden relativ konstant nachgewiesen, während die Firmicutes und Proteobacteria eine größere zeitliche Variabilität aufweisen (Stallmach & Vehreschild, 2016). Im Allgemeinen zeigt das Mikrobiom in dieser Phase eine hohe α -Diversität und stabile Zusammensetzung (Stewart et al., 2018).

2.2.3 Funktionelle Bedeutung des Mikrobioms

Die Darmmikrobiota erfüllt durch ihre genetische Ausstattung und Stoffwechselprodukte in zahlreichen Vorgängen eine wichtige Funktion, die eine fundamentale Grundlage für die Gesundheit darstellt (Redruello-Requejo et al., 2025). Zu den wesentlichen Aufgaben gehören die metabolischen Funktionen, darunter die Synthese einiger Vitamine (B-Vitamine, Vitamin K) sowie weiterer Metabolite. Bei der mikrobiellen Fermentation von unverdaulichen Nahrungsbestandteilen entstehen Stoffwechselprodukte wie SCFA, einschließlich Butyrat, Acetat und Propionat (Stallmach & Vehreschild, 2016). Diese Metabolite sind relevant für die Regulierung von Lipid- und Glucosestoffwechsel, wirken antiinflammatorisch, dienen als Energiequelle für Darmepithelzellen und beeinflussen Sättigungs- sowie Stoffwechselprozesse (Schulz & Malfertheiner, 2024).

Die Darmmikrobiota spielt auch eine wichtige Rolle bei der Modifikation von Gallensäuren. Mikrobielle Enzyme wandeln primäre in sekundäre Gallensäuren um, wodurch deren Signalwirkung auf Stoffwechselwege und die intestinale Barriere beeinflusst wird. Diese Vorgänge sind eng mit dem Glucose- und Lipidmetabolismus verknüpft. Ungleichgewichte können zur Entwicklung von Stoffwechselerkrankungen beitragen. Das Mikrobiom spielt auch im Metabolismus von Xenobiotika eine wesentliche Rolle. Es hat die Fähigkeit, körperfremde Substanzen wie Medikamente und Umweltgifte chemisch umzuwandeln, wodurch deren Bioverfügbarkeit, Wirksamkeit und Toxizität beeinflusst werden kann. So fungiert die Mikrobiota als wesentlicher Regulator an der Schnittstelle von Ernährung, Pharmakologie und systemischer Gesundheit (Schulz & Malfertheiner, 2024)

Die genannten Eigenschaften tragen auch zu zahlreichen physiologischen Prozessen bei, wie der Aufrechterhaltung der intestinalen Barrierefunktion. Die Stärkung der mukosalen Abwehrmechanismen erschwert das Eindringen pathogener Keime. Des Weiteren wird das Risiko einer übermäßigen Immunaktivierung gesenkt, was für die Stabilität des intestinalen Milieus wichtig ist. Ein Bestandteil dieser Schutzfunktion ist die Kolonisationsresistenz gegen Krankheitserreger (Stallmach & Vehreschild, 2016).

Die Mikrobiota spielt neben ihrer metabolischen Funktion auch eine Rolle bei der Modulierung der lokalen und systemischen Immunität. Kommensale Mikroben tragen zur Reifung und Differenzierung von regulatorischen T-Zellen bei und regen die Bildung sekretorischer Immunglobuline, vor allem Immunglobulin A, an. Dadurch wird das Gleichgewicht zwischen pro- und antiinflammatorischen Prozessen beeinflusst. Damit ist die Mikrobiota in ihrer Zusammensetzung und Diversität maßgeblich dafür verantwortlich, ob immunologische Reaktionen protektiv oder potenziell schädlich sind (Stallmach & Vehreschild, 2016).

Das Mikrobiom hat zudem eine funktionelle Bedeutung, die über den Darm hinausreicht. Mikrobielle Metabolite fungieren über die Darm-Hirn- und Darm-Leber-Achse als Signalmoleküle, die neurobiologische Prozesse wie Stressreaktionen und kognitive Funktionen sowie Stoffwechselvorgänge in der Leber beeinflussen. Die systemische Wirkung zeigt, dass die Mikrobiota nicht nur im Darm, sondern auch im gesamten Organismus eine regulierende Funktion hat (Stallmach & Vehreschild, 2016).

Insgesamt verdeutlicht die Evidenz, dass das kindliche Darmmikrobiom nicht nur für die Nährstoffverwertung und -synthese essenziell ist, sondern auch maßgeblich an der systemischen Stoffwechselregulation, Barrierefunktion und Immunmodulation beteiligt ist. Eine stabile und divers zusammengesetzte Mikrobiota stellt somit eine Grundlage für kurz- und langfristige Gesundheit dar (Turrone et al., 2017).

2.2.4 Einflussfaktoren auf die Mikrobiota-Zusammensetzung

Die Kolonisierung des Darmmikrobioms und der Mikrobiota-Zusammensetzung vom Säuglings- bis zum Kindesalter ist von einer Reihe von endogenen und exogenen Faktoren abhängig, die besonders

in den ersten Lebensjahren und für den weiteren Lebensverlauf bestimmend sind (Turroni et al., 2017).

Zu den endogenen gehören zum einen genetische Faktoren. Die Zusammensetzung des Mikrobioms wird durch individuelle genetische Merkmale des Menschen beeinflusst. Durch ihre genetische Variation können sie die Art und Ausprägung der mikrobiellen Besiedlung verändern und Krankheitsanfälligkeiten modulieren (Schulz & Malfertheiner, 2024).

Auch das Alter des Menschen hat Einfluss. Mit zunehmendem Lebensalter verändert sich die bakterielle Zusammensetzung zwar nur moderat, jedoch hat sie funktionelle Konsequenzen. Ältere Menschen weisen häufiger entzündungsfördernde Prozesse und eine erhöhte Gebrechlichkeit auf. Ergänzend wirkt die Regulation durch das Immunsystem. Die wechselseitige Beziehung zwischen Immunzellen und der Darmflora sorgt für Stabilität, kann aber im Falle von Störungen ebenfalls zu einer Dysbalance führen (Stallmach & Vehreschild, 2016)

Erkrankungen, wie chronisch entzündliche Darm-, Leber-, Autoimmun-, funktionelle und auch psychische Erkrankungen sind ein Modulator der mikrobiellen Zusammensetzung (Stallmach & Vehreschild, 2016). Bei Infektionserkrankungen wird die Kolonisationsresistenz des Darms beeinträchtigt, wodurch pathogene Mikroorganismen begünstigt werden und das Gleichgewicht der Mikrobiota destabilisiert wird (Schulz & Malfertheiner, 2024).

Neben den endogenen sind auch exogene Einflüsse relevant. Bereits unmittelbar nach der Geburt nehmen erste Umweltfaktoren, wie der Geburtsmodus, eine bedeutende Rolle für das Mikrobiom ein. Während bei vaginal entbundenen Kindern Bakterien aus dem Geburtskanal dominieren, zeigen Kaiserschnittgeburten andere Besiedlungsmuster auf. Zudem beeinflusst die Ernährung in den ersten Lebensmonaten die Zusammensetzung maßgeblich (Stallmach & Vehreschild, 2016). Ein weiterer Faktor ist die Gestationszeit, da die Mikrobiota sich bei früh- und reifgeborenen Säuglingen unterscheidet. Bei Frühgeborenen ist häufig eine erhöhte Präsenz von Enterobacteriaceae und potenziell pathogenen Keimen wie *Klebsiella* und *Escheria coli* vorhanden, während protektive Gattungen wie *Bifidobacterium*, *Bacteroides* und *Lactobacillus*, die bei Reifgeborenen vermehrt vorkommen, reduziert sind (Navarro-Tapia et al., 2020).

Hinzu kommt, dass die frühe Medikation, namentlich Antibiotika, die natürliche Entwicklung signifikant stören kann, indem sie Artenvielfalt reduziert, das Verhältnis zwischen wichtigen bakteriellen Gruppen verschiebt und die Kolonisationsresistenz gegenüber pathogenen Keimen schwächt (Stallmach & Vehreschild, 2016).

Es beeinflussen auch die geografische Lage und weitere Umweltbedingungen das Darmmikrobiom. Populationsbasierte Untersuchungen machten deutlich, dass die Zusammensetzung der Mikrobiota bei Kindern zwischen Weltregionen variiert. In Afrika und Südamerika wurden bei Kindern vermehrt Gemeinschaften beobachtet, die von *Prevotella* dominiert werden, während in westlichen Ländern eher *Bacteroides* geprägte Mikrobiota-Typen vorherrschen. Primär wird die Ernährung, die regionale typische Muster widerspiegelt, als Ursache für diese Unterschiede angesehen (Stallmach &

Vehreschild, 2016). Auch Exposition gegenüber Umweltfaktoren, etwa durch Luftverschmutzung oder andere ökologische Einflüsse, die körperliche Aktivität, Stressbelastung und Hygienepraktiken können die Zusammensetzung des Mikrobioms modulieren (Schulz & Malfertheiner, 2024). Es haben auch der Haushalt, das Zusammenleben mit Geschwistern in der mittleren bis späten Phase, einen Einfluss auf die langfristige mikrobielle Besiedlung und damit verbundene Gesundheitsparameter auf das Darmmikrobiom (Cerdó et al., 2022).

Die Ernährung ist in allen Lebensphasen ein starker und flexibler Einflussfaktor auf das Mikrobiom. Ernährungsgewohnheiten können den Zustand einer Eubiose, also eines Gleichgewichts der Mikrobiota fördern oder sie stören und somit eine Dysbiose, also ein Ungleichgewicht dieses Systems verstärken (Redruello-Requejo et al., 2025). Weltweit variieren Ernährungsmuster in Abhängigkeit von kulturellen und regionalen Faktoren, was auch Auswirkungen auf die Zusammensetzung der Darmmikrobiota hat (Schulz & Malfertheiner, 2024). Unabhängig von diesen Unterschieden ist der Konsum von UPF im Kindesalter in einigen Gesellschaften bereits fest etabliert und wird mit einer Störung des mikrobiellen Gleichgewichts in Verbindung gebracht (Faggiani et al., 2025). Besonders die ersten Lebensjahre stellen eine sensible Phase dar, in der sich Ernährungsmuster stark auf die mikrobielle Zusammensetzung auswirken, weshalb die kindliche Ernährung einen bedeutenden Einflussfaktor darstellt (Stallmach & Vehreschild, 2016).

2.3 Ernährung und Mikrobiominteraktion

2.3.1 Ernährungsmuster und mikrobielle Zusammensetzung

Ernährungsmuster beeinflussen das bakterielle Gleichgewicht in vielfältiger Weise und wirken sich langfristig auf die Gesundheit aus. Insbesondere Bakteriengattungen wie *Prevotella*, die auf den Abbau komplexer Kohlenhydrate spezialisiert sind, werden durch eine Kost gefördert, die reich an Ballaststoffen und pflanzlichen Nahrungsmitteln ist. Diese Mikroben transformieren Ballaststoffe in SCFA, die dem Wirt als Energiequelle dienen und entzündungshemmende Eigenschaften aufweisen. Eine faserreiche Ernährung trägt auf diese Weise zur Erhöhung der mikrobiellen Diversität bei und unterstützt Stoffwechselprozesse, die für die Aufrechterhaltung der Darmgesundheit wesentlich sind (Stallmach & Vehreschild, 2016).

Ernährungsweisen mit traditionellen agrarischen Elementen, die einen hohen Anteil an unverarbeiteten pflanzlichen Nahrungsmitteln und komplexen Kohlenhydraten aufweisen, tragen zu einer hohen Diversität bei und fördern faserabbauende sowie SCFA-produzierende Bakterien wie *Prevotella*, *Treponema* oder *Xylanibacter* (Schulz & Malfertheiner, 2024; Stallmach & Vehreschild, 2016).

Im Gegensatz dazu steht eine ‚westliche‘ Ernährung, die sich durch einen hohen Anteil an verarbeiteten Lebensmitteln, Fett und Eiweiß bei gleichzeitig geringem Ballaststoffgehalt auszeichnet. Sie ist gekennzeichnet durch eine geringere Diversität, eine Reduktion ballaststoffabbauender Bakterien wie *Roseburia*, *Eubacterium rectale* und *Ruminococcus bromii* sowie einen Anstieg galletoleranter Keime wie *Alistipes*, *Bilophila* und *Bacteroides*. Diese Veränderungen werden als potenziell

ungünstig angesehen, da sie proinflammatorische Stoffwechselprodukte fördern können (Schulz & Malfertheiner, 2024; Stallmach & Vehreschild, 2016).

Eine Ernährung, die reich an Obst, Gemüse, Hülsenfrüchten, Nüssen, ungesättigten Fettsäuren und Ballaststoffen ist, wie die mediterrane Ernährung (MD, mediterranean Diet), unterstützt SCFA-produzierenden Bakterien und wird mit einem günstigeren Metabolitenprofil, in Verbindungen gebracht (Redruello-Requejo et al., 2025).

Dies macht deutlich, dass Ernährungsmuster eng mit kulturellen und geografischen Faktoren verbunden sind. Die Art und Qualität der Ernährung im Kindesalter beeinflussen die Zusammensetzung und Diversität der mikrobiellen Gemeinschaften im Darm nachhaltig (Stallmach & Vehreschild, 2016).

2.3.2 UPF und ihr Einfluss auf die mikrobielle Zusammensetzung

In den vergangenen Jahren hat die Forschung zu den Auswirkungen von UPF auf die Zusammensetzung der Darmmikrobiota zugenommen, wobei der Schwerpunkt bisher vor allem auf erwachsenen Populationen liegt. Es gibt bereits erste Studien bei Erwachsenen über den UPF-Einfluss auf die Zusammensetzung der Darmmikrobiota (Atzeni et al., 2022; Ichikawa et al., 2024).

Atzeni et al. untersuchten in einer Querschnittsstudie innerhalb der PREDIMED-Plus-Kohorte ältere Erwachsene, die Übergewicht und metabolisches Syndrom aufwiesen. Der Konsum von UPF in hohem Maße war mit Veränderungen in spezifischen bakteriellen Taxa wie *Alloprevotella*, *Negativibacillus* und *Sutterella* verbunden, ohne dass sich signifikante Unterschiede in der Gesamtdiversität ergaben (Atzeni et al., 2022).

Ichikawa et al. analysierten in einer japanischen Querschnittsstudie erwachsene Personen mit Typ-2-Diabetes. Es ließ sich feststellen, dass ein hoher UPF-Anteil an der Ernährung mit einer reduzierten Abundanz von *Ruminococcus* und einer Zunahme von *Roseburia* verbunden ist (Ichikawa et al., 2024).

Die Aussagekraft dieser Ergebnisse ist jedoch begrenzt, da beide Studien auf erwachsenen Populationen mit bestehenden Vorerkrankungen basieren. Daher sind die Befunde nur eingeschränkt auf gesunde Kinder und Jugendliche übertragbar, deren Mikrobiota sich noch in der Entwicklung befindet und besonders anfällig für äußere Einflüsse ist (Schulz & Malfertheiner, 2024). UPF sind inzwischen in der Ernährung von Kindern und Jugendlichen verbreitet, tragen etwa einen erheblichen Teil zur täglichen Energiezufuhr bei (Petridi et al., 2025). Es ist vor allem deshalb bedeutsam, weil UPF durch ihren hohen Verarbeitungsgrad, den Einsatz von Zusatzstoffen sowie einen geringeren Gehalt an Ballaststoffen und Mikronährstoffen gekennzeichnet sind. Es rückt daher die Frage nach ihren Auswirkungen auf die kindliche Darmmikrobiota zunehmend in den Fokus (Alves et al., 2025; Faggiani et al., 2025; Redruello-Requejo et al., 2025). Eine detaillierte und systematische Analyse der Evidenz im Kindes- und Jugendalter erfolgt im Ergebnisteil dieser Arbeit. Im Anschluss wird zudem das Konzept der Dysbiose näher beleuchtet, um die potenziellen Folgen für die kindliche Gesundheit zu verdeutlichen.

2.3.3 Gesundheitliche Konsequenzen einer mikrobiellen Dysbiose im Kindesalter

Die Dysbiose beschreibt einen Zustand, bei dem eine zuvor ausgewogene Zusammensetzung der Mikrobiota im Gastrointestinaltrakt gestört ist. Ersetzt wird die vielfältige und stabile mikrobielle Gemeinschaft, was sich in einer Abnahme der Diversität, der Überwucherung potenziell pathogener Keime und dem Rückgang gesundheitsförderlicher Bakterien zeigt. Diese mikrobiellen Veränderungen beeinträchtigen wesentliche Funktionen des Mikrobioms, wie die Aufrechterhaltung der Barriereintegrität, die Produktion schützender Metabolite und die immunmodulatorischen Eigenschaften. Dadurch wird die Anfälligkeit für Erkrankungen erhöht (Schulz & Malfertheiner, 2024).

Daher wird besonders im Kindesalter eine Dysbiose als wesentlicher Risikofaktor für die Entstehung verschiedener chronischer Erkrankungen angesehen. Veränderungen in der Zusammensetzung und Funktion der Mikrobiota, die durch einige Einflussfaktoren gefördert werden, beeinträchtigen insbesondere Stoffwechsel-, Immun- und Entzündungsprozesse (Turrone et al., 2017).

Eine Dysbiose der Darmmikrobiota kann erhebliche Auswirkungen auf das Immunsystem haben. Einerseits begünstigt sie die Entstehung chronisch geringgradiger Entzündungsreaktionen, die durch mikrobielle Stoffwechselprodukte verstärkt werden und sowohl im Darm als auch systemisch wirken. Zusätzlich bewirkt das veränderte mikrobielle Gleichgewicht eine Störung der Regulation immunbiologischer Prozesse, was zu einem Ungleichgewicht zwischen entzündungshemmenden und entzündungsfördernden Mechanismen führt. Ein weiterer wichtiger Effekt betrifft die Unversehrtheit der Darmbarriere. Bei einer Dysbiose ist die Permeabilität des Epithels erhöht (Leaky Gut Syndrom), was das Eindringen mikrobieller Bestandteile in den Blutkreislauf erleichtert und entzündliche Vorgänge verstärkt. Zudem kann diese Störung der Regulation des Immunsystems die Anfälligkeit für allergische Erkrankungen und Autoimmunerkrankungen erhöhen. Es wird ein Zusammenhang zwischen Dysbiosen und dem Auftreten von Asthma sowie allergischen Reaktionen diskutiert. Es gibt ebenfalls Hinweise darauf, dass eine veränderte Mikrobiota zur Entstehung von Typ-1-Diabetes beitragen kann, indem sie eine fehlgeleitete Immunantwort fördert und entzündliche Prozesse verstärkt (Schulz & Malfertheiner, 2024).

Dysbiosen beschränken sich nicht nur auf lokale Veränderungen im Darm; sie haben auch tiefergehende Auswirkungen auf metabolischer Ebene. Das Mikrobiom kann den Energiehaushalt beeinflussen und zur Fetteinlagerung beitragen, indem es Veränderungen in der Produktion von SCFA und im Lipidstoffwechsel herbeiführt. Außerdem tragen dysbiotische Veränderungen zur Ausbildung einer Insulinresistenz bei und verschlechtern die Glukosetoleranz, dabei sind beide wesentliche Mechanismen für die Entstehung von Stoffwechselerkrankungen. Es besteht auch ein enger Zusammenhang zu Typ-2-Diabetes: Eine reduzierte Bildung schützender Metabolite und eine Zunahme entzündungsfördernder Signalwege tragen zu einer gestörten Glukosehomöostase bei (Stallmach & Vehreschild, 2016).

Außerdem wird die Dysbiose als ein wesentlicher Faktor für gastrointestinale Erkrankungen angesehen. Bei chronisch-entzündlichen Darmerkrankungen wie Morbus Crohn oder Colitis ulcerosa tragen

Veränderungen in der Zusammensetzung und Funktion der Mikrobiota wesentlich zu Störungen der Immunhomöostase und der Barriereintegrität bei, wodurch entzündliche Prozesse gefördert werden. Auch beim Reizdarmsyndrom weisen Befunde auf eine veränderte mikrobielle Zusammensetzung hin; vor allem wird eine reduzierte Anzahl an Bifidobakterien mit Symptomen wie Bauchschmerzen verknüpft, auch wenn die Datenlage uneinheitlich bleibt (Schulz & Malfertheiner, 2024).

Eine Dysbiose kann ebenfalls die empfindliche Kommunikation in der Mikrobiota-Darm-Hirn-Achse stören. Insbesondere im neurologischen und psychologischen Bereich gibt es Hinweise darauf, dass Veränderungen der mikrobiellen Zusammensetzung mit Erkrankungen wie Depressionen, Angststörungen oder autistischen Symptomen verknüpft sind. Die neuronale Signalübertragung kann durch eine reduzierte Produktion neuroaktiver Metabolite, wie Neurotransmitter und SCFA, sowie durch eine Zunahme entzündlicher Prozesse beeinflusst werden. Dies kann zur Entstehung solcher Störungen beitragen (Stallmach & Vehreschild, 2016).

Zusammenfassend wird deutlich, dass Dysbiosen der Darmmikrobiota umfassende Auswirkungen auf immunologische, metabolische und neurologische Prozesse haben können. Frühe Lebensphasen sind dabei besonders kritisch: In ihnen kann eine Störung des mikrobiellen Gleichgewichts langfristige gesundheitliche Auswirkungen nach sich ziehen (Schulz & Malfertheiner, 2024). Dies hebt hervor, wie wichtig es ist, das kindliche Mikrobiom im Hinblick auf gegenwärtige Ernährungsgewohnheiten und mögliche Risikofaktoren näher zu untersuchen.

3 Methode

Für die vorliegende Bachelorarbeit wurde eine systematische Literaturrecherche geleistet, die sich am PRISMA-Schema orientiert. Dieses Vorgehen gewährleistet ein transparentes, strukturiertes und nachvollziehbares Verfahren bei der Identifikation und Auswahl relevanter wissenschaftlicher Literatur. Das Ziel war es, Primärstudien zu identifizieren, die die Auswirkungen von UPF und deren Zusatzstoffen auf die bakterielle Diversität und mikrobielle Dysbiose von Kindern und Jugendlichen untersuchen.

Die Recherche erfolgt in den wissenschaftlichen Datenbanken PubMed, ScienceDirect, SpringerLink und BASE. Sie wurden ausgewählt, da sie ein breites Spektrum an qualitativ hochwertigen Fachartikeln im Bereich der Ernährungswissenschaften, Medizin und Gesundheitsforschung abdecken. Zur Formulierung der Suchstring werden gezielte Schlagwörter und Kombinationen von Begriffen verwendet. Die Suchbegriffe werden mit Hilfe von Boole'schen Operatoren (AND, OR) systematisch kombiniert, um sowohl spezifische als auch umfassende Treffer zu erzielen. Die Suchstrings für die jeweiligen Datenbanken wurden in Tabellen mit den verwendeten Suchfiltern, die Anzahl an Treffer und das Datum der Suche dokumentiert (vgl. Tabellen 4–7 im Anhang, ab Seite 44). Die Datenerhebung erfolgte im Zeitraum vom 12. bis 15. Juli 2025.

Der Prozess der Literatursuche, von der Identifikation potenziell relevanter Publikationen über das Titel- und Abstract-Screening bis hin zur finalen Einbeziehung der Studien in die Analyse, erfolgte unter Anwendung der PRISMA-2020-Leitlinien (Page et al., 2021). Die einzelnen Schritte dieses Auswahlverfahrens sind entsprechend der Vorgaben im PRISMA-Flow-Chart detailliert dargestellt (vgl. Abbildung 1). In der ersten Phase der Datenerhebung wurden insgesamt 1.946 Treffer identifiziert. Zur Verwaltung der Literatur und zur systematischen Bearbeitung der Suchergebnisse wurde das Literaturverwaltungsprogramm Zotero (Version 7.0.21) verwendet. Die in den Datenbanken identifizierten Treffer wurden in Zotero zusammengeführt. Die Identifikation von Duplikaten erfolgte primär über die in Zotero integrierte automatische Duplikaterkennung, wodurch 523 Duplikate erkannt wurden. Zusätzlich wurden durch manuelles Screening identische Einträge mit abweichenden Metadaten identifiziert ($n = 30$) und zusammengeführt. Die Anzahl der Duplikate wurde im Screeningprozess berücksichtigt und im PRISMA-Flow-Chart entsprechend dokumentiert (siehe Abbildung 1).

Für das Titel- und Abstract-Screening wurden insgesamt 1.393 Quellen gesichtet. Aufgrund der hohen Zahl an Treffern, Sicherstellung der thematisierten Relevanz sowie der methodischen Qualität der einbezogenen Studien wurden klare Ein- und Ausschlusskriterien definiert und festgelegt (vgl. Tabelle 3). Berücksichtigt wurden ausschließlich peer-reviewed Primärstudien, wie Kohortenstudien, Querschnittsstudien und randomisiert-kontrollierte Interventionsstudien, solange diese Forschungsergebnisse in deutscher oder englischer Sprache präsentieren. Sekundärstudien, wie Metaanalysen oder Reviews, wurden ausgeschlossen. Außerdem richtete sich diese Untersuchung klar auf Kinder

und Jugendliche (0–18 Jahre), weshalb alle anderen Studien mit sonstigen Zielgruppen, wie adulte Populationen ausgeschlossen wurden. Darüber hinaus wurden nur Humanstudien und keine Untersuchungen einbezogen, die an Tiermodellen erfolgten. Studien mit fehlendem Fokus auf den Einfluss von UPF auf die Zusammensetzung und Veränderungen des Darmmikrobioms im Kindes- und Jugendalter wurden bereits in dieser Phase ausgeschlossen. Um die Anzahl der Volltextprüfungen realistisch zu halten, wurde bei Unsicherheiten, die Quelle nur aufgenommen, wenn mindestens vier Einschlusskriterien deutlich erfüllt waren. Anhand der Sichtung des Titels und Abstracts sowie unter Berücksichtigung der Ein- und Ausschlusskriterien wurden in diesem Prozess insgesamt 39 Studien für das Volltext-Screening identifiziert. Im nächsten Schritt wurde die Verfügbarkeit der Volltexte geprüft. Da bereits in der Identifikationsphase Suchfilter für frei zugängliche Volltexte gesetzt worden waren (siehe Tabelle 4–7), standen alle Studien im Volltext zur Verfügung.

Anschließend wurden die Volltexte nach den bereits festgelegten Kriterien bewertet, wobei insbesondere darauf geachtet wurde, ob eine geeignete Vergleichsgruppe vorhanden war, die mit einer nicht-UPF-konsumierenden Gruppe vergleichbar ist. Zudem wurden ausschließlich Studien eingeschlossen, deren Population aus gesunden Kindern und Jugendlichen bestand. Die spezifischen Ausschlussgründe sowie die Anzahl der ausgeschlossenen Studien sind dem PRISMA-Flow-Chart zu entnehmen (siehe Abbildung 1).

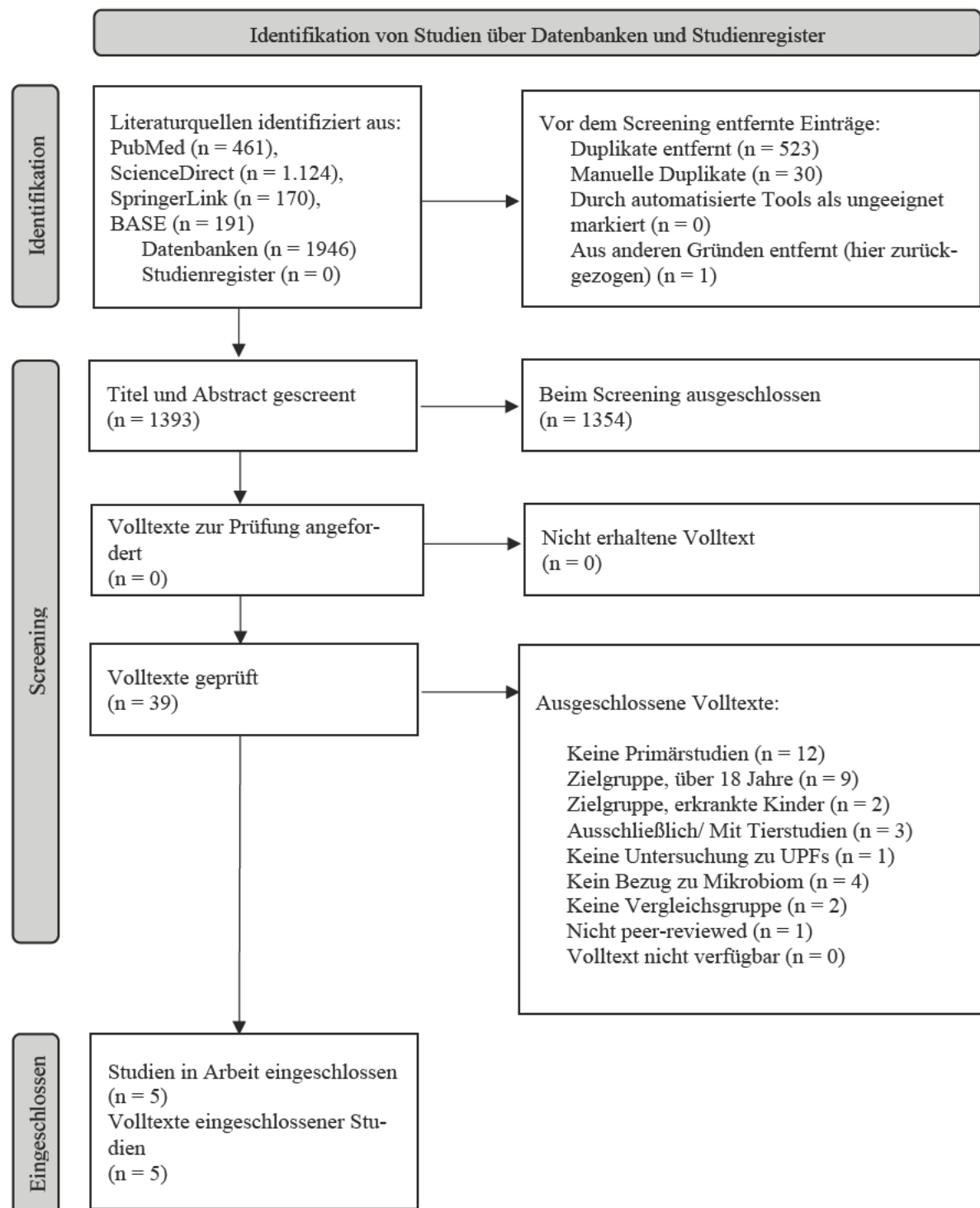
Tabelle 1: Ein- und Ausschlusskriterien der systematischen Literaturrecherche

Einschlusskriterien	Ausschlusskriterien
• Peer-reviewte Primärstudien (Kohorten-, Querschnitts-, randomisiert kontrollierte) • Humanstudien • Kinder und Jugendliche (0–18 J.) • Zielgruppe, gesunde Kinder und Jugendliche • Untersuchung zu UPF, Mikrobiom • Vergleichsgruppe vorhanden • Volltext nicht verfügbar • Sprache: Deutsch, Englisch	• Keine Primärstudien (Reviews, Metaanalysen, Kommentare) • Nicht peer-reviewed • Tiermodelle • Zielgruppe, über 18 Jahre • Zielgruppe, erkrankte Kinder • Keine Untersuchung zu UPF, Mikrobiom • Keine Vergleichsgruppe • Volltext nicht verfügbar

Durch das Volltext-Screening wurden insgesamt fünf Studien ermittelt, die endgültig in die Analyse eingeschlossen wurden (siehe Tabellen 1 und 2).

Die systematische Literaturrecherche fokussierte sich auf Primärstudien, während zur Darstellung des theoretischen Hintergrunds zusätzlich Übersichtsarbeiten, Berichte internationaler Organisationen berücksichtigt wurden. Dabei wurde darauf geachtet, dass auch diese Quellen wissenschaftlichen Standards entsprechen und eine fundierte Grundlage für die Arbeit bieten.

Abbildung 1: PRISMA-Flow-Chart zur Darstellung des Auswahlprozesses der eingeschlossenen Studien im Rahmen der systematischen Literaturrecherche



4 Ergebnisse

In diesem Kapitel werden die Ergebnisse der eingeschlossenen Studien beschrieben. Zu ihrer systematischen Aufbereitung wurde das Population-Intervention-Cotrol-Outcome-Result-(PICOR)-Schema angewendet. Nach der tabellarischen Darstellung der Ergebnisse folgt in den folgenden Abschnitten eine detaillierte Beschreibung. Hier wurden die Studien zur Übersicht nach ihren inhaltlichen Schwerpunkten in zwei Bereiche gegliedert. Der erste Teil behandelt die Studien, die den allgemeinen UPF-Konsum bei Kindern und Jugendlichen betrachten, der zweite konzentriert sich auf Studien, deren Untersuchungen auf Säuglingsnahrung gerichtet ist.

Diese Ergebnisse sind für die Arbeit besonders relevant, da sie die derzeitige Evidenzlage zusammenfassen, die Auswirkungen von UPF und ihrer Zusatzstoffe auf die bakterielle Diversität und mikrobielle Dysbiose im Darmmikrobiom von Kindern und Jugendlichen behandeln.

Legende:

↑	Anstieg
↓	Abnahme
>	Größer als
<	Kleiner als
±	Plusminuszeichen
~	Ungefähr

4.1 Übersicht der eingeschlossenen Studien (PICOR-Schema)

Tabelle 2: PICOR-Tabelle der eingeschlossenen Studien aus der systematischen Literaturrecherche

Studie	Population (P)	Intervention (I)	Vergleichsgruppe (C)	Ergebnisse (O)	Studienart (R)
Faggiani et al. (2025)	N = 86 Kinder (4–7 Jahre), Brasilien	Keine aktive Intervention; Einteilung anhand des UPF-Verzehrs (FFQ, NOVA)	Hoher gegenüber niedrigem UPF-Konsum (nach NOVA-Klassifikation)	Höherer UPF-Konsum war mit einer reduzierten α -Diversität assoziiert sowie mit einer Verschiebung der Zusammensetzung ($\uparrow$ Bacteroides, $\downarrow$ Bifidobakterium)	Querschnittsstudie
Alves et al. (2025)	N = 364 Kinder (6, 11, 12 Jahre), Brasilien	Keine aktive Intervention; Zuordnung zu Konsumgruppen nach Höhe UPF-Anteils	Tertile des UPF-Konsums (quantifiziert über FFQ)	Nach multipler Testkorrektur keine signifikanten Assoziationen mit α - oder β -Diversität. Nominale Zusammenhänge: $\uparrow$ Actinobacteria/Proteobacteria, Genera Bacteroides und Peptostreptococcus, jedoch nicht signifikant False-Discovery-Rate (FDR).	Longitudinale Kohortenstudie
Redruello-Requejo et al. (2025)	N = 19 Jugendliche (13–17 Jahre), Spanien	Keine aktive Intervention; Einteilung über KIDMED-Score (Adhärenz an Mittelmeerdiet) und SQ-HPF-Score (UPF-Konsum), beide als Fragebogen erhoben	HighMD (Hohe Mittelmeer-Diät-Adhärenz) gegenüber LowMD; HighUPF gegenüber LowUPF (SQ-HPF-Score)	Hohe MD-Adhärenz: $\uparrow$ funktionelle Diversität und $\uparrow$ gesundheitsförderliche Genera, wie Butyricoccus, Anaerobutyricum. Hoher UPF-Konsum: ähnliches Muster wie niedrige MD-Adhärenz, mit reduzierter Häufigkeit protektiver Genera. Unterschiede zeigten sich vor allem in β -Diversität, nicht in α -Diversität.	Querschnittsstudie

Tabelle 3: PICOR-Tabelle der eingeschlossenen Studien zu Interventionen mit Säuglingsnahrung und Zusatzstoffe und das kindliche Mikrobiom

Studie	Population (P)	Intervention (I)	Vergleichsgruppe (C)	Ergebnisse (O)	Studienart (R)
Heppner et al. (2024)	N = 210 Säuglinge (0–12 Monate), Deutschland	Formula A: Placebo (n = 36), Formula B: Bifidobacterium longum und B. breve, Formula C: Galacto-Oligosaccharide (GOS) (n = 36), Formula D: Bifidobacterium und GOS (n = 37), Referenz: ausschließlich gestillt (n = 63)	4 Formula-Arme und Referenzgruppe Stillen	GOS-Formula (C, D): ↑ Bifidobacterium-Anteil, ↑ α -Diversität im Zeitverlauf; Metabolite unterscheiden sich signifikant zwischen Stillen und Formula. Circadiane Rhythmik in Mikrobiota entwickelt sich altersbedingt.	Randomisierte kontrollierte Interventionsstudie
Bazanella et al. (2017)	N = 106 Säuglinge (0-12 Monate), Deutschland	Interventions-formula: Zugabe von 4 Bifidobacterium-Stämmen (10^7 CFU/g); Kontrollformula: ohne Supplement; Referenz: ausschließlich gestillt	Formula mit Bifidobacterium-Supplementierung und Kontrollformula; zusätzlich Referenzgruppe Stillen	Interventionsgruppe: ↓ Bacteoides und Blautia 1. Monat; Unterschiede zwischen Interventions- und Kontrollgruppe nahmen im Verlauf ab; keine langfristige Kolonisation der supplementierten Stämme bis 24 Monate.	Doppelblind, randomisiert, placebo-kontrolliert

4.2 Ergebnisse aus Studien zum UPF-Konsum bei Kindern und Jugendlichen

Die Untersuchung von Faggiani et al. analysierte im Rahmen der Maternal and Infant Nutrition Assessment (MINA)-Geburtskohorte den Einfluss, den UPF auf die bakterielle Diversität und Zusammensetzung des Darmmikrobioms im Kindesalter nehmen. Es wurde eine Querschnittsstudie mit 86 brasilianischen Kindern im Alter von 4 bis 7 Jahren durchgeführt. Zur Erfassung des UPF-Konsums wurde ein semi-strukturiertes 24-Stunden-Diätprotokoll im Rahmen des 1-Jahres-Follow-ups erhoben. Auf Basis dieser Angaben wurden die verzehrten Lebensmittel gemäß der NOVA-Klassifikation eingeordnet. Die am häufigsten vorkommenden UPF waren unter anderem: aromatisierte Joghurts, künstliche Säfte, Softdrinks, Schokoladengetränke, Süßwaren, gefüllte Kekse, industriell hergestellte Kuchen, Eiscreme, Snacks, Hotdogs, Hamburger, Wurstwaren und Instantnudeln/-suppen. Zusätzlich wurde der Stillstatus im ersten Lebensjahr berücksichtigt, sodass die Einteilung nicht lediglich nach dem Anteil an UPF in der Ernährung, sondern auch in Kombination mit den Parametern „gestillt“ und „abgestillt“ erfolgte. Beim 1-Jahres-Follow-up wurde erfasst, dass 87,4 % der Kinder mindestens ein UPF täglich konsumierten und 69,2 % der Kinder gestillt wurden. Es wurden vier Vergleichsgruppen gebildet: Gestillt und kein UPF-Konsum ($n = 56$), gestillt und UPF-Konsum ($n = 448$), abgestillt und kein UPF-Konsum ($n = 36$) sowie abgestillt und UPF-Konsum ($n = 188$). Darüber hinaus erfolgte die Messung der mikrobiellen Diversität und Zusammensetzung durch Stuhlproben der Teilnehmer beim 1-Jahres-Follow-up mithilfe der 16S-rRNA-Gensequenzierung. Es wurde die Analyse eines breiten Mikrobiota-Profilings auf der Phyla- und Generalebene vorgenommen, einschließlich der α -Diversität (Observed Amplicon Sequence Variant (ASV), Shannon-, Chao- und Simpson-Index) sowie der β -Diversität (Bray-Curtis-Distanzen, ausgewertet mit Permutational Multivariate Analysis of Variance (PERMANOVA) und Distance-based Redundancy Analysis (db-RDA). Die Analyse ergab, dass der Konsum von UPF mit einer reduzierten α -Diversität des Mikrobioms assoziiert war. Diese signifikanten Veränderungen in der α -Diversität wurden in allen angewendeten Indizes ermittelt (Shannon $p = 0.036$, Chao1 $p = 0.026$, Simpson $p = 0.012$). Darüber hinaus ergaben sich Verschiebungen in der mikrobiellen Zusammensetzung: Kinder mit einem hohen UPF-Konsum wiesen höhere relative Anteile von *Bacteroides* auf, während der Anteil an *Bifidobacterium* geringer war. Auch auf der Ebene der β -Diversität zeigten sich signifikante Unterschiede zwischen den Gruppen (PERMANOVA $p = 0.006$; db-RDA $p < 0.001$). Der zusätzlich berücksichtigte Parameter des Stillstatus im ersten Lebensjahr zeigte, dass gestillte Kinder insgesamt ein deutlich anderes mikrobielles Muster aufwiesen als Kinder, die nicht mehr gestillt wurden. Insbesondere bei den abgestillten Kindern traten die durch UPF verursachten Unterschiede in der α - und β -Diversität sowie in der Zusammensetzung der Mikrobiota besonders hervor. Diese Veränderung verlief bei den gestillten Kindern mit einem UPF-Konsum abgeschwächer (Faggiani et al., 2025).

Alves et al. untersuchten in ihrer Studie, wie der Verzehr von UPF mit der Diversität und Zusammensetzung des kindlichen Darmmikrobioms zusammenhängt. Es handelt sich um eine longitudinale Kohortenstudie in der brasilianischen Pelotas Birth Cohort Study (Pelotas)-Geburtskohorte. Es wurden insgesamt 364 Kinder im Alter von 6, 11 und 12 Jahren zu ihrem Ernährungsverhalten befragt. Der UPF-Konsum wurde mittels Food Frequency Questionnaire (FFQ) erfasst und basierend diesen Ernährungsangaben wurde der UPF-Anteil an der Gesamtenergieaufnahme ermittelt. Anschließend erfolgte eine Einteilung der Kinder in Tertile (niedrig, mittel, hoch) entsprechend dem UPF-Anteil in ihrer täglichen Ernährung. Im Alter von 12 Jahren wurden Stuhlproben zur Bestimmung der mikrobiellen Diversität und Zusammensetzung gesammelt und durch die 16S-rRNA-Gensequenzierung analysiert. Die Auswertung konzentrierte sich auf die Maße der α - und β -Diversität. Für die Bestimmung der α -Diversität wurden Shannon-Entropie, Simpson-Evenness und Chao1-Richness berechnet. Die β -Diversität wurde mit der gewichteten und ungewichteten UniFrac-Distanzen bestimmt und mittels PERMANOVA getestet. Zusätzlich wurde geprüft, ob sich bestimmte bakterielle Taxa in Abhängigkeit des UPF-Konsums unterschiedlich häufig zeigten. In derartigen Analysen besteht ein hohes Risiko für zufällige Treffer, da eine sehr große Anzahl einzelner statistischer Tests, wie für jede Diversitätsmetrik und für zahlreiche Bakteriengruppen durchgeführt wird. Um diesen sogenannten „multiple testing“-Effekt abzufedern, wurde eine FDR-Korrektur angewandt, die die Wahrscheinlichkeit reduziert, fälschlicherweise zufällige Unterschiede als signifikant zu bewerten. Diese Korrektur zeigten keine signifikanten Zusammenhänge zwischen dem Ausmaß des UPF-Konsums und den Diversitätswerten. Vor der Korrektur wiesen die Daten jedoch auf tendenziell höhere Werte der α -Diversität im Shannon-Index bei Kindern niedrigem UPF-Konsum hin. Außerdem waren nominale Trends erkennbar, die auf höhere relative Anteile der Phyla Actinobacteria und Proteobacteria sowie der Genera Bacteroides und Peptostreptococcus bei Kindern mit höherem UPF-Konsum hindeuteten. Nach der Korrektur verloren diese Assoziationen jedoch ihre statistische Signifikanz. Insgesamt konnten demnach keine stimmigen Zusammenhänge zwischen dem UPF-Konsum und der Diversität hergestellt werden (Alves et al., 2025).

Die querschnittliche Beobachtungsstudie von Redruello-Requejo et al. untersuchte, inwiefern der Konsum von UPF und die MD mit der mikrobiellen Diversität und Zusammensetzung des Darmmikrobioms bei Jugendlichen in Zusammenhang stehen. Eingeschlossen wurden 19 gesunde Teilnehmende im Alter von 13 bis 17 Jahren aus Madrid, die nach Alter und Geschlecht stratifiziert rekrutiert wurden. Die Studie verlief ohne aktive Intervention. Mittels zweier validierter Fragebögen wurden die Ernährungsgewohnheiten der Jugendlichen erfasst. Durch den Mediterranean Diet Quality Index for children and adolescents (KIDMED)-Score wurde die Adhärenz an die Mittelmeerdiät bewertet und der Screening-Questionnaire-for-Highly-Processed-Food-consumption (SQ-HPF)-Score stellte den UPF-Konsum dar. Die Jugendlichen wurden anhand der ermittelten Werte Gruppen mit einer hohen oder niedrigen Adhärenz an die MD sowie mit hohem oder niedrigem UPF-Konsum

zugeordnet. Die Ergebnisse machten deutlich, dass eine vielfältigere mikrobielle Funktion besonders bei Jugendlichen mit einer hohen Adhärenz an die MD beobachtet wurde. Anhand des Shannon-Weaver-Indexes wurde die funktionelle Diversität gemessen (High-MD: $4,66 \pm 0,089$; Low-MD: $4,55 \pm 0,13$; $p = 0,470$), wobei sich keine signifikanten Unterschiede zwischen den Gruppen zeigten. Darüber hinaus konnte man bei ihnen häufiger Bakteriengattungen auffinden, die mit gesundheitsförderlichen Eigenschaften verbunden sind, wie *Anaerobutyricum*, *Romboutsia* und *Butyricicoccus*. Im Vergleich dazu konnte eine Ähnlichkeit im Mikrobiom der Jugendlichen mit einem hohen UPF-Konsum und der Jugendlichen mit einer niedrigeren Adhärenz an die MD festgestellt werden. Die genannten gesundheitsförderlichen Bakterien kamen in diesen beiden Gruppen weniger auf, die Zusammensetzung des Mikrobioms war also insgesamt ungünstiger. Die Maße der α -Diversität (Chao1, Shannon, Simpson) wiesen keine relevanten Unterschiede auf. Im Gegensatz dazu wiesen die Analysen der β -Diversität (Bray-Curtis- und Jaccard-Distanzen) deutliche Unterschiede in der Struktur der mikrobiellen Gemeinschaft zwischen der High-MD und High-UPF auf. In dieser Untersuchung konnten Abweichungen besonders durch den Vergleich der Gruppen festgestellt werden. In den einzelnen Proben wurden keine signifikanten Unterschiede deutlich (Redruello-Requejo et al., 2025).

4.3 Ergebnisse zu Interventionen mit Säuglingsnahrungen/ Zusatzstoffen

Heppner et al. untersuchten die Auswirkungen von Säuglingsnahrung, auf die Entwicklung des Darmmikrobioms und des fäkalen Profils der Metaboliten im ersten Lebensjahr. Die Studie ist eine randomisierte kontrollierte Interventionsstudie mit insgesamt 210 Säuglingen. Diese wurden entweder ausschließlich gestillt oder wurden zufällig einer der vier folgenden Gruppen für die Säuglingsformeln zugeordnet: Placebo ohne Zusätze ($n = 63$), eine Supplementierung mit *Bifidobacterium longum* und *Bifidobacterium breve* ($n = 39$), eine mit präbiotischen GOS ($n = 36$) sowie eine Kombination aus *Bifidobacterium*-Stämmen und GOS ($n = 37$). Die Vergleichsgruppe war 63 Säuglinge, die ausschließlich mit Muttermilch gestillt wurden. Zur Erhebung der mikrobiellen Parameter wurden über das erste Lebensjahr hinweg zu mehreren Zeitpunkten Stuhlproben entnommen und mit der 16S-rRNA-Gensequenzierung analysiert. Die α -Diversität wurde anhand von Richness (Zero-radius Operational Taxonomic Units (zOTUs)) und Shannon effective number of species berechnet, während die β -Diversität mittels Generalized UniFrac-Distanzen und Multidimensional Scaling (MDS) ausgewertet wurde. Es wurden außerdem Metabolitenprofile erstellt und zirkadiane Muster in Diversität, Taxa und funktionellen Pfaden analysiert. Durch die Analysen konnte festgehalten werden, dass die größten Veränderungen in dem Darmmikrobiom der Säuglinge durch ihr voranschreitendes Alter beobachtet werden konnte, da die Vielfalt der Bakteriengruppen zunahm. Die Art der Ernährung erzeugte zusätzliche Unterschiede, wobei *Bifidobacterium* in der Gruppe der gestillten Säuglinge am stärksten vertreten war (mittlere relative Häufigkeit $\sim 41\%$ über alle Zeitpunkte). Auch bei Kindern, die mit der GOS-haltigen Formel versorgt wurden, trat ein vergleichbarer Effekt auf, da dort die *Bifidobacterien* bewahrt werden konnten. Im Gegensatz dazu konnte bei der Gruppe mit der mit

probiotischen Bifidobacterium-Stämmen versetzten Formel und der Placebo-Gruppe ein niedrigerer Anteil an Bifidobakterien und keine anhaltende Steigerung beobachtet werden. Die Clusteranalysen, bei denen die Stuhlproben anhand ihrer mikrobiellen Zusammensetzung rechnerisch gruppiert wurden, zeigten drei Hauptmuster, die von den Ordnungen Bifidobacteriales (Cluster 1), Enterobacterales (Cluster 2) und Bacteroidales (Cluster 3) geprägt waren. Das Cluster bei dem Bifidobacteriales dominierte konnte in einen direkten Zusammenhang mit der gestillten Gruppe gebracht werden (adj. $p = 0,003$). Die Zusammensetzung der Mikrobiota der gestillten Säuglinge wich im Vergleich zur Placebo-Gruppe, im Hinblick auf die relative Häufigkeit bestimmter Gattungen, am stärksten ab. Die Untersuchungen zeigten ebenso Abweichungen in der Zusammensetzung der Bakterien in Abhängigkeit zu der Tageszeit. Es wurden signifikante zirkadiane Muster in der bakteriellen Richness ($p = 0,016$) und im Shannon-Index ($p = 0,0018$) nachgewiesen. Zudem traten rhythmische zOTUs insbesondere in den Gattungen Bifidobacterium, Bacteroides, Streptococcus und Clostridium auf. Besonders bei den Gruppen von Säuglingen, die gestillt und GOS-haltige Formel erhielten, nahmen diese Veränderung in der bakteriellen Diversität, das Vorkommen bestimmter Taxa und stoffwechselbedingte Mechanismen mit zunehmendem Alter zu. Zudem machten sich zwischen den Gruppen der gestillten Säuglinge und der mit Formula starke Unterschiede in den fäkalen Metabolitenprofilen deutlich. Die Ergebnisse deuten auf den Einfluss der Ernährung auf mikrobiologische und metabolische Entwicklung in den ersten Lebensphasen hin (Heppner et al., 2024).

In der doppelblind, randomisierten, placebokontrollierten Studie von Bazanella et al. wurden insgesamt 106 gesunde Säuglinge untersucht. Es wurde erforscht, wie sich eine probiotische Ergänzung der Säuglingsnahrung mit Bifidobacterium-Stämmen (*B. bifidum*, *B. breve*, *B. longum* und *B. longum subspecies infantis*) auf die Entwicklung des Darmmikrobioms im ersten Lebensjahr auswirkt. Die Probanden wurden in zwei Gruppen aufgeteilt und erhielten entweder eine standardisierte Säuglingsmilch mit der probiotischen Zugabe ($n = 48$) oder eine identische Kontrollformel ohne diese Anreicherungen ($n = 49$). Darüber hinaus dienten neun ausschließlich gestillte Kinder als Referenzgruppe. Über einen Zeitraum von zwei Jahren wurden zur Analyse den Säuglingen regelmäßig Stuhlproben entnommen. Anschließend wurde durch die 16S-rRNA-Genamplikonssequenzierung die mikrobielle Zusammensetzung analysiert. Der Fokus der Analyse lag hierbei auf der α - und β -Diversität, die Häufigkeit bestimmter Taxa mit einem Fokus auf Bifidobacterium und anderen in der frühen Kolonisation des Darmes relevanten Gattungen. Die α -Diversität wurde anhand von Richness und Shannon effective diversity berechnet, die β -Diversität über Generalized UniFrac-Distanzen ausgewertet. Die Resultate zeigten zu Beginn der Intervention, dass Säuglinge, die mit einer probiotischen Nahrung gefüttert wurden, im Gegensatz zur Gruppe mit der alternativen Nahrung, vermehrt Bifidobakterien aufwiesen, während die Häufigkeit potenziell ungünstigeren Gattungen in diesem Alter, wie Bacteroides und Blautia abnahm. Diese signifikante Veränderung konnte bereits ab dem dritten Monat in der α -Diversität zwischen gestillten und formulaernährten Kindern festgestellt

werden (Richness und Shannon signifikant niedriger bei Stillkindern; $p < 0,005$). In der β -Diversität zeigten sich ebenfalls Unterschiede bis zum 12. Monat zwischen Still- und Formula-Kinder ($p < 0,005$). Zudem trat im ersten Monat bei den mit Probiotika versorgten Säuglingen eine Veränderung in Lipiden und unbekannten Metaboliten auf. Letzteres und auch die vermehrte Kolonisation der zugesetzten Stämme hielt im Mikrobiom der Säuglinge jedoch nicht dauerhaft an. Die Differenzen zwischen der Interventions- und Kontrollgruppe nahmen über die Untersuchungszeit hinweg ab und begannen sich zu ähneln. Die gestillten Kinder der Referenzgruppe wiesen über die gesamte Zeit im Allgemeinen sowohl eine stärkere mikrobielle Zusammensetzung als auch ein stabileres Mikrobiomprofil gegenüber der mit Formula genährten Kinder auf. Bei den gestillten Kindern lag der relative Anteil von *Bifidobacterium* im ersten Jahr bei durchschnittlich 37 % und ~15 % in der Formula-Gruppe ($p < 0,0005$) (Bazanella et al., 2017).

5 Diskussion

5.1 Diskussion der Ergebnisse der eingeschlossenen Studien

Es werden vorliegend fünf Studien zusammengefasst, die den Einfluss von UPF und deren Zusatzstoffe auf das Darmmikrobiom gesunder Kinder und Jugendlicher untersucht haben (Alves et al., 2025; Bazanella et al., 2017; Faggiani et al., 2025; Heppner et al., 2024; Redruello-Requejo et al., 2025). Ziel der Diskussion ist es, die zentralen Ergebnisse dieser Studien vergleichend zu betrachten und im Hinblick auf die Forschungsfrage kritisch einzuordnen. Dabei werden Gemeinsamkeiten und Unterschiede herausgearbeitet sowie methodische Aspekte berücksichtigt, die zur Interpretation der Befunde beitragen. Damit sollen übergreifende Muster erkennbar werden, die Aufschluss über die Auswirkungen des UPF-Konsums und deren Zusatzstoffen auf die Diversität und Zusammensetzung des kindlichen Mikrobioms geben.

Die Erkenntnisse der Untersuchung von Faggiani et al. in einer brasilianischen Kohorte (MINA) zeigte, dass bei den Kindern mit einem UPF-Konsum eine reduzierte α -Diversität sowie signifikante Unterschiede in der β -Diversität festgestellt wurden. Außerdem wurde ermittelt, dass die relative Häufigkeit von *Bifidobacterium* abnimmt und die von *Bacteroides* zunimmt. Die Ergebnisse lassen darauf schließen, dass ein UPF-Konsum im Zusammenhang mit einer veränderten mikrobiellen Diversität und Zusammensetzung steht (Faggiani et al., 2025).

Die Studie von Alves et al., die ebenfalls eine brasilianische Kohorte (Pelotas) und Kinder in einem ähnlichen Alter untersuchte, zeigte, dass sich besonders in dem Mikrobiom der Kinder aus den obersten Tertil (hoher UPF-Konsum) ein Muster bemerkbar machte. Der Anteil an Familien, wie *Lachnospiraceae* und *Veillonellaceae* stieg und günstigere Gruppen, wie *Oscillospiraceae* und *Akkermansiaceae* nahmen ab (Alves et al., 2025). Es ist jedoch zu berücksichtigen, dass die beobachteten Assoziationen aus methodischer Sicht nach Korrektur für multiple Tests ihre Signifikanz verloren. Die Ergebnisse deuteten somit zwar in eine ähnliche Richtung wie Faggiani et al. (2025), sollten jedoch mit Vorsicht interpretiert werden (Alves et al., 2025).

Insgesamt weisen beide Studien darauf hin, dass ein hoher Konsum von UPF mit einer Verschiebung weg von bifidobakterienreichen und als günstig gelten Profilen hin zu weniger vorteilhaften Taxa verbunden waren. Diese Veränderungen der mikrobiellen Zusammensetzung weisen Merkmale auf, die zunehmend einem dysbiotischen Zustand ähneln (Alves et al., 2025; Faggiani et al., 2025). Während die Ergebnisse von Faggiani et al. diesen Zusammenhang deutlich und konsequent belegten (Faggiani et al., 2025), zeigten sich bei Alves et al. zwar ähnliche Muster, die nach methodischer Anpassung jedoch nicht robust blieben und daher mit Vorsicht zu interpretieren sind (Alves et al., 2025).

Die Querschnittstudie von Redruello-Requejo et al. (2025), die spanische Jugendliche untersuchte, zeigte ebenfalls die Bedeutung von UPF für das Darmmikrobiom im Jugendalter. Es wurde fest-

gestellt, dass Jugendliche mit einer hohen Adhärenz an die MD vermehrt gesundheitsförderliche Gattungen wie *Paraclostridium*, *Anaerobutyricum*, *Butyricoccus* und *Romboutsia* aufwiesen. Im Gegensatz dazu nahmen die Häufigkeit dieser Gattungen bei den Jugendlichen mit dem hohen UPF-Konsum ab. Die α -Diversität unterschied sich zwischen den Gruppen nicht signifikant, jedoch zeigten sich klare Unterschiede in der β -Diversität, was auf eine veränderte Zusammensetzung des Mikrobioms vermuten lässt (Redruello-Requejo et al., 2025).

Die Resultate aus der Jugend deuten demnach in eine ähnliche Richtung wie die zuvor beschriebenen Muster aus den brasilianischen Studien. Es wurden zwar unterschiedliche Taxa in den einzelnen Studien identifiziert, jedoch zeigte sich insgesamt, dass Ernährungsweisen mit hohem UPF-Anteil tendenziell mit einer Verschiebung zu weniger vorteilhaften mikrobiellen Profilen verbunden ist (Alves et al., 2025; Faggiani et al., 2025; Redruello-Requejo et al., 2025).

Die drei genannten Studien untersuchten einen direkten Zusammenhang zwischen dem Konsum von UPF und Veränderungen des Mikrobioms in der frühen Kindheit bis hin zur Adoleszenz (Alves et al., 2025; Faggiani et al., 2025; Redruello-Requejo et al., 2025). Im Gegensatz dazu widmeten sich die Interventionsstudien von Heppner et al. und Bazanella et al., inwieweit bestimmte Zusatzstoffe in Säuglingsnahrung, wie präbiotische GOS oder probiotische Bifidobakterien, die Entwicklung der Darmmikrobiota im Säuglingsalter beeinflussen. Der Fokus liegt demnach auf den einzelnen Komponenten, wie Pro- und Präbiotika und weniger auf den gesamten UPF. In beiden Studien wurde aber auch eine Placebogruppe festgelegt, die die Formel ohne jegliche Zusätze im Hinblick auf ihre Auswirkung auf das Mikrobiom analysiert hat. Zudem wurde in beiden Studien Referenzgruppen aus ausschließlich mit Muttermilch gestillten Säuglingen bestimmt (Bazanella et al., 2017; Heppner et al., 2024). An dieser Stelle ist zu betonen, dass Pro- und Präbiotika, die in den beiden Untersuchungen (Bazanella et al., 2017; Heppner et al., 2024) eingesetzt wurden nicht zu typischen Zusatzstoffen von UPF gehören. UPF sind vor allem durch sensorische und technologische Zusatzstoffe, wie Emulgatoren und Konservierungsstoffen charakterisiert, die die Konsistenz und Haltbarkeit des Lebensmittels verändern (Monteiro et al., 2019). Pro- und Präbiotika gelten als funktionelle Zusatzstoffe, die beabsichtigen eine zusätzliche gesundheitliche Wirkung zu erzeugen. Säuglingsnahrung im Allgemeinen gehört nach den NOVA-Klassifikation zu UPF, da sie industriell hergestellt wird und eine Vielzahl von Inhaltsstoffen enthält, die über eine einfache Verarbeitung hinausgehen (Moubarac et al., 2016). In diesem Zusammenhang ist im Rahmen dieser Untersuchung der Fragestellung die mikrobiellen Befunde der Placebogruppen besonders relevant, da sie die UPF konsumierende Untersuchungsgruppe ohne die Anreicherung mit funktionellen Zusatzstoffen der Säuglingsnahrung darstellt. Des Weiteren ist die Referenzgruppe, die mit ausschließlich Muttermilch gestillten Kindern entscheidend, da sie den Gegensatz zu den formulaernährten Kindern darstellt und somit die Gruppe ohne UPF-Konsum abbildet. Im Fokus der Betrachtung stehen in den Studien von Heppner et al. (2024) und Bazanella et al. (2017), im Rahmen dieser Arbeit aus diesem Grund, besonders die Placebogruppen und die der gestillten Säuglinge.

In der Analyse von Heppner et al. wurde festgestellt, dass im Mikrobiom der Gruppe der gestillten Säuglinge *Bifidobacterium* am stärksten vertreten war. Die Placebogruppe wies dagegen deutlich geringere Anteile an *Bifidobacterium* auf. Neben den anderen Gruppen von mit Pro- und Präbiotika angereicherten Säuglingsnahrungen unterschied sie die Placebogruppe am stärksten von der Gruppe der gestillten Kinder. Zudem verdeutlichten die Clusteranalysen zusätzlich die klare Abgrenzung zwischen gestillten und formulaernährten Kindern. Dabei wurden die gestillten Kinder einem durch *Bifidobacteriales* dominierten Muster zugeordnet, während die Placebogruppe stärker dem Muster von *Enterobacterales* und *Bacteroidales* zugeordnet wurden (Heppner et al., 2024).

Die Untersuchung von Bazanella et al. zeigte ebenfalls eine starke Abweichung zwischen den gestillten Säuglingen und der Placebogruppe. Während im Mikrobiom der gestillten Kinder *Actinobacteria*, insbesondere *Bacterium longum* dominierte, kamen bei der Placebogruppe vermehrt *Firmicutes* vor. Zudem trat dort vermehrt *Bacteroides fragilis* auf, eine Art, die im Zusammenhang mit einer weniger günstigen mikrobiellen Zusammensetzung steht. Es lagen auch signifikante Unterschiede in der α - und β -Diversität vor. Außerdem wies das Mikrobiom der gestillten Säuglinge über den ganzen Beobachtungszeitraum hinweg eine höhere Häufigkeit von *Bifidobacterium* und eine insgesamt stabile Zusammensetzung auf. Im Gegensatz dazu war das Mikrobiom der Placebogruppe ärmer an *Bifidobacterium*, geprägt von potenziell weniger günstigen Bakterien, wie *Bacteroides fragilis* und einer allgemein abweichenden Zusammensetzung der Mikrobiota (Bazanella et al., 2017).

In beiden Studien wies je eine Gruppe über den ganzen Beobachtungszeitraum hinweg das günstigste Mikrobiomprofil nach, welche die Gruppe der gestillten Säuglinge war. Die Ergebnisse zeigen damit auf, dass einzelne Bestandteile von UPF wie den Zusätzen mit Pro- und Präbiotika das Mikrobiom modulieren, jedoch sind ihre Effekte in Bezug auf ihre Langfristigkeit nicht mit der Muttermilch mithalten. Aus diesem Grund wird die entscheidende Bedeutung des Stillens mit der Muttermilch betont (Bazanella et al., 2017; Heppner et al., 2024). Auch in der Studie von Faggiani et al. wurde durch den zusätzlich berücksichtigten Parameter des Stillstatus im ersten Lebensjahr Unterschiede unter den Gruppen deutlich. Es wurde nachgewiesen, dass die Auswirkungen durch den UPF-Konsum besonders bei den abgestillten Kindern stärker in der α - und β -Diversität sowie die Zusammensetzung der Mikrobiota ausfielen als bei den gestillten Kindern. Dies war auch an den hohen Anteil an *Firmicutes*, insbesondere *Blautia* erkennbar. Die Ergebnisse legen nahe, dass Stillen die negativen Auswirkungen von UPF auf das frühe Mikrobiom teilweise verringern könnte (Faggiani et al., 2025). Die Studien Heppner et al. und Bazanella et al., die beide Säuglinge im Fokus ihrer Betrachtung hatten, stellten in ihren Untersuchungen fest, dass das Alter der Säuglinge den wichtigsten Einfluss auf die Diversitätsentwicklung hatte, während die Art der Ernährung zusätzlich prägende Effekte ausübte. Der Einfluss von UPF auf das kindliche Mikrobiom kann demnach nicht isoliert betrachtet werden, denn sie steht besonders in den frühen Lebensjahren im Zusammenhang mit natürlichen Prozessen von Wachstum und Reifung. Die Ergebnisse zeigen jedoch auch, dass die Ernährung die Richtung dieser Reifung entscheidend mitbestimmt (Bazanella et al., 2017; Heppner et al., 2024).

Neben dem beschriebenen Einfluss von Alter und der Ernährung auf die Reifung des Mikrobioms machten Untersuchungen deutlich, dass sich auch zeitabhängige Faktoren in den mikrobiellen Mustern widerspiegeln. So konnten signifikante tageszeitabhängige Unterschiede sowohl in der bakteriellen Diversität als auch in der Abundanz bestimmter Gattungen wie *Bifidobacterium*, *Bacteroides*, *Streptococcus* und *Clostridium* festgestellt werden. Diese Effekte waren bei den gestillten Säuglingen am deutlichsten ausgeprägt, während in der Placebogruppe rhythmische Muster, vor allem in weniger günstigen Gattungen wie *Clostridium* und *Bacteroides* auftraten. Dies verdeutlicht, dass Säuglingsnahrung als UPF nicht nur die Zusammensetzung, sondern auch die zeitliche Dynamik des Mikrobioms in eine eher ungünstige Richtung verschieben kann (Heppner et al., 2024).

Zusammenfassend zeigen die einbezogenen Studien übereinstimmend, dass ein hoher Verbrauch von UPF mit Veränderungen der mikrobiellen Zusammensetzung im Kindes- und Jugendalter verbunden ist, die Merkmale einer Dysbiose aufweisen (Alves et al., 2025; Faggiani et al., 2025; Redruello-Requejo et al., 2025). Verschiebungen hin zu weniger vorteilhaften Taxa werden besonders deutlich, während die Zahl der bifidobakterienreichen und als günstig geltenden Profile abnimmt (Alves et al., 2025; Faggiani et al., 2025). Obwohl die Designs und Populationen variieren, zeigen alle Studien eine ähnliche Tendenz, selbst wenn die Resultate einzelner Untersuchungen methodisch abgeschwächt sind (Alves et al., 2025). Gleichzeitig zeigen die Ergebnisse aus den Placebo- und Stillgruppen, dass in den ersten Lebensjahren, insbesondere das Stillen, entscheidend für die Entwicklung eines stabilen und vielfältigen Mikrobioms ist (Bazanella et al., 2017; Heppner et al., 2024).

Es besteht jedoch noch eine erhebliche Forschungslücke: Humanstudien, die den isolierten Einfluss charakteristischer Zusatzstoffe von UPF, wie Emulgatoren, Süßstoffe oder Konservierungsstoffe, gezielt im Kindes- und Jugendalter, fehlen bislang. Die vorliegenden Daten beziehen sich auf den Gesamtverzehr von UPF (Alves et al., 2025; Faggiani et al., 2025; Redruello-Requejo et al., 2025) oder auf die funktionellen Zusätze wie Pro- und Präbiotika (Bazanella et al., 2017; Heppner et al., 2024), die nicht als typische Zusatzstoffe in UPF gelten. Nach der NOVA-Klassifikation sind UPF vor allem durch sensorische und technologische Zusatzstoffe wie Emulgatoren und Konservierungsstoffe gekennzeichnet (Monteiro et al., 2019). Um ein besseres Verständnis der zugrunde liegenden Mechanismen zu erlangen, sind weitere methodisch fundierte Studien notwendig, vorzugsweise longitudinal angelegte und randomisierte Interventionsstudien, die sowohl den Gesamtverzehr als auch einzelne Zusatzstoffe differenziert untersuchen.

Daher leisten die bisherigen Resultate einen wesentlichen Beitrag zu dem Verständnis, dass UPF das kindliche Mikrobiom in eine ungünstigere Richtung beeinflussen können; sie zeigen jedoch auch die Grenzen der gegenwärtigen Evidenz auf. Um die Aussagekraft der präsentierten Ergebnisse einordnen zu können, wird im folgenden Abschnitt die methodische Qualität der eingeschlossenen Studien kritisch betrachtet.

5.2 Diskussion der Methodik der eingeschlossenen Studien

Neben den Unterschieden und Gemeinsamkeiten in den Ergebnissen der eingeschlossenen Studien ist auch eine Betrachtung der Methodik der Studien zu berücksichtigen. Faggiani et al. führte eine als Querschnittsstudie angelegte Untersuchung durch, in der zur Erfassung des UPF-Konsums lediglich ein einzelnes 24-Stunden-Diätprotokoll verwendet wurde. Dies führte dazu, dass die habitualen Ernährungsgewohnheiten nur eingeschränkt abgebildet werden konnten. Die Stichprobe umfasste mit 86 Kindern zudem eine relativ kleine Anzahl, was die Generalisierbarkeit einschränkt, wobei der zusätzliche Einbezug des Stillstatus als methodische Stärke gilt (Faggiani et al., 2025). Auch die Studie von Alves et al. basierte auf einer brasilianischen Kohorte, jedoch nutze sie wiederholte 24-Stunden-Recalls und hatte eine größere Stichprobe. Dies ermöglichte eine detaillierte Erfassung der Ernährungsdaten. Die beobachteten Assoziationen verloren jedoch ihre Signifikanz, nachdem eine Korrektur für multiple Tests vorgenommen wurde. Daher sollten die Ergebnisse vorsichtig interpretiert werden (Alves et al., 2025).

In der Querschnittsstudie von Redruello-Requejo et al. hatte eine besonders kleine Stichprobe von 19 Jugendlichen und die Ernährung wurde mittels FFQ erfasst, die anfälliger für Erinnerungsfehler sind als 24-Stunden-Erhebungen. Obwohl die Ergebnisse inhaltlich mit den brasilianischen Studien von Alves et al. (2025) und Faggiani et al. (2025) vergleichbar sind, können sie nur eingeschränkt übertragen werden (Redruello-Requejo et al., 2025).

Die beiden Interventionsstudien weisen die höchste methodische Qualität auf. In einer Studie von Heppner et al. wurden 210 Säuglinge randomisiert und kontrolliert untersucht, um Nahrung mit und ohne Zusätze direkt mit einer Stillgruppe zu vergleichen. Die Studie liefert trotz der Einschränkungen der Beobachtungszeit auf das erste Lebensjahr ein besonders detailliertes Bild, dank umfassender Analysen von Diversität, Metabolitenprofilen und zirkadianen Mustern (Heppner et al., 2024). Die Studie von Bazanella et al. war doppelblind, randomisiert und placebokontrolliert angelegt und umfasste 106 Säuglinge, die über einen Zeitraum von zwei Jahren untersucht wurden. Die Ergebnisse können methodisch robust eingeordnet werden, da ein längerer Beobachtungszeitraum und Einbeziehung einer Stillgruppe als Referenz verwendet wurden, obwohl die Gruppengröße klein waren und die Teilnehmerzahl im Verlauf abnahm (Bazanella et al., 2017).

Die eingeschlossenen Studien verdeutlichen, dass neben der Ernährung auch andere Einflüsse, wie der Stillstatus, der Gebrauch von Antibiotika oder sozioökonomische Bedingungen, das Mikrobiom prägen könnten und somit die Befunde mitbestimmen. Faggiani et al. betrachteten den Stillstatus im ersten Lebensjahr als wesentlichen Parameter (Faggiani et al., 2025), während Alves et al. in ihren Analysen zusätzlich Variablen wie Geburtsgewicht, Gestationsalter, Geburtsmodus, Stilldauer, Antibiotikanutzung und sozioökonomischen Status berücksichtigen (Alves et al., 2025). Redruello-Requejo et al. untersuchten solche Einflussgrößen weniger, was die Generalisierbarkeit aufgrund der sehr kleinen Stichprobe weiter einschränkt (Redruello-Requejo et al., 2025). Die Randomisierung in

den Interventionsstudien von Heppner et al. und Bazanella et al. konnten viele dieser potenziellen Störfaktoren zwischen den Gruppen ausgleichen (Bazanella et al., 2017; Heppner et al., 2024). Bazanella et al. sammelten zudem Basisdaten zu Faktoren wie Antibiotikatherapie oder Geburtsmodus und berücksichtigten diese bei der Gruppeneinteilung (Bazanella et al., 2017).

Zusammenfassend ist festzustellen, dass die methodische Qualität und Aussagekraft der einbezogenen Studien variieren. Die Interventionsstudien von Heppner et al. (2024) und Bazanella et al. (2017) liefern aufgrund ihres randomisierten Designs und der Einbeziehung von Kontrollgruppen die robustesten Ergebnisse, während die Beobachtungsstudien durch Einschränkungen, wie kleine Stichproben, Querschnittsdesigns und methodischen Schwächen bei der Erfassung des Ernährungsverhaltens stärker limitiert (Alves et al., 2025; Faggiani et al., 2025; Redruello-Requejo et al., 2025). Die Ergebnisse zeigen sich trotz dieser Einschränkungen insgesamt konsistent, jedoch sind sie hinsichtlich der Generalisierbarkeit und Kausalität begrenzt und müssen sorgfältig eingeordnet werden.

5.3 Diskussion der Methodik dieser Arbeit

Die ausgewählte Vorgehensweise nach PRISMA stellt eine wesentliche methodische Stärke vorliegender Arbeit dar, da sie ein transparentes Vorgehen bei der Literatursuche ermöglicht. Durch die Nutzung mehrerer Datenbanken (PubMed, ScienceDirect, SpringerLink, BASE) wurde ein breites Spektrum an wissenschaftlicher Literatur berücksichtigt und das Risiko reduziert, relevante Publikationen zu übersehen. Auch die Kombination automatischer und manueller Duplikaterkennung in Zotero trug zur Qualitätssicherung bei.

Gleichzeitig sind mit der gewählten Methodik auch Einschränkungen verbunden. Durch die Fokussierung ausschließlich auf peer-reviewte Primärstudien in englischer und deutscher Sprache könnten relevante Studien in anderen Sprachen unberücksichtigt geblieben sein, was zu einem language bias führen kann. Die bewusste Entscheidung, nur Humanstudien einzubeziehen, stärkt zwar die Übertragbarkeit der Ergebnisse auf die Zielpopulation, reduzierte jedoch die Zahl der potenziell relevanten Arbeiten deutlich. Darüber hinaus kann die Definition enger Einschlusskriterien, wie die Beschränkung auf gesunde Kinder und Jugendliche, zwar methodisch sinnvoll sein, führte aber zu einer geringen Zahl eingeschlossener Studien ($n = 5$). Dies schränkt die Generalisierbarkeit der Ergebnisse erheblich ein.

Besonders deutlich wurde im Rechercheprozess die insgesamt begrenzte Datenlage. Es konnten keine Humanstudien identifiziert werden, die den isolierten Einfluss charakteristischer Zusatzstoffe von UPF, wie etwa Emulgatoren oder Süßstoffe, auf das kindliche Mikrobiom untersucht haben. Obwohl die Suchstrategie breit angelegt war, mit der Nutzung mehrerer Datenbanken und umfangreicher Suchstrings, führte dies zwar zu einer hohen Trefferzahl, aber nicht zu einem entsprechenden Mehrwert hinsichtlich relevanter Primärstudien. Viele Treffer betrafen verwandte Themenfelder, ohne den spezifischen Zusammenhang zwischen UPF, deren Zusatzstoffen und dem kindlichen Mikrobiom abzubilden. Es zeigte sich, dass die verfügbare Evidenz insbesondere auf Tierstudien oder

Erwachsenenpopulationen basiert, wodurch für Kinder und Jugendliche direkte Aussagen nur eingeschränkt möglich sind. Aus diesem Grund musste der Forschungsfokus stärker auf den UPF-Gesamtverzehr gelegt werden, sodass die Effekte einzelner Zusatzstoffe lediglich indirekt berücksichtigt werden konnten.

Auch der Einsatz von Suchstrings mit Boole'schen Operatoren stellt zwar eine methodische Stärke dar, da er eine systematische Abfrage ermöglicht. Dennoch besteht weiterhin die Möglichkeit, dass die gewählten Schlagwörter nicht sämtliche relevanten Studien erfassen. Hinzu kommt, dass trotz der Nutzung mehrerer Datenbanken ein Publikationsbias nicht ausgeschlossen werden kann, da unveröffentlichte oder in kleineren Fachjournals erschienenen Arbeiten möglicherweise nicht berücksichtigt wurden.

Insgesamt bietet die Methodik eine solide Grundlage für die Beantwortung der Forschungsfrage, erfordert jedoch eine vorsichtige Interpretation der Ergebnisse im Hinblick auf die stark eingeschränkte Datenbasis, die thematische Begrenzungen der verfügbaren Studien sowie potenzielle Verzerrungen durch Such- und Publikationsgrenzen.

6 Fazit und Ausblick

Die hiermit schließende Arbeit sammelte die Ergebnisse von fünf Primärstudien, in denen der Einfluss von UPF und deren Zusatzstoffen auf das Darmmikrobiom gesunder Kinder und Jugendlichen untersucht wurde. Die Studiendesigns und Populationen variieren, jedoch zeigt sich ein einheitliches Muster. Der hohe UPF-Verzehr steht im Zusammenhang mit einer mikrobiellen Zusammensetzung, die dysbiotische Merkmale aufweist. Die Beobachtungsstudien ergaben vor allem eine verringerte α -Diversität und Unterschiede in der β -Diversität, einhergehend mit einer Verschiebung hin zu weniger vorteilhaften mikrobiellen Profilen. Besonders auffällig war der Rückgang von *Bifidobacterium* sowie die Zunahme von Taxa, die in der Literatur mit ungünstigen Gesundheitsparametern in Verbindung gebracht werden.

Außerdem zeigten die Interventionsstudien zur Säuglingsnahrung, dass das Stillen die besonders vorteilhaften Mikrobiomprofile begünstigt. Im Vergleich zeigten Placebogruppen, die UPF-basierte Nahrung ohne funktionelle Zusätze erhielten, mikrobielle Muster von geringerer Stabilität und geringeren Vorteil. Das Stillen stellte sich als schützender Faktor dar, der die mutmaßlich nachteiligen Auswirkungen von UPF auf das frühe Mikrobiom teilweise mildern kann.

Die Forschungsfrage dieser Arbeit kann somit dahingegen beantwortet werden, dass im Kindes- und Jugendalter UPF mit einer ungünstigen Veränderung der mikrobiellen Diversität und Zusammensetzung assoziiert werden. Die vorliegenden Ergebnisse weisen somit Tendenzen zu einer Dysbiose bei hohem UPF-Konsum hin. Diese Arbeit leistet einen wissenschaftlichen Beitrag, indem sie die wenigen Humanstudien zu diesem Thema systematisch zusammenführt und kritisch bewertet.

Gleichzeitig wurde deutlich, dass die Evidenzbasis noch stark begrenzt ist. Es mangelt insbesondere an Humanstudien, die den isolierten Einfluss von charakteristischen Zusatzstoffen in UPF wie Emulgatoren, Süßstoffen oder Konservierungsstoffen im Kindes- und Jugendalter untersuchen. Die verfügbaren Studien konzentrieren sich hauptsächlich auf den Gesamtverzehr von UPF oder auf funktionelle Zusätze wie Pro- und Präbiotika, die von den typischen technologischen Zusatzstoffen abweichen. In der Zukunft sind daher methodisch solide, vorzugsweise longitudinale Interventionsstudien nötig, die sowohl den Gesamtverzehr als auch spezifische Zusatzstoffe differenziert untersuchen.

Diese Arbeit hebt die praktische Bedeutung der frühkindlichen Ernährung hervor. Eine Verringerung des UPF-Konsums sowie die Unterstützung des Stillens können einen erheblichen Beitrag zur Vorbeugung von Dysbiose leisten und so langfristig eine gesunde Entwicklung fördern. Die Ergebnisse legen nahe, dass Ernährungsmuster im Kindesalter maßgeblich die mikrobielle Reifung beeinflussen und somit einen guten Ansatzpunkt für weitere Forschungen und präventive Maßnahmen darstellt.

Literaturverzeichnis

- Alves, E. D., Carpena, M. X., Barros, A. J. D., Comelli, E. M., López-Domínguez, L., Bandsma, R. H. J., dos Santos, I. da S., Matijasevich, A., Vaz, J. dos S., Buffarini, R., Bierhals, I. O., Borges, M. C., & Tovo-Rodrigues, L. (2025). Exploring the relationship between ultra-processed food consumption and gut microbiota at school age in a Brazilian birth cohort. *Cadernos de Saúde Pública*, 41(2), e00094424. <https://doi.org/10.1590/0102-311XEN094424>
- Atzeni, A., Martínez, M. Á., Babio, N., Konstanti, P., Tinahones, F. J., Vioque, J., Corella, D., Fitó, M., Vidal, J., Moreno-Indias, I., Pertusa-Martinez, S., Álvarez-Sala, A., Castañer, O., Goday, A., Damas-Fuentes, M., Belzer, C., Martínez-Gonzalez, M. Á., Hu, F. B., & Salas-Salvadó, J. (2022). Association between ultra-processed food consumption and gut microbiota in senior subjects with overweight/obesity and metabolic syndrome. *Frontiers in Nutrition*, 9, 976547. <https://doi.org/10.3389/fnut.2022.976547>
- Bazanella, M., Maier, T. V., Clavel, T., Lagkouvardos, I., Lucio, M., Maldonado-Gómez, M. X., Autran, C., Walter, J., Bode, L., Schmitt-Kopplin, P., & Haller, D. (2017). Randomized controlled trial on the impact of early-life intervention with bifidobacteria on the healthy infant fecal microbiota and metabolome. *The American Journal of Clinical Nutrition*, 106(5), 1274–1286. <https://doi.org/10.3945/ajcn.117.157529>
- Bento, B. M. A., Moreira, A. da C., Carmo, A. S. do, Santos, L. C. dos, & Horta, P. M. (2018). A higher number of school meals is associated with a less-processed diet. *Jornal de Pediatria*, 94(4), 404–409. <https://doi.org/10.1016/j.jpmed.2017.07.016>
- Besedin, D., Shah, R., Brennan, C., Panzeri, E., Hao Van, T. T., & Eri, R. (2024). Food additives and their implication in inflammatory bowel disease and metabolic syndrome. *Clinical Nutrition ESPEN*, 64, 483–495. <https://doi.org/10.1016/j.clnesp.2024.10.171>
- Braesco, V., Souchon, I., Sauviant, P., Haurogné, T., Maillot, M., Féart, C., & Darmon, N. (2022). Ultra-processed foods: How functional is the NOVA system? *European Journal of Clinical Nutrition*, 76(9), 1245–1253. <https://doi.org/10.1038/s41430-022-01099-1>

- Canani, R. B., Carucci, L., Coppola, S., D'Auria, E., O'Mahony, L., Roth-Walter, F., Vassilopolou, E., Agostoni, C., Agache, I., Akdiş, C., De Giovanni Di Santa Severina, F., Faketea, G., Greenhawt, M., Hoffman, K., Hufnagl, K., Meyer, R., Milani, G. P., Nowak-Węgrzyn, A., Nwaru, B., ... Venter, C. (2024). *Ultra-processed foods, allergy outcomes and underlying mechanisms in children: An EAACI task force report*. <https://doi.org/10.1111/pai.14231>
- Cerdó, T., Ruíz, A., Acuña, I., Nieto-Ruiz, A., Diéguez, E., Sepúlveda-Valbuena, N., Escudero-Marín, M., García-Santos, J. A., García-Ricobaraza, M., Herrmann, F., Moreno-Muñoz, J. A., De Castellar, R., Jiménez, J., Suárez, A., & Campoy, C. (2022). A synbiotics, long chain polyunsaturated fatty acids, and milk fat globule membranes supplemented formula modulates microbiota maturation and neurodevelopment. *Clinical Nutrition (Edinburgh, Scotland)*, 41(8), 1697–1711. <https://doi.org/10.1016/j.clnu.2022.05.013>
- Chen, Z. H., Mousavi, S., Mandhane, P. J., Simons, E., Turvey, S. E., Moraes, T. J., Subbarao, P., & Miliku, K. (2025). Ultraprocessed Food Consumption and Obesity Development in Canadian Children. *JAMA Network Open*, 8(1), e2457341. <https://doi.org/10.1001/jamanetworkopen.2024.57341>
- Chew, C., Barros, K. V., Weffort, V. R. S., Maranhão, H. de S., Laranjeira, M., Knol, J., Roeselers, G., & de Moraes, M. B. (2020). Gut Microbiota of Young Children Living in Four Brazilian Cities. *Frontiers in Pediatrics*, 8, 573815. <https://doi.org/10.3389/fped.2020.573815>
- Faggiani, L. D., de França, P., Seabra, S. G., Sabino, E. C., Qi, L., & Cardoso, M. A. (2025). *Effect of ultra-processed food consumption on the gut microbiota in the first year of life: Findings from the MINA-Brazil birth cohort study*. <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/39954456>
- Hall, K. D., Ayuketah, A., Brychta, R., Cai, H., Cassimatis, T., Chen, K. Y., Chung, S. T., Costa, E., Courville, A., Darcey, V., Fletcher, L. A., Forde, C. G., Gharib, A. M., Guo, J., Howard, R., Joseph, P. V., McGehee, S., Ouwerkerk, R., Raisinger, K., ... Zhou, M. (2019). Ultra-Processed Diets Cause Excess Calorie Intake and Weight Gain: An Inpatient Randomized Controlled Trial of Ad Libitum Food Intake. *Cell Metabolism*, 30(1), 67-77.e3. <https://doi.org/10.1016/j.cmet.2019.05.008>

- Heppner, N., Reitmeier, S., Heddes, M., Merino, M. V., Schwartz, L., Dietrich, A., List, M., Gigl, M., Meng, C., van der Veen, D. R., Schirmer, M., Kleigrew, K., Omer, H., Kiessling, S., & Haller, D. (2024). Diurnal rhythmicity of infant fecal microbiota and metabolites: A randomized controlled interventional trial with infant formula. *Cell Host & Microbe*, 32(4), 573-587.e5. <https://doi.org/10.1016/j.chom.2024.02.015>
- Ichikawa, T., Hashimoto, Y., Igarashi, Y., Kawai, S., Kaji, A., Sakai, R., Osaka, T., Inoue, R., Kashiwagi, S., Mizushima, K., Uchiyama, K., Takagi, T., Naito, Y., Hamaguchi, M., & Fukui, M. (2024). Association between gut microbiota and ultra-processed foods consumption among the patients with type 2 diabetes: A cross-sectional study. *Nutrition & Metabolism*, 21(1), 110. <https://doi.org/10.1186/s12986-024-00884-y>
- Khoury, N., Martínez, M. Á., Garcidueñas-Fimbres, T. E., Pastor-Villaescusa, B., Leis, R., de Las Heras-Delgado, S., Miguel-Berges, M. L., Navas-Carretero, S., Portoles, O., Pérez-Vega, K. A., Jurado-Castro, J. M., Vázquez-Cobela, R., Mimbrero, G., Andía Horno, R., Martínez, J. A., Flores-Rojas, K., Picáns-Leis, R., Luque, V., Moreno, L. A., ... Babio, N. (2024). Ultraprocessed Food Consumption and Cardiometabolic Risk Factors in Children. *JAMA Network Open*, 7(5), e2411852. <https://doi.org/10.1001/jama-networkopen.2024.11852>
- Medin, A. C., Gulowsen, S. R., Groufh-Jacobsen, S., Berget, I., Grini, I. S., & Varela, P. (2025). Definitions of ultra-processed foods beyond NOVA: a systematic review and evaluation. *Food & Nutrition Research*, 69. <https://doi.org/10.29219/fnr.v69.12217>
- Mescoloto, S. B., Pongiluppi, G., & Domene, S. M. Á. (2023). Ultra-processed food consumption and children and adolescents' health. *Jornal de Pediatria*, 100, S18–S30. <https://doi.org/10.1016/j.jpmed.2023.09.006>
- Monteiro, C. A., Cannon, G., Levy, R. B., Moubarac, J.-C., Louzada, M. L., Rauber, F., Khandpur, N., Cediel, G., Neri, D., Martinez-Steele, E., Baraldi, L. G., & Jaime, P. C. (2019). Ultra-processed foods: What they are and how to identify them. *Public Health Nutrition*, 22(5), 936–941. <https://doi.org/10.1017/S1368980018003762>

- Monteiro, C. A., Cannon, G., Moubarac, J.-C., Levy, R. B., Louzada, M. L. C., & Jaime, P. C. (2018). The UN Decade of Nutrition, the NOVA food classification and the trouble with ultra-processing. *Public Health Nutrition*, 21(1), 5–17.
<https://doi.org/10.1017/S1368980017000234>
- Monteiro, C. A., Levy, R. B., Claro, R. M., Castro, I. R. R. de, & Cannon, G. (2010). A new classification of foods based on the extent and purpose of their processing. *Cadernos de Saude Publica*, 26(11), 2039–2049. <https://doi.org/10.1590/s0102-311x2010001100005>
- Monteiro, C. A., Moubarac, J.-C., Cannon, G., Ng, S. W., & Popkin, B. (2013). Ultra-processed products are becoming dominant in the global food system. *Obesity Reviews : An Official Journal of the International Association for the Study of Obesity*, 14 Suppl 2, 21–28.
<https://doi.org/10.1111/obr.12107>
- Moubarac, J.-C., Batal, M., Louzada, M. L., Martinez Steele, E., & Monteiro, C. A. (2016). Consumption of ultra-processed foods predicts diet quality in Canada. *Appetite*, 108, 512–520.
<https://doi.org/10.1016/j.appet.2016.11.006>
- Navarro-Tapia, E., Sebastiani, G., Sailer, S., Toledano, L. A., Serra-Delgado, M., García-Algar, Ó., & Andreu-Fernández, V. (2020). Probiotic Supplementation During the Perinatal and Infant Period: Effects on Gut Dysbiosis and Disease. *Nutrients*, 12(8).
<https://doi.org/10.3390/nu12082243>
- Page, M. J., Moher, D., Bossuyt, P. M., Boutron, I., Hoffmann, T. C., Mulrow, C. D., Shamseer, L., Tetzlaff, J. M., Akl, E. A., Brennan, S. E., Chou, R., Glanville, J., Grimshaw, J. M., Hróbjartsson, A., Lalu, M. M., Li, T., Loder, E. W., Mayo-Wilson, E., McDonald, S., ... McKenzie, J. E. (2021). PRISMA 2020 explanation and elaboration: Updated guidance and exemplars for reporting systematic reviews. *BMJ*, n160. <https://doi.org/10.1136/bmj.n160>
- Petridi, E., Magriplis, E., Karatzi, K., Charidemou, E., Philippou, E., & JOUR. (2025). *Ultra Processed Food Consumption in Children and Adolescents: Main Food Group Contributors and Associations With Weight Status*. <https://doi.org/10.1111/nbu.70001>
- Plaza-Diaz, J., Bernal, M. J., Schutte, S., Chenoll, E., Genovés, S., Codoñer, F. M., Gil, A., & Sanchez-Siles, L. M. (2021). Effects of Whole-Grain and Sugar Content in Infant Cereals on

- Gut Microbiota at Weaning: A Randomized Trial. *Nutrients*, 13(5).
<https://doi.org/10.3390/nu13051496>
- Plaza-Díaz, J., Fontana, L., & Gil, A. (2018). Human Milk Oligosaccharides and Immune System Development. *Nutrients*, 10(8). <https://doi.org/10.3390/nu10081038>
- Redruello-Requejo, M., del Mar Blaya, M., González-Reguero, D., Robas-Mora, M., Arranz-Herrero, J., Partearroyo, T., Varela-Moreiras, G., Penalba-Iglesias, D., Jiménez-Gómez, P., & Reche-Sainz, P. (2025). Cross-Sectional Comparative Analysis of Gut Microbiota in Spanish Adolescents with Mediterranean and Western Diets. *Nutrients*, 17(3).
<https://doi.org/10.3390/nu17030388>
- Schulz, C., & Malfertheiner, P. (Hrsg.). (2024). *Gastrointestinales Mikrobiom: Organ- und systembezogene Perspektiven*. Springer Berlin Heidelberg. <https://doi.org/10.1007/978-3-662-68455-9>
- Stallmach, A., & Vehreschild, M. J. G. T. (Hrsg.). (2016). *Mikrobiom: Wissensstand und Perspektiven*. De Gruyter. <https://doi.org/10.1515/9783110454352>
- Stewart, C. J., Ajami, N. J., O'Brien, J. L., Hutchinson, D. S., Smith, D. P., Wong, M. C., Ross, M. C., Lloyd, R. E., Doddapaneni, H., Metcalf, G. A., Muzny, D., Gibbs, R. A., Vatanen, T., Huttenhower, C., Xavier, R. J., Rewers, M., Hagopian, W., Toppari, J., Ziegler, A.-G., ... Petrosino, J. F. (2018). Temporal development of the gut microbiome in early childhood from the TEDDY study. *Nature*, 562(7728), 583–588. <https://doi.org/10.1038/s41586-018-0617-x>
- Theurich, M. A., Ziebart, M., & Strobl, F. (2024). National survey of infant feeding bottles in Germany: Their characteristics and marketing claims. *Maternal & Child Nutrition*, 20(3), e13632. <https://doi.org/10.1111/mcn.13632>
- Turroni, F., Milani, C., Duranti, S., Ferrario, C., Lugli, G. A., Mancabelli, L., van Sinderen, D., & Ventura, M. (2017). Bifidobacteria and the infant gut: An example of co-evolution and natural selection. *Cellular and Molecular Life Sciences : CMLS*, 75(1), 103–118.
<https://doi.org/10.1007/s00018-017-2672-0>

Anhang

Tabelle 4: Übersicht der verwendeten Suchstrings für die systematische Literaturrecherche in der Datenbank PubMed

PubMed/ Inhalt	Suchstrings	Filter	Anzahl Treffer	Datum der Suche
1-UPF (definition, prevalence)	("ultra-processed food" OR "ultra processed food" OR UPFs OR "highly processed food") AND (NOVA OR classification OR consumption OR intake) AND (children OR adolescents OR youth)	Free full text, Clinical Trial, Meta-Analysis, Review, Systematic Review, English, German, Humans, Child: birth-18 years	34	13.07.2025
2-Zusammensetzung typischer UPF	("ultra-processed food" OR UPFs) AND ("ingredient list" OR composition OR components OR formulation)	Free full text, Clinical Trial, Meta-Analysis, Review, Systematic Review, English, German, Humans, Child: birth-18 years	8	13.07.2025
3-Inhaltsstoffe von UPF (Additive, Süßstoffe, Emulgatoren)	("food additives" OR emulsifiers OR sweeteners OR preservatives OR flavorings) AND ("ultra-processed food" OR UPFs)	Free full text, Clinical Trial, Meta-Analysis, Review, Systematic Review, English, German, Humans, Child: birth-18 years	8	13.07.2025
4-Grundlagen Darmmikrobioms	"gut microbiome" AND (infants OR children) AND (maturation OR "early development") AND diversity	Free full text, Clinical Trial, Meta-Analysis, Review, Systematic	11	14.07.2025

		Review, English, German, Humans, Child: birth-18 years		
5-Entwicklung und Reifung des Mikrobioms	("gut microbiome" OR "gut microbiota") AND (infants OR children) AND ("early-life development" OR maturation) AND diversity	Free full text, Clinical Trial, Meta-Analysis, Review, Systematic Review, English, German, Humans, Child: birth-18 years	27	14.07.2025
6-Einflussfaktoren auf das kindliche Darmmikrobiom	("gut microbiome" OR "gut microbiota") AND ("early-life diet" OR antibiotics OR "delivery mode" OR breastfeeding) AND (infants OR newborns)	Free full text, Clinical Trial, Meta-Analysis, Review, Systematic Review, English, German, Humans, Child: birth-18 years	237	14.07.2025
7-Mikrobiom + UPFs (Allgemeiner Zusammenhang)	("ultra-processed food" OR UPFs OR "highly processed food") AND (microbiota OR microbiome OR dysbiosis OR "intestinal flora")	Free full text, Clinical Trial, Meta-Analysis, Review, Systematic Review, English, German, Humans, Child: birth-18 years	4	12.07.2025
8-Verzehrmuster bei Kindern und Jugendlichen	("ultra-processed food" OR UPFs) AND (intake OR consumption OR prevalence OR "dietary patterns") AND (children OR adolescents)	Free full text, Clinical Trial, Meta-Analysis, Review, Systematic Review, English, German, Humans, Child: birth-18 years	33	12.07.2025
9-Wirkung bestimmter Inhaltsstoffe auf das Mikrobiom	(emulsifiers OR sweeteners OR "food additives" OR preservatives) AND (microbiome OR microbiota OR "intestinal flora" OR dysbiosis)	Free full text, Clinical Trial, Meta-Analysis, Review, Systematic Review, English, German, Humans, Child: birth-18 years	48	12.07.2025

10-Mikrobiomveränderungen bei Kindern durch Ernährung	"gut microbiome" AND "dietary intake" AND (children OR schoolchildren) AND ("microbial diversity" OR "microbiome composition")	Free full text, Clinical Trial, Meta-Analysis, Review, Systematic Review, English, German, Humans, Child: birth-18 years	3	14.07.2025
11-UPF und ernährungsbedingte Krankheiten bei Kindern	("gut microbiome" OR "gut microbiota") AND "ultra-processed foods" AND (children OR schoolchildren)	Free full text, Clinical Trial, Meta-Analysis, Review, Systematic Review, English, German, Humans, Child: birth-18 years	2	14.07.2025
12-Mikrobiom und Krankheitsentwicklung	(microbiota OR microbiome OR dysbiosis) AND (obesity OR "type 2 diabetes" OR "metabolic disorders") AND (children OR adolescents)	Free full text, Clinical Trial, Meta-Analysis, Review, Systematic Review, English, German, Humans, Child: birth-18 years	216	14.07.2025
13-Gesundheitliche Konsequenzen Dysbiose	(dysbiosis OR "altered microbiome") AND (children OR adolescents) AND (obesity OR diabetes OR inflammation OR "metabolic disorders")	Free full text, Clinical Trial, Meta-Analysis, Review, Systematic Review, English, German, Humans, Child: birth-18 years	120	14.07.2025

Tabelle 5: Übersicht der verwendeten Suchstrings für die systematische Literaturrecherche in der Datenbank ScienceDirect

ScienceDirect/Inhalt	Suchstrings	Filter	Anzahl Treffer	Datum der Suche
1-UPF - Definition und Prävalenz	"ultra-processed foods" AND children AND (prevalence OR "dietary intake") AND (definition OR classification)	Article type : Review articles, Research aticles Languages : English Access type : Open access & Open archive	294	14.07.2025
2-Zusammensetzung typischer UPFs und Inhaltsstoffe	"ultra-processed foods" AND children AND ("dietary intake" OR consumption OR prevalence) AND (definition OR classification OR "NOVA system")	Article type : Review articles, Research aticles Languages : English Access type : Open access & Open archive	362	14.07.2025
3-UPF und Mikrobiom	"ultra-processed foods" AND microbiome	Article type : Review articles, Research aticles Access type : Open access & Open archive	162	13.07.2025
4-Wirkung einzelner Inhaltsstoffe auf das Mikrobiom	“artificial sweetners“ AND emulsifiers AND gut microbiota	/	1	13.07.2025

5-Verzehrmuster bei Kindern/ Jugendlichen	"ultra-processed foods" AND ("dietary patterns" OR "diet quality") AND (schoolchildren OR adolescents) AND ("consumption frequency" OR "eating habits")	Article type : Review articles, Research aticles Access type : Open access & Open archive	59	14.07.2025
6-UPF und ernährungsbedingte Krankheiten bei Kindern	"ultra-processed foods" AND (schoolchildren OR adolescents) AND ("diet-related diseases" OR "childhood obesity" OR "metabolic risk") AND ("consumption patterns" OR "dietary intake")	Article type : Review articles, Research aticles Languages : English Access type : Open access & Open archive	37	14.07.2025
7-Mikrobiomveränderungen durch Ernährung bei Kindern	gut microbiome AND "food additives" AND children	Article type : Review articles, Research aticles Access type : Open access & Open archive	196	13.07.2025
8-Mikrobiom und Krankheitsent- wicklung bei Kindern	"food additives" AND "gut dysbiosis" AND "metabolic syndrome" AND children	Article type : Review articles, Research aticles Access type : Open access & Open archive	13	13.07.2025

Tabelle 6: Übersicht der verwendeten Suchstrings für die systematische Literaturrecherche in der Datenbank SpringerLink

SpringerLink / Inhalt	Suchstrings	Filter	Anzahl Treffer	Datum der Suche
1- UPF und Kinder	"ultra-processed food*" AND child* AND microbiome	Content Type: Review article, Research article Publishing model : Open Access Languages : English	26	13.07.2025
2- Zusatzstoffe und Mikrobiom	("emulsifiers" OR "artificial sweeteners") AND "gut microbiota" AND (children OR infants OR adolescents) AND (dysbiosis OR composition OR diversity)	Content Type: Review article, Research article Publishing model : Open Access Languages : English	81	15.07.2025
3- Ernährungsbedingte Erkrankungen	"ultra-processed foods" AND ("childhood obesity" OR "metabolic risk") AND (consumption OR "dietary intake") AND (schoolchildren OR adolescents)	Content Type: Review article, Research article Publishing model : Open Access Languages : English	63	15.07.2025

Tabelle 7: Übersicht der verwendeten Suchstrings für die systematische Literaturrecherche in der Datenbank BASE

BASE / Inhalt	Suchstrings	Filter	Anzahl Treffer	Datum der Suche
1-UPF und Mikrobiom bei Kindern	"ultra-processed foods" AND microbiome AND child*	Sprache: Englisch	18	15.07.2025
2-Zusatzstoffe und Darmmikrobiom	(additives OR emulsifiers OR "artificial sweeteners") AND "gut microbiota" AND (children OR adolescent OR "pediatric population")	Sprache: Englisch	29	15.07.2025
3-Verzehrmuster und UPF-Konsum	"ultra-processed foods" AND ("dietary patterns" OR "consumption frequency") AND (schoolchildren OR adolescents) AND ("diet quality" OR "nutritional risk")	Sprache: Englisch	24	15.07.2025
4-UPF und ernährungsbedingte Erkrankungen bei Kindern	"ultra-processed foods" AND "childhood obesity" AND children	Sprache: Englisch	65	15.07.2025
5-Einfluss der Ernährung auf das Mikrobiom bei Kindern	"ultra-processed food consumption" AND "gut microbiota" AND children	Sprache: Englisch	3	15.07.2025
6-Krankheitsentwicklung durch Mikrobiomveränderungen	"gut microbiota" AND dysbiosis AND "childhood obesity" AND children	Sprache: Englisch	52	15.07.2025

Eidesstaatliche Erklärung

Hiermit versichere ich, dass ich die vorliegende Bachelorarbeit selbstständig und ohne unzulässige Hilfe angefertigt habe. Alle Stellen, die wörtlich oder sinngemäß aus veröffentlichten oder nicht veröffentlichten Quellen entnommen wurden, sind als solche kenntlich gemacht. Die Arbeit wurde in gleicher oder ähnlicher Form noch keiner anderen Prüfungsbehörde vorgelegt.

Hamburg, den 17.09.2025

Ort, Datum

Esra Geyik