

Persönliche PDF-Datei für Haslberger A.

Mit den besten Grüßen von Thieme

www.thieme.de

Personalisierte Ernährung im
Spiegel neuester Forschungs-
erkenntnisse

e&m Ernährung und
Medizin

2025

10.1055/a-2494-2836

Dieser elektronische Sonderdruck ist nur für die Nutzung zu nicht-kommerziellen, persönlichen Zwecken bestimmt (z.B. im Rahmen des fachlichen Austauschs mit einzelnen Kolleginnen und Kollegen oder zur Verwendung auf der privaten Homepage der Autorin/des Autors). Diese PDF-Datei ist nicht für die Einstellung in Repositorien vorgesehen, dies gilt auch für soziale und wissenschaftliche Netzwerke und Plattformen.

Copyright & Ownership
© 2025. Thieme. All rights reserved.
Die Zeitschrift *e&m Ernährung und Medizin* ist Eigentum von Thieme.
Georg Thieme Verlag KG,
Oswald-Hesse-Straße 50,
70469 Stuttgart, Germany
ISSN 1439-1635

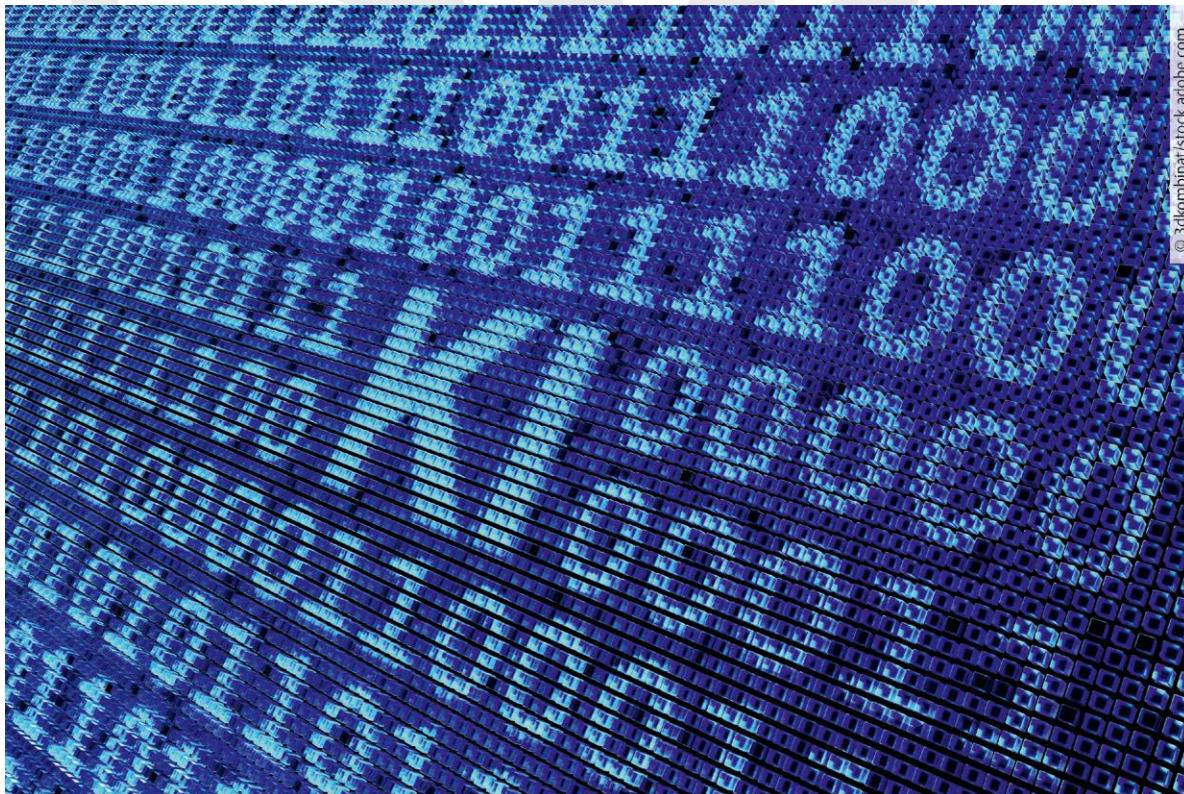


Thieme

Personalisierte Ernährung im Spiegel neuester Forschungserkenntnisse

Alexander Haslberger, Jana Schneider, Berit Hippe

Aufbauend auf genetischen, epigenetischen, mikrobiellen und metabolischen Merkmalen zielt die Ernährungswissenschaft darauf ab, Ernährungsempfehlungen individuell zu optimieren. Während traditionelle Empfehlungen auf Mittelwerten der Bevölkerung basieren, setzt die personalisierte Ernährung auf individuelle Merkmale. Die Zunahme chronischer Erkrankungen und heterogene Reaktionen auf Lebensmittel erfordern einen differenzierteren Ansatz.



Die Datenflut dirigieren: Künstliche Intelligenz und maschinelles Lernen können die vielen biologischen Daten in gezielte personalisierte Ernährungsempfehlungen umrechnen. © 3dkombinat / stock.adobe.com

Einleitung

Dieser Beitrag will die aktuelle Evidenzlage durch zusätzliche Erkenntnisse über das Darmmikrobiom, den Einsatz von Künstlicher Intelligenz, metabolische Effekte und die Bedeutung gastrointestinaler Transitzeiten erweitern. Hierbei stützen sich diese Überlegungen auf wissenschaft-

liche Evidenzen verschiedener Arbeitsgruppen [1–5], welche die Rolle der Mikroben-Metaboliten-Interaktion, geschlechterspezifische miRNA-Muster, Metabotyping sowie Lifestyle-Faktoren auf die epigenetische Regulation und den Einfluss von personalisierter Ernährung hervorheben.

Merke

Personalisierte Ernährung führt zu einem Paradigmenwechsel in den Ernährungswissenschaften.

Wissenschaftliche Grundlagen und Multi-Omics-Ansätze

Personalisierte Ernährung basiert auf der systematischen Integration verschiedener biologischer Datenebenen:

- Genomik
- Epigenomik
- Metabolomik
- Proteomik
- Mikrobiomik

Neben microRNAs stehen dabei genetische Polymorphismen, insbesondere Single Nucleotide Polymorphisms (SNPs), seit einiger Zeit im Fokus der Forschung. Diese genetischen Varianten können die enzymatische Aktivität sowie spezifische Nährstoffbedarfe beeinflussen und damit individuelle Unterschiede in der Nährstoffverwertung erklären.

Beispielsweise beeinflusst ein SNP im CYP1A2-Gen die Koffeinverstoffwechslung erheblich: Personen mit der C/C-Variante sind langsame Koffeinmetabolisierer und können sensibler auf Koffein reagieren als A/A-Träger. Auch Varianten im FTO-Gen sind mit erhöhtem Appetit und Adipositas assoziiert, während das MTHFR-Gen über SNPs die Folatverwertung und Homocysteinspiegel beeinflussen kann. Solche Beispiele zeigen das Potenzial genetischer Informationen für ernährungsbezogene Empfehlungen.

Dennoch beurteilt die wissenschaftliche Gemeinschaft eine alleinige Fokussierung auf SNPs zunehmend kritisch. Der prädiktive Wert einzelner genetischer Marker bleibt begrenzt, da diese die komplexen Wechselwirkungen zwischen verschiedenen molekularen Mechanismen mit Umwelt- und Lifestyle-Faktoren nicht berücksichtigen. Faktoren wie Polygenität (viele Gene mit kleinem Effekt), Pleiotropie (ein Gen – mehrere Effekte), Epistase (Gen-Gen-Interaktionen) sowie epigenetische Modifikationen erschweren die direkte Ableitung von Ernährungsempfehlungen aus Genotypdaten. Darüber hinaus zeigen „Genome-wide Association Studies“ (GWAS), dass viele SNP-assoziierte Effekte populationsspezifisch sind und sich nicht ohne Weiteres verallgemeinern lassen.

Ernährung kann zusätzlich epigenetische Prozesse wie DNA-Methylierung beeinflussen und damit langfristige Auswirkungen auf die Genexpression haben. So ist beispielsweise bekannt, dass Mangelernährung in der pränatalen Phase – wie während der niederländischen Hungersnot 1944/45 – epigenetische Veränderungen bei Nachkommen hervorrufen kann, die mit metabolischen Dysfunktionen assoziiert sind.

Merke

Personalisierte Ernährung bietet zwar großes Potenzial, jedoch ist eine holistische Betrachtung der Genomik und ihrer Interaktion mit Umweltfaktoren und Lebensstil nötig, um valide und umsetzbare Ernährungsempfehlungen abzuleiten.

Unsere Arbeitsgruppe und ihr Spin-off HealthBioCare versucht, durch die Erfassung von genetischen und verschiedenen epigenetischen Markern, Lebensstil und ernährungsrelevanten Informationen mit Nutzung einer KI-basierten Analyse persönliche Ernährungsempfehlungen zu geben. Dabei wird besonders auf die Möglichkeit eines persönlichen Kontakts mit dem Ernährungsberater geachtet [6].

Epigenetische Mechanismen als therapeutische Zielstrukturen

Epigenetische Modifikationen stellen einen vielversprechenderen Ansatz dar, um die Wirkung der Ernährung auf die Genexpression zu verstehen. DNA-Methylierung, Histone-Modifikationen und RNA-Interferenz bilden zentrale Mechanismen, über die nutritive Faktoren die Genaktivität modulieren können.

Merke

Epigenetische Veränderungen sind reversibel und spiegeln sowohl aktuelle als auch kumulative Umwelt- und Lebensstilfaktoren wider.

Bioaktive Nahrungsbestandteile wie Polyphenole oder kurzkettige Fettsäuren (SCFAs) wirken direkt auf diese epigenetischen Prozesse ein. Diese Erkenntnis eröffnet neue therapeutische Potenziale, da epigenetische Modifikationen prinzipiell interventionsfähige Zielstrukturen darstellen. Über gezielte nutritive Strategien könnten damit präventive oder therapeutische Effekte erzielt werden.

Darmmikrobiom und funktionelle Ernährung

Mikrobiom als zentrale Schnittstelle

Das Darmmikrobiom stellt eine zentrale Schnittstelle zwischen Umwelt, Ernährung und Wirtsphysiologie dar. Kolodziejczyk et al. [1] und Simon et al. [7] zeigen, dass es maßgeblich an der individuellen Resorption, Verwertung und metabolischen Transformation von Nährstoffen beteiligt ist. Neuere Forschung hebt die Bedeutung der mikrobiellen Bildung kurzkettiger Fettsäuren (SCFAs) aus löslichen Ballaststoffen hervor, insbesondere Butyrat, Propionat und Acetat. Diese SCFAs regulieren über G-Protein-gekoppelte Rezeptoren epigenetische Signalwege und entfalten vielfältige biologische Wirkungen, unter anderem sind sie entzündungsmodulierend, stoffwechselaktivierend und zeigen möglicherweise neuroprotektive Eigenschaften. Die Metaboliten Butyrat, Propionat und Acetat beeinflussen nicht nur

das Darmmilieu und die Schleimhautbarriere, sondern modulieren auch epigenetisch aktive Signalwege, darunter NF- κ B, PPARy und GPR41/43, mit direkten Auswirkungen auf Entzündung und Energiestoffwechsel [8].

Enterotyp-basierte Ernährungsempfehlungen

Menschen unterscheiden sich erheblich in ihrer Fähigkeit, bestimmte Ballaststoffe zu fermentieren oder bioaktive Substanzen wie Polyphenole zu metabolisieren. Diese Unterschiede lassen sich mittels Mikrobiom-basiertem Metabotyping quantifizieren und therapeutisch nutzen. Die Identifikation von Enterotypen, etwa *Bacteroides*-, *Prevotella*- oder *Ruminococcus*-dominierte Mikrobiome, ermöglicht differenzierte Ernährungsempfehlungen. *Prevotella*-reiche Personen profitieren beispielsweise stärker von ballaststoffreicher, pflanzlicher Kost als *Bacteroides*-dominierte Individuen.

Merke

Die interindividuelle Diversität der mikrobiellen Zusammensetzung spielt eine zentrale Rolle für die Nährstoffverwertung.

Funktionelle Metagenomik in der Praxis

Neben den klassischen taxonomischen Profilierungen gewinnen funktionelle Metagenomik und Transkriptomik zunehmend an Bedeutung. Diese Ansätze erfassen die tatsächliche metabolische Aktivität des Mikrobioms und ermöglichen Rückschlüsse auf gesundheitsrelevante Funktionen wie Lipidstoffwechsel, Xenobiotikaverarbeitung oder Immunmodulation. Die funktionellen Parameter bilden die Grundlage für individualisierte Ernährungstherapien, die gezielt auf mikrobielle Defizite oder Dysbiosen reagieren können – etwa durch Prä- oder Probiotika, Fermentationsprodukte oder spezifische Substratbereitstellung wie Inulin oder Arabinoxylane.

Im Kontext der personalisierten Ernährung setzt man daher zunehmend auf individualisierte Mikrobiomanalysen. Diese Herangehensweise leitet ein neues Kapitel in der funktionellen Ernährung ein, von universeller Supplementierung hin zu dynamisch personalisierter Mikrobiumpflege mit hohem Potenzial für Prävention und Therapie chronischer Erkrankungen.

Personalisierte Mikrobiom-Modulation

Individualisierte Prä- und Probiotika

Die gezielte Anwendung individualisierter Probiotika und Präbiotika stellt einen aufstrebenden Bereich der personalisierten Mikrobiom-Modulation dar. Statt allgemein „gesunde“ Mikrobiota zu fördern, moduliert man hierbei gezielt spezifische mikrobielle Profile. Dabei werden die vorhandene Mikrobiomzusammensetzung, genetische Prädisposition und die individuelle metabolische Signatur berücksichtigt.

Personalisierte Probiotika enthalten spezifische Bakterienstämme, die funktionelle Defizite im individuellen Darmmikrobiom gezielt adressieren. Der therapeutische Erfolg probiotischer Interventionen hängt stark von der mikrobiellen Ausgangslage ab, wie Studien belegen. Individualische Probiotika können so bei verschiedenen Personen gegenteilige oder ausbleibende Effekte erzielen, insbesondere wenn sie mit inkompatiblen mikrobiellen Netzwerken konkurrieren. Die „Precision Microbiome Engineering-Technologie“ nutzt Shotgun-Metagenomik und maschinelles Lernen, um individuelle Mikrobiota-Defizite zu identifizieren und entsprechende Stämme gezielt zu supplementieren.

Bei **personalisierten Präbiotika** stehen hingegen substrat-basierte Interventionen im Vordergrund. Durch gezielte Zufuhr nicht verdaulicher Nahrungsbestandteile werden spezifische Bakteriengruppen gefördert. Während klassische Präbiotika wie Inulin oder Fructooligosaccharide (FOS) die SCFA-Produktion durch Bifidobakterien anregen, ermöglichen neuere Ansätze präzisere Eingriffe. Arabinoxylan-Oligosaccharide (AXOS) können beispielsweise gezielt *Faecalibacterium prausnitzii* stärken – einen entzündungshemmenden Keim, der bei chronisch entzündlichen Erkrankungen häufig reduziert ist. Präbiotika können somit nicht mehr nur als generisch „gesundheitsfördernd“, sondern als gezielt steuerbare Nährstoffe für mikrobiotische Signalwege betrachtet werden.

KI-gestützte analytische Konzepte

Innovative Plattformen vereinen Mikrobiomdiagnostik, Metabolitenscreening und KI-gestützte Empfehlungsalgorithmen für personalisierte Synbiotika-Konzepte (Probiotikum + Präbiotikum). Diese berücksichtigen neben immunologischen und gastrointestinalen Parametern auch neurologische Aspekte durch Psychobiotika sowie metabolische Zielgrößen wie Glukosetoleranz und Lipidprofile. Entscheidend für die Effektivität ist die regelmäßige Re-evaluation und adaptive Anpassung sowohl mikrobieller als auch humarer Parameter.

Anwendungen finden sich bereits in digitalen Gesundheitssystemen, wo KI-gestützt personalisierte Ernährungsempfehlungen auf Basis von Mikrobiom-, Metabolom- und miRNA-Daten generiert werden. Hierbei werden sowohl diagnostische Marker wie SCFA-Profil und LPS-spaltende Spezies erfasst als auch prädiktive Algorithmen für Nahrungsreaktionen eingesetzt. Patienten mit proinflammatorischem Mikrobiomprofil erhalten SCFA-fördernde Präbiotika kombiniert mit individuell validierten Probiotika-Stämmen. Die longitudinale Überwachung erfolgt über zirkulierende miRNAs, Entzündungsmarker und gastrointestinale Symptom-Scores, optimiert durch digitale Feedbacksysteme.

FAZIT

Diese Entwicklungen kennzeichnen den Paradigmenwechsel von universeller Supplementierung zu dynamisch personalisierter Mikrobiompflege und eröffnen neue Perspektiven für Prävention und Therapie chronischer Erkrankungen sowie deren molekulare Diagnostik.

Molekulare Diagnostik für personalisierte Ernährungsinterventionen

miRNA-Profile als diagnostische Biomarker

Die individuelle Reaktion auf Ernährungsinterventionen zeigt erhebliche interindividuelle Unterschiede, die sich auf molekularer Ebene präzise charakterisieren lassen. Studien belegen, dass spezifische miRNAs, wie miR-21, miR-155 und let-7a, mit Adipositas, chronischer Inflammation und dem metabolischen Syndrom assoziiert sind [9]. Urzler beschreibt, dass ballaststoffreiche, pflanzenbasierte Diäten antiinflammatorische miRNAs wie let-7a und miR-328 hochregulieren, während fettreiche, zuckerreiche Ernährung proinflammatorische Marker wie miR-155 und miR-21 fördert [3].

Durch die unterschiedliche Zusammensetzung der Ernährung kommt es zu einer differenziellen Regulierung spezifischer miRNAs und damit zu individuellen miRNA-Expressionsprofilen innerhalb einer Population. Wie DeLucas et al. beschreiben, lassen sich verschiedene Ernährungsmuster mit spezifischen Nahrungskomponenten und einer positiven bzw. negativen Regulierung von miRNAs assoziieren [10]. Dabei zeigten die mediterrane Diät sowie eine pflanzenbasierte Ernährung eine positive Regulierung der miRNAs, welche die Gesundheit fördern und das Krankheitsrisiko reduzieren können.

Metaboty whole and prädiktive Diagnostik

Des Weiteren berichten Palmnäs et al., dass verschiedene Metabotypen unterschiedlich stark auf identische Diätformen reagieren – ein Phänomen, das besonders bei fermentierbaren Ballaststoffen relevant wird [4]. Diese Erkenntnisse unterstreichen die Notwendigkeit personalisierter Ernährungsansätze, die über standardisierte Empfehlungen hinausgehen.

Merke

Die molekulare Diagnostik durch Bestimmung zirkulierender miRNAs sowie Mikrobiom- und Metabolomprofile etabliert sich als präzises Werkzeug zur Risikostratifizierung und individuellen Therapieplanung.

Palmnäs et al. betonen, dass die Metaboty whole und prädiktive Diagnostik nicht nur eine funktionale Charakteri-

sierung des aktuellen Ernährungszustands ermöglicht, sondern auch prädiktiven Wert für den Erfolg geplanter Interventionen besitzt (► Abb. 1) [4].

Personalisierte Ernährung (PN) und Verhaltensänderung

Während frühere PN-Modelle sich stark auf genetische oder biochemische Marker konzentrierten, zeigt der Artikel von Linseisen et al., dass diese statischen Ansätze allein nicht ausreichen, um nachhaltige Veränderungen im Ernährungsverhalten zu bewirken [11]. Stattdessen plädiert das Autorenteam für die Entwicklung sogenannter „Adaptive Personalized Nutrition Advice Systems“ (APNAS). Diese Systeme kombinieren biomedizinische Daten, dynamische Verhaltensmuster und Daten aus dem Ernährungskontext, um maßgeschneiderte Ziele („was“) und individuelle Veränderungsstrategien („wie“) zu ermöglichen.

Zentral für diesen Ansatz ist die Integration evidenzbasierter Verhaltensänderungstechniken wie Echtzeitfeedback, Mikro- und Makro-Zielsetzung sowie „Just-in-Time-Adaptive Interventions“ (JITAIs). Die digitale Erfassung von Essverhalten durch Sensorik, Smartphone-Apps oder Bilderkennungssoftware erlaubt eine hochauflösende Verhaltensanalyse in Echtzeit (in time) und am konkreten Ort des Geschehens (in situ). So lassen sich Empfehlungen nicht nur personalisieren, sondern auch situativ anpassen – ein entscheidender Schritt zur Verstärkung von Adhärenz und Alltagstauglichkeit. Darüber hinaus betont der Artikel, dass individuelle Präferenzen, Ressourcen und Einschränkungen berücksichtigt werden müssen. Das bedeutet: Effektive PN muss kulturell sensibel, sozial eingebettet und wirtschaftlich zugänglich gestaltet sein.

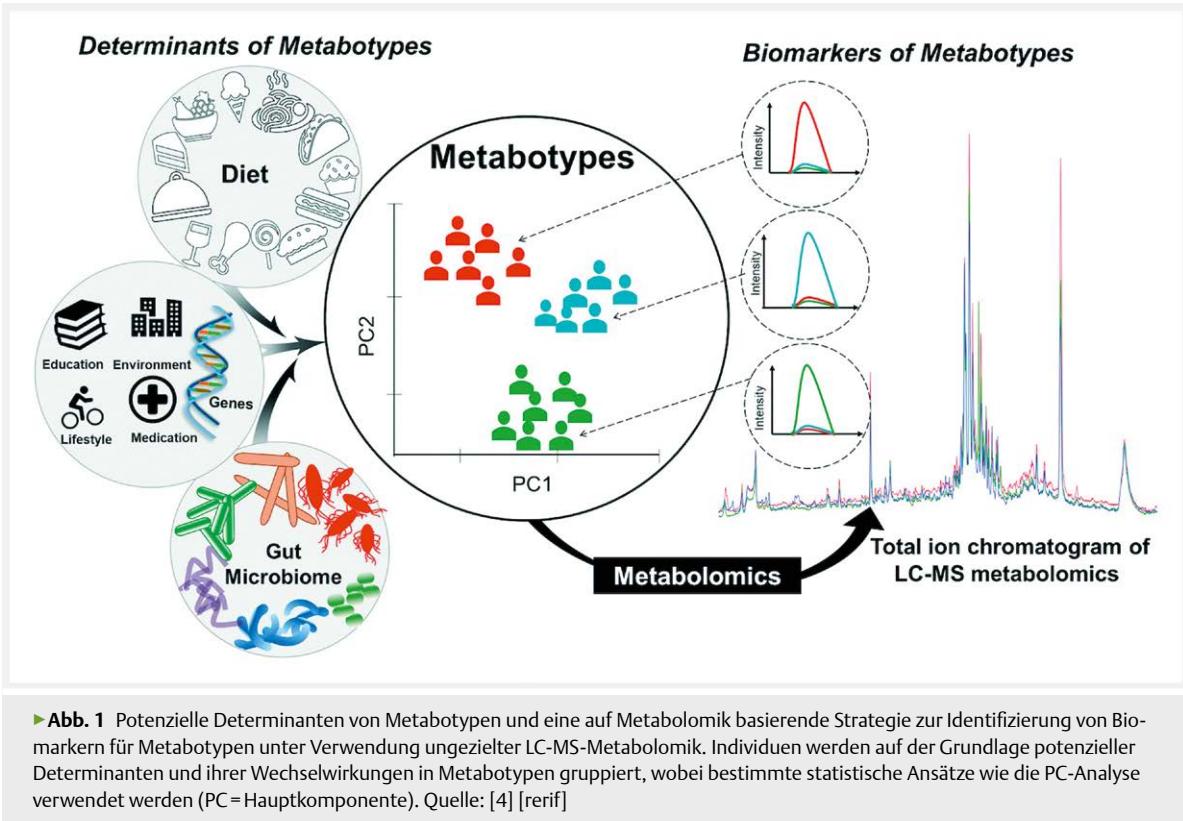
FAZIT

Mit der Integration evidenzbasierter Verhaltensänderungstechniken ergibt sich ein Paradigmenwechsel: weg von rein biomedizinisch getriebenen Empfehlungen hin zu einem ganzheitlich verstandenen, datenbasierten und verhaltensorientierten Ernährungscoaching, das auch strukturelle Rahmenbedingungen des Essverhaltens (z. B. Verfügbarkeit und Preis von Lebensmitteln) integriert.

Personalisierte Ernährung und das Altern

Ageotypen als Grundlage individueller Anti-Aging-Strategien

Das Altern geht mit chronischen Entzündungsprozessen einher, die als „Inflammaging“ bezeichnet werden. Urzler dokumentiert, dass die miRNAs miR-21, miR-146a und miR-155 altersabhängig erhöht sind [3]. Palmnäs et al. zeigen, dass instabile Metabotypen mit erhöhter Mortalität und kardiovaskulären Erkrankungen assoziiert sein kön-



►Abb. 1 Potentielle Determinanten von Metabotypen und eine auf Metabolomik basierende Strategie zur Identifizierung von Biomarkern für Metabotypen unter Verwendung ungezielter LC-MS-Metabolomik. Individuen werden auf der Grundlage potenzieller Determinanten und ihrer Wechselwirkungen in Metabotypen gruppiert, wobei bestimmte statistische Ansätze wie die PC-Analyse verwendet werden (PC = Hauptkomponente). Quelle: [4] [ref]

nen, was ihre Bedeutung als Biomarker für Alterungsprozesse unterstreicht [4].

Eine der bislang umfassendsten Studien zu molekularen Alterungsprozessen auf individueller Ebene führten Ahadi et al. durch [12]. Die Autoren analysierten longitudinal über 4 Jahre 106 Personen mittels Multi-Omics-Ansatz, der Genomik, Transkriptomik, Proteomik, Metabolomik, Mikrobiomik und klinische Labordaten umfasste. Dabei identifizierten sie nicht nur bekannte altersassoziierte Biomarker wie VEGF, IGF-Binding-Proteine oder HbA_{1c}, sondern auch neue Marker wie 2-Aminophenol-Sulfat, SCP2 und spezifische Mikrobiota wie *Clostridium*-Cluster IV und *Blaautia*, die im Alter zunehmen.

Praktische Anwendung ageotypischer Konzepte

Besonders relevant für die personalisierte Ernährung ist die Einführung des Konzepts der „Ageotypen“. Jeder Mensch altert demnach über dominante biologische Pfade – metabolisch, immunologisch, hepatisch oder renal. Diese Alterungspfade zeigten sich sowohl in Querschnitts- als auch in Längsschnittanalysen und waren interindividuell hoch unterschiedlich. Insulinresistente Personen wiesen hierbei beispielsweise beschleunigte Alterungsmuster im inflammatorischen und metabolischen Bereich auf. Die Studie belegt, dass personalisierte Interventionen gezielt an den dominanten Ageotypen ansetzen könnten [12].

Die praktische Anwendung ageotypischer Konzepte manifestiert sich in der gezielten Modulation metabolischer

Alterungspfade durch personalisierte Ernährungsinterventionen. Palmnäs et al. demonstrieren, dass Urolithin-bildende Metabotypen verbesserte Lipidprofile und reduzierte kardiometabolische Risikofaktoren aufweisen [4]. Diese metabolische Kapazität resultiert aus der individuellen mikrobiellen Fähigkeit zur Biotransformation von Ellagsäure aus polyphenolreichen Nahrungsquellen in bioaktive Urolithine. Polyphenolreiche Ernährung, wie z. B. der Verzehr eines Granatapfels, kann über das Mikrobiom unterschiedliche Metabolitenprofile erzeugen, die mit individuellen Gesundheitsvorteilen verbunden sind.

Die molekulare Validierung dieser Konzepte erfolgte durch die longitudinale Multi-Omics-Analyse von Ahadi et al., welche signifikante Abweichungen von Einzelpersonen verglichen mit einer Population, in altersassoziierten Biomarkern dokumentierte [12]. Exemplarisch zeigte Glyco-hämoglobin (HbA_{1c}) auf Populationsebene den erwarteten positiven Alterszusammenhang, während auf individueller Ebene Probanden negative oder nicht-signifikante Korrelationen aufwiesen.

Kontrollierte Lebensstilinterventionen, insbesondere strukturierte Gewichtsreduktion und mikronährstoffoptimierte Ernährungsumstellung, induzierten messbare Verbesserungen multipler Alterungsbiomarker innerhalb des Beobachtungszeitraums. Diese Befunde unterstreichen das erhebliche interventionelle Potenzial Ageotypen-spezifischer Ernährungsstrategien.

► **Tab. 1** Molekulare Biomarker und ihre klinische Relevanz.

Biomarker-Kategorie	spezifische Marker (Auswahl)	klinische Relevanz
miRNAs	miR-21, miR-155, let-7a, miR-24	Inflammation, Stoffwechsel, Altern
SCFAs	Butyrat, Propionat, Acetat	Darmgesundheit, Epigenetik
Metaboliten	Urolithine, 2-Aminophenol-Sulfat	Polyphenol-Metabolismus, Altern
Epigenetische Marker	DNA-Methylierung, Histon-Modifikationen	biologisches Alter, Genexpression
Mikrobiom-Marker	Enterotypen, funktionelle Gene	Nährstoffverwertung, SCFA-Produktion

FAZIT

Die Integration metabolischer Phänotypisierung mit ageotypischen Charakteristika ermöglicht präzise therapeutische Ansätze, die über standardisierte Anti-Aging-Protokolle hinausgehen und individuell optimierte Gesundheitsspannen-Verlängerung adressieren.

Geschlechtsspezifische Unterschiede

Die personalisierte Ernährung zeigt deutliche geschlechtsspezifische Unterschiede, die bei der Entwicklung individueller Therapieansätze berücksichtigt werden müssen. Urzler dokumentiert, dass Frauen systematisch höhere miR-155-Spiegel aufweisen, was mit einer erhöhten Anfälligkeit für Autoimmunerkrankungen korreliert [3]. Diese Beobachtung wird durch Pointner et al. ergänzt, die betonen, dass geschlechtsspezifische miRNA-Expressionsmuster in personalisierten Ernährungsprotokollen integriert werden sollten [2].

Palmnäs et al. erweitern diese Erkenntnisse auf metabolischer Ebene und zeigen, dass auch Metabotypen geschlechtsspezifische Ausprägungen besitzen, die sich direkt auf den Therapieerfolg auswirken können [4]. Besonders relevant sind dabei auf dem X-Chromosom lokalisierte miRNAs wie miR-151a, die hormonelle Schwankungen und Immunantworten geschlechtsspezifisch modulieren [3]. Diese Unterschiede manifestieren sich bis in die Aktivität angeborener Lymphozyten (ILCs) hinein und unterstreichen die Bedeutung einer geschlechtersensitiven Nutrimiromik. Nutrimiromik untersucht hierbei, wie sich die Ernährung auf das microRNA-Profil (miRNAs) im Körper auswirkt, aber auch umgekehrt, wie miRNAs die Reaktion des Körpers auf bestimmte Nährstoffe beeinflussen.

Diagnostische Innovation und molekulare Biomarker

Zentrale Biomarker in der personalisierten Ernährung

Die Bedeutung molekularer Marker wächst kontinuierlich und umfasst insbesondere zirkulierende miRNAs, Methylierungsmuster und Metabolitsignaturen (► Tab. 1). Die epigenetische Uhr gilt dabei als besonders zuverlässiger Indikator für biologisches Altern. Diese Marker ermöglichen eine frühzeitige Risikoerkennung und individuelle Ernährungsintervention – teilweise lange vor dem Auftreten klinischer Symptome.

Integration digitaler Diagnostiksysteme

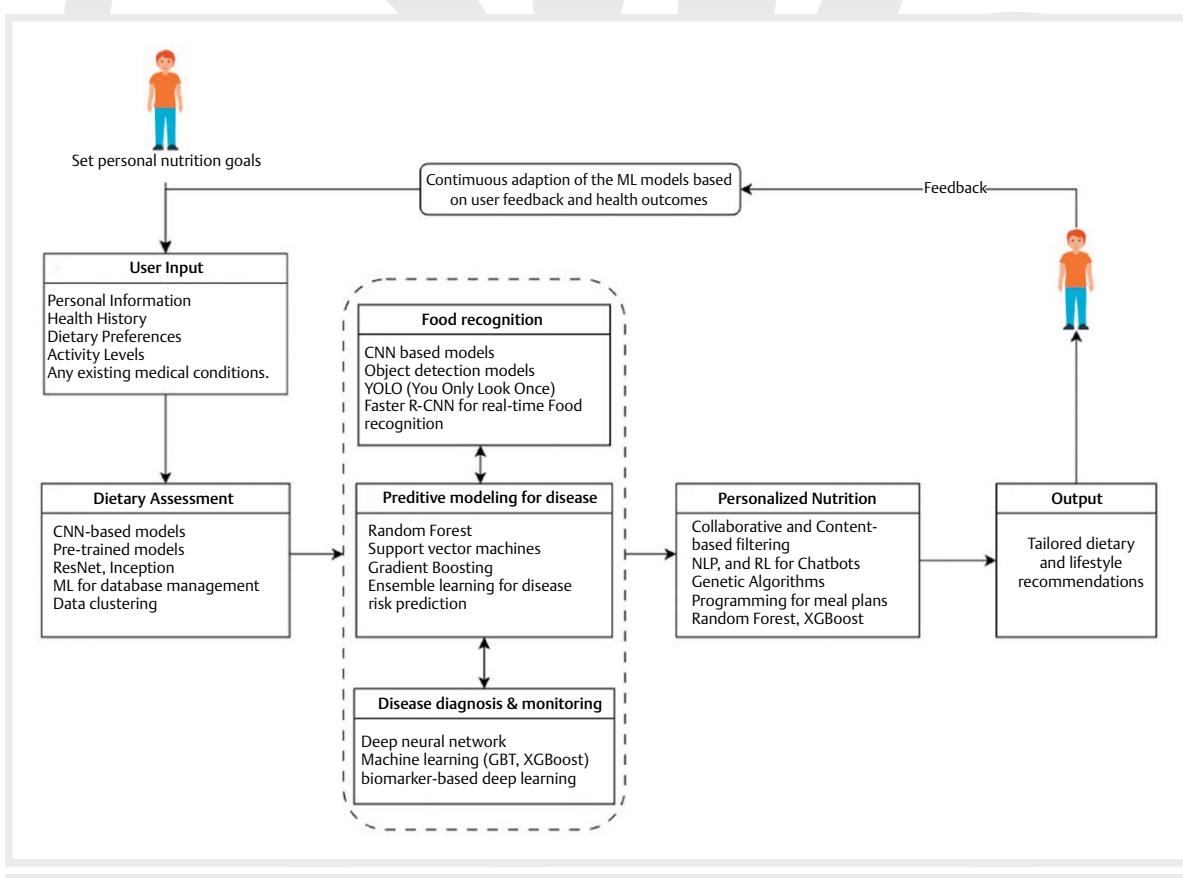
MicroRNAs stehen zunehmend im Fokus der personalisierten Ernährung. Sie modulieren die Genexpression posttranskriptionell und spielen eine zentrale Rolle bei metabolischen, immunologischen und alterungsbedingten Prozessen. Urzler betont, dass miRNAs als wichtiges Bindeglied zwischen Umweltfaktoren wie Ernährung und Lebensstil einerseits und zellulärer Regulation andererseits fungieren [3]. Zirkulierende miRNAs reagieren hochsensibel auf diverse Faktoren wie Schlaf, Rauchen, Alkohol oder körperliche Aktivität, was ihr Potenzial als diagnostische, prognostische und therapeutische Marker unterstreicht.

Die Forschungsgruppe um Ahadi et al. demonstrierte durch tiefes longitudinales Multi-Omics-Profilung mit über 18 Millionen Datenpunkten, wie individuelle Alterungspfade sichtbar gemacht werden können [12]. Diese sogenannten „Ageotypen“ basieren auf dominanten molekularen Veränderungen in verschiedenen biologischen Bereichen – metabolisch, immunologisch, hepatisch oder renal – und stellen eine wichtige Ergänzung für die Präzisionsprävention dar [13–14].

Digitale Diagnostiksysteme zeigen exemplarisch, wie KI-gestützte Tools verschiedene Omics-Ebenen miteinander integrieren können, um personalisierte Ernährungsempfehlungen datenbasiert zu generieren. Diese technologischen Entwicklungen verdeutlichen das Potenzial, aber

► Tab. 2 Moderne Datenverarbeitungssysteme analysieren Ernährungsdaten für die personalisierte Ernährung (nach [5]).

Anwendungsbereich	Methodik	Tools/Systeme	Zweck/Zielsetzung
personalisierte Ernährungsempfehlungen	KI-Algorithmen zur multivariaten Datenanalyse	Machine-Learning-Plattformen, Expertensysteme	Entwicklung maßgeschneiderter Empfehlungen basierend auf individuellen Gesundheitsdaten, Ernährungsmustern und genetischen Informationen
diätetische Bewertung	Deep Learning zur automatisierten Nährstoffbestimmung	goFOOD™, FRANI	automatisierte Bestimmung von Nährstoff- und Energiegehalten aus Lebensmittelbildern mittels spezialisierter Bildverarbeitung
Lebensmittelerkennung und -verfolgung	neuronale Netzwerke für Bildverarbeitung	mobile Anwendungen, Computer Vision Systeme	Echtzeit-Erkennung und Protokollierung der Nahrungsaufnahme durch automatisierte Bildanalyse
prädiktive Modellierung zur Krankheitsprävention	predictive Analytics basierend auf Multi-Omics-Daten	Risikoscoring-Algorithmen, Prognosemodelle	Vorhersage von Krankheitsrisiken (z. B. Typ-2-Diabetes) und Ermöglichung frühzeitiger Interventionen durch Integration klinischer, genetischer und lebensstilbezogener Daten
Krankheitsdiagnostik und -überwachung	KI-gestützte Biomarkeranalyse	diagnostische Algorithmen, Monitoring-Systeme	präzise Diagnose und kontinuierliche Überwachung ernährungsbedingter Erkrankungen durch Kombination biochemischer und diätetischer Parameter



► Abb. 2 Einsatz künstlicher Intelligenz in der personalisierten Ernährung: Die Abbildung zeigt ein umfassendes System zur personalisierten Ernährung, das verschiedene Stufen der Datenerhebung, -verarbeitung und -analyse umfasst. Es nutzt Methoden der künstlichen Intelligenz (KI) und des maschinellen Lernens (ML), um maßgeschneiderte Ernährungsempfehlungen zu generieren. Quelle: [5]

auch die Komplexität der praktischen Umsetzung personalisierter Ernährungsstrategien.

KI-gestützte Metabotyping-Systeme mit Anwendung in den Ernährungswissenschaften

Die Integration künstlicher Intelligenz (KI) in das Metabotyping ermöglicht eine präzise Vorhersage individueller Stoffwechselantworten. Durch die systematische Kombination von Mikrobiom-, Metabolom- und klinischen Daten entstehen praktikable Ernährungsempfehlungen, die auch in der Gruppenberatung anwendbar sind und damit eine breitere Versorgung ermöglichen.

Ein umfassender Überblick von Armand et al. zeigt, dass künstliche Intelligenz, einschließlich maschinellem Lernen und Deep Learning, zunehmend zur Analyse komplexer Ernährungsdaten eingesetzt wird [5]. Die Autoren identifizieren 5 zentrale Anwendungsfelder (**► Tab. 2**).

Diese technologischen Fortschritte sind besonders relevant, da sie die Grundlage für präzise Interventionen in verschiedenen Lebensphasen schaffen – von der Prävention bis hin zur gezielten Behandlung altersbedingter Stoffwechselveränderungen (**► Abb. 2**). Gleichzeitig reduzieren KI-gestützte Ansätze die Kosten pro Intervention durch automatisierte Datenanalyse und standardisierte Empfehlungsalgorithmen, was eine breitere Implementierung in das Gesundheitswesen ermöglicht.

Diskussion

Die Forschung zur personalisierten Ernährung erfährt durch die Integration von Mikrobiomik, Nutrимиomik, Metabolomik und digitaler Diagnostik einen bedeutenden Innovations-schub. Das Metabotyping etabliert sich dabei als praktikables Konzept, das funktionale Stoffwechseltypen erfolgreich in individualisierte Ernährungsempfehlungen übersetzen kann. Die systematische Kombination aus molekularer Diagnostik, künstlicher Intelligenz und individualisierter Intervention eröffnet neue Möglichkeiten in der Ernährungstherapie, die eine Abkehr von pauschalen Ernährungsrichtlinien hin zu präzisen, datengestützten Interventionen verspricht.

Damit dieser Wandel gesundheitspolitisch nachhaltig wirksam werden kann, sind jedoch mehrere Voraussetzungen zu erfüllen. Zunächst bedarf es umfangreicher Langzeitstudien, die die klinische Wirksamkeit und Kosteneffektivität personalisierter Ernährungsansätze belegen. Gleichzeitig müssen faire Rahmenbedingungen geschaffen werden, die einen gleichberechtigten Zugang zu diesen innovativen Therapieformen gewährleisten. Schließlich erfordert die erfolgreiche Implementierung die Entwicklung integrativer Versorgungskonzepte, die personalisierte Ernährung nahtlos in das bestehende Gesundheitssystem einbetten.

Nur durch diese ganzheitliche Herangehensweise lässt sich das volle Potenzial der personalisierten Ernährung für die Prävention und Therapie chronischer Erkrankungen ausschöpfen.

KERNAUSSAGEN

- Traditionelle Ernährungsempfehlungen leiten sich von Mittelwerten der Bevölkerung ab. Die Zunahme chronischer Erkrankungen und heterogene Reaktionen auf Lebensmittel erfordern jedoch einen differenzierteren, individuellen Ansatz.
- Personalisierte Ernährung zielt auf individuelle biochemische, genetische und metabolische Merkmale.
- Damit führt personalisierte Ernährung zu einem Paradigmenwechsel in den Ernährungswissenschaften.
- Die Vielzahl individuell generierter Daten lässt sich durch moderne Technologien wie künstliche Intelligenz und maschinelles Lernen nutzen, um als Grundlage für präzise Interventionen in verschiedenen Lebensphasen zu dienen – von der Prävention bis hin zur gezielten Behandlung altersbedingter Stoffwechselveränderungen.
- Dies senkt die Kosten für die einzelnen Anwendungen und ermöglicht damit auch einen Nutzen im öffentlichen Gesundheitswesen.

Interessenkonflikt

Die Autorinnen und der Autor erklären, dass kein Interessenkonflikt besteht.

Autorinnen/Autoren



Dr. Alexander G. Haslberger

Dr. Alexander Haslberger, PhD, studierte Mikrobiologie und Genetik. Er arbeitete am Sandoz Research Institute, Wien; Universität von Minnesota; Gadjah Madya Universität, Yogyakarta; Gesundheitsministerium Wien und WHO in Genf. Er war Berater für OECD, E.C. und EPA. Er ist Gruppenleiter an der Universität Wien, Dep. für Ernährungswissenschaften, und an der Sigmund-Freud-Universität, Wien. Zuvor arbeitete er am Dep. für Mikrobiologie und Genetik der Universität Wien. Seine Forschungsgebiete sind Immunantworten, Mikrobiota, Epigenetik, molekulare Ernährung und gesundes Altern. Er war an mehreren UN-, EU- und nationalen Forschungsprojekten beteiligt und veröffentlichte mehr als 200 Artikel.

Korrespondenzadresse

Dr. Alexander G. Haslberger

Universität Wien, Department für Ernährungswissenschaften
UZA II Althanstraße 14
1090 Wien
Österreich
alexander.haslberger@univie.ac.at
www.my-personal.health

Literatur

- [1] Kolodziejczyk AA, Zheng D, Elinav E. Diet–microbiota interactions and personalized nutrition. *Nature Rev Microbiol* 2019; 17: 742–753
- [2] Pointner A, Krammer U, Tomeva E et al. Lifestyle-driven variations in nutromiomic microRNA expression patterns across and beyond genders. *Life* 2024; 14: 390
- [3] Urzler S. Personalisierte Ernährung, Nutrioniomik und gesundes Altern. Unveröffentlichter Beitrag; 2024
- [4] Palmnäs M, Brunius C, Shi L et al. Metabotyping – a potential personalized nutrition strategy for precision prevention of cardiometabolic disease. *Adv Nutr* 2020; 11: 524–532
- [5] Armand TPT, Nfor KA, Kim J-I, Kim H-C. Applications of artificial intelligence, machine learning, and deep learning in nutrition: A systematic review. *Nutrients* 2024; 16: 1073. DOI: 10.3390/nu16071073
- [6] Haslberger A, Hippe B. Personalisierte Ernährung. Zugriff am 28.05.2025 unter: https://www.researchgate.net/publication/381316089_Personalisierte_Ernährung
- [7] Simon M-C, Strassburger K, Nowotny B et al. Gut microbiome analysis for personalized nutrition. *Mol Nutr Food Res* 2022; 67: 2200476
- [8] Blaak EE, Canfora EE, Theis S et al. Short chain fatty acids in human gut and metabolic health. *Beneficial Microbes* 2020; 11: 411–455. DOI: 10.3920/BM2020.0057

- [9] Sinha S, Rajendran B, Vasagam S, Balakrishnan J. Correlation between microRNA-21 expression and overweight/obesity. *Folia Medica* 2024; 66: 825–833. DOI: 10.3897/folmed.66.e137396

- [10] DeLucas M, Sánchez J, Palou A, Serra F. The impact of diet on miRNA regulation and its implications for health: A systematic review. *Nutrients* 2024; 16: 770. DOI: 10.3390/nu16060770

- [11] Linseisen J, Renner B, Gedrich K et al. Working Group “Personalized Nutrition” of the German Nutrition Society. Data in personalized nutrition: ridging biomedical, psycho-behavioral, and food environment approaches for population-wide impact. *Adv Nutr* 2025; 100377. DOI: 10.1016/j.advnut.2025.100377

- [12] Ahadi S, Zhou W, Schüssler-Fiorenza Rose SM et al. Personal aging markers and ageotypes revealed by deep longitudinal profiling. *Nature Med* 2020; 26: 83–90. DOI: 10.1038/s41591-019-0719-5

- [13] Mullins VA, Bresette W, Johnstone L et al. Genomics in personalized nutrition: Can you “eat for your genes”? *Nutrients* 2020; 12: 3118. DOI: 10.3390/nu12103118

- [14] Zeevi D, Korem T, Zmora N et al. Personalized nutrition by prediction of glycemic responses. *Cell* 2015; 163: 1079–1094

Artikel online veröffentlicht 2025

Bibliografie

Ernährung & Medizin 2025

DOI 10.1055/a-2494-2836

ISSN 1439-1635

© 2025. Thieme. All rights reserved.

Georg Thieme Verlag KG, Oswald-Hesse-Straße 50,
70469 Stuttgart, Germany