

Samenvatting

In deze studie werd de functionaliteit en stabiliteit van melkzuurbacteriën in het menselijke colon en het zuurdesemfermentatieproces bestudeerd, met als doel het ontrafelen van de mechanismen verantwoordelijk voor de competitiviteit van deze micro-organismen in beide ecosystemen. Hiervoor werden de biodiversiteit, populatiedynamica en metabolica van deze microbiële ecosystemen bestudeerd.

Het menselijk colon is een van de meest complexe bacteriële ecosystemen tot op heden bekend. Tijdens het laatste decennium werd veel aandacht besteed aan het wijzigen van de samenstelling van de colonmicrobiota via het dieet, onder meer door het gebruik van functionele voeding met probiotica en prebiotica. In deze studie werd een screening uitgevoerd van een aantal in het menselijk colon vaak voorkomende bacteriën, waaruit bleek dat niet alleen bifidobacteriën maar ook stammen behorend tot het genus *Bacteroides* in staat waren om het prebioticum oligofruuctose te metaboliseren. Na gedetailleerde kinetische analyse van groei en suikerconsumptie bleek dat het degradatiemechanisme van inuline-type fructanen evenwel verschillend was tussen *Bifidobacterium*-stammen en *Bacteroides*-stammen, hetgeen leidde tot nieuwe inzichten in het bifidogeen effect. Bovendien werd opgemerkt dat een omschakeling van het metabolisme gebeurde bij bifidobacteriën, wanneer de snelheid van het suikerverbruik daalde. Zo produceerden deze bifidobacteriën relatief meer azijnzuur, mierenzuur en ethanol en relatief minder melkzuur, wanneer de suikerverbruiksnelheid laag was. Naast de productie van melkzuur of ethanol voor het regelen van de redoxbalans, werd tijdens dit onderzoek aangetoond dat hiervoor tevens een kleine hoeveelheid barnsteenzuur geproduceerd werd.

Het zuurdesemecosysteem is minder complex dan het menselijke colon en wordt gekarakteriseerd door een beperkt aantal soorten melkzuurbacteriën en gisten. In deze studie werd de populatiedynamica onderzocht van natuurlijke laboratoriumzuurdesemfermentaties. Het tot stand komen van een stabiel zuurdesemecosysteem bleek in drie stappen te verlopen, met de dominantie van (facultatief) heterofermentatieve species, zoals *Lactobacillus plantarum* en *Lactobacillus fermentum*, in het stabiele ecosysteem. Na analyse van meer dan 100 verschillende metabolieten van melkzuurbacteriën bleek dat roggezuurdesems duidelijk onderscheiden konden worden op basis van de gegenereerde metaboliëtoprofielen, hetgeen door middel van statistische analyse werd aangetoond. Voorts werd nieuwe informatie omtrent de complexe regulatie van het metabolisme van zuurdesemmelkzuurbacteriën bekomen met een functionaliteits-microrooster, zoals de bijdrage van het aminozuurmetabolisme tot het regelen van de redoxbalans. Daarnaast werd tijdens deze studie de diversiteit en stabiliteit van traditionele Belgische zuurdesems in kaart gebracht. Zo werden verscheidene nieuwe species van melkzuurbacteriën ontdekt en beschreven, zoals *Lactobacillus namurensis* en *Lactobacillus crustorum*.