

Summary

Many fermentation ecosystems rely on the simultaneous occurrence of different microbial groups, which often interact with each other. Two examples are the human colon fermentation process and the cocoa bean fermentation process. Human colon fermentation deals with the metabolism of non-digested polysaccharides, such as inulin-type fructans (ITF) that stimulate the activity of bifidobacteria, which in turn enhances the production of butyrate by colon bacteria through cross-feeding interactions. Butyrate-producing colon bacteria differed in their ability to degrade ITF and produced different metabolites. *Faecalibacterium prausnitzii* DSM 17677^T was involved in cross-feeding interactions with different acetate-producing bifidobacteria. These cross-feeding interactions were pure commensal or dominated by competition for the substrate. Lactate-consuming, butyrate-producing colon bacteria such as *Eubacterium hallii* DSM 17630 and *Anaerostipes caccae* DSM 14662^T were susceptible to commensal cross-feeding interactions. Degradation of ITF by lactic acid bacteria (LAB) and bifidobacteria also resulted in the production of lactate and acetate, which were then consumed by the butyrate-producing bacteria. Cocoa bean fermentation is the result of a succession of metabolic activities performed by yeasts, LAB, and acetic acid bacteria (AAB). Cocoa-derived yeasts fermented glucose and fructose mainly into ethanol and could be grouped based on their fermentative nature, carbohydrate consumption characteristics, and community dynamics. Cocoa-derived AAB interacted with yeasts and LAB by oxidizing ethanol, produced by the yeasts, and lactic acid, produced by the LAB, into acetic acid and acetoin, respectively. As such, this study gave a deeper insight into the metabolism and functional roles of and the interactions between different microbial groups during the colon fermentation process and the cocoa bean fermentation process.

Samenvatting

Vele fermentatie-ecosystemen steunen op het simultaan voorkomen van verschillende microbiële groepen die vaak met elkaar interageren. Twee voorbeelden zijn het humane colonfermentatieproces en het cacaoboonfermentatieproces. Het humane colonfermentatieproces staat in voor het metabolisme van niet-verteerbare polysacchariden, zoals inuline-type fructanen (ITF) die de activiteit van bifidobacteriën stimuleren, dewelke op hun beurt de productie van boterzuur door colonbacteriën verbeteren door cross-feeding interacties. Boterzuurproducerende colonbacteriën verschilden in hun mogelijkheid om ITF te degraderen en produceerden verschillende metabolieten. *Faecalibacterium prausnitzii* DSM 17677^T was betrokken bij cross-feeding interacties met verschillende azijnzuurproducerende bifidobacteriën. Deze cross-feeding interacties waren zuiver commensaal of werden gedomineerd door competitie voor het substraat. Melkzuurconsumerende, boterzuurproducerende colonbacteriën zoals *Eubacterium hallii* DSM 17630 en *Anaerostipes caccae* DSM 14662^T waren onderhevig aan commensale cross-feeding interacties. Degradatie van ITF door melkzuurbacteriën (MZB) en bifidobacteriën resulteerde ook in de productie van melkzuur en azijnzuur, die dan geconsumeerd werden door de boterzuurbacteriën. Cacaoboonfermentatie is het resultaat van een opeenvolging van metabolische activiteiten die uitgevoerd worden door gisten, MZB en azijnzuurbacteriën (AZB). Cacao-afgeleide gisten fermenteerden glucose en fructose voornamelijk tot ethanol en konden gegroepeerd worden op basis van hun fermentatief karakter, koolhydraatconsumptie-eigenschappen en populatiedynamica. Cacao-afgeleide AZB interageerden met gisten en MZB door het oxideren van het door de gisten geproduceerde ethanol in azijnzuur en het door de MZB geproduceerde melkzuur in acetoïne. Bijgevolg resulteerde deze studie in een dieper inzicht in het metabolisme en de functionele rol van en interacties tussen verschillende microbiële groepen tijdens het humane colonfermentatieproces en het cacaoboonfermentatieproces.