

Minta azonosító
00000000

Laboratórium
Procomcare NGS

Módszer
Norgen Biotek Corp.

Beérkezett
2023. szeptember 16.

Alapanyag
Széklet

Mintavétel
2021. március 8.

Elemzett
2023. szeptember 24.

Az Ön személyes mikrobiom jelentése

Az Endobiom mikrobiom-elemzés célja a székletben található összes baktérium vizsgálata újgenerációs génelemzéssel. Az elemzés segítségével kizárólag a baktériumok 16S génjét határozzuk meg. Ez lehetővé teszi, hogy osztályozni lehessen a bélrendszerben lévő baktériumokat és – az Endobiom tudásbázisának segítségével – tudományosan megalapozott következtetéseket vonjunk le az Ön egészségére vonatkozóan.

Mikrobiális összetétel



Fejleszthető!

Táplálkozás



Fejleszthető!

Egészség



Fejleszthető!

A mikrobiális összetétele javítható. Az Ön diverzitása átlag alatti. Próbáljon meg javítani rajta. Úgy tűnik, kiegyensúlyozott étrendet követ. Azonban a bélbaktériumok segíthetnek a bevitt táplálék még hatékonyabb felhasználásában. Van lehetőség az egészségi állapota javítására, különösen a mikrobiológiai egészségügyi állapotok tekintetében: Súly, Bél-máj tengely, Bél-szív tengely, Az ízületek egészsége, Gyulladás.

Személyes fejlesztési javaslatait az "Ajánlások" című részben találja. 22.

Kérem, vegye figyelembe: Egy mikroorganizmus kimutatása ezzel az elemzéssel nem jelenti azt, hogy az összefüggésbe hozható egy betegséggel. Hasonlóképpen, egy mikroorganizmus kimutatásának elmulasztása ezzel az elemzéssel nem zárja ki a betegséget okozó mikroorganizmus jelenlétét. Más organizmusok is jelen lehetnek, amelyeket nem mutat ki az ez az elemzés. Ez az elemzés nem helyettesíti a mikroorganizmusok azonosítását szolgáló vagy az azok antimikrobiális érzékenységét kimutató korábbi módszereket.

Összefoglaló

Az Ön személyes mikrobiom-jelentése átfogó és sok ismeretet tartalmaz a baktériumok az egészségére gyakorolt hatásáról. Az alábbiakban összefoglaljuk a legfontosabb eredményeket.

Az eredményekkel kapcsolatos további információk a részletes oldalakon találhatóak - kérjük, használja a tartalomjegyzéket.

Mikrobiális összetétel

Index	Érték	Átlagos	Referencia tartomány
⊖ Sokszínűség	5,53	5,62 - 6,42	Fejleszthető !
⊖ Fajgazdagság	195	202 - 320	Fejleszthető!
✓ Fajok egyenletessége	0,7	0,72 - 0,78	Kiváló!

Táplálkozás

Paraméter	Eredmény	Átlagos	Referencia tartomány
🌱 Enterotípus			Enterotípus 2 (Prevotella)
⊖ Kalóriabevitel	0,5	1 - 1,8	Fejleszthető !
⊖ Súly			Fejleszthető!
⊖ Cukoranyagcsere	64	100	Jól van!
⊖ Lipid anyagcsere	87	100	Jól van!
⊖ Vitamin anyagcsere	68	100	Jól van!
✓ Fehérje anyagcsere	106	100	Átlagon felül!

Egészség

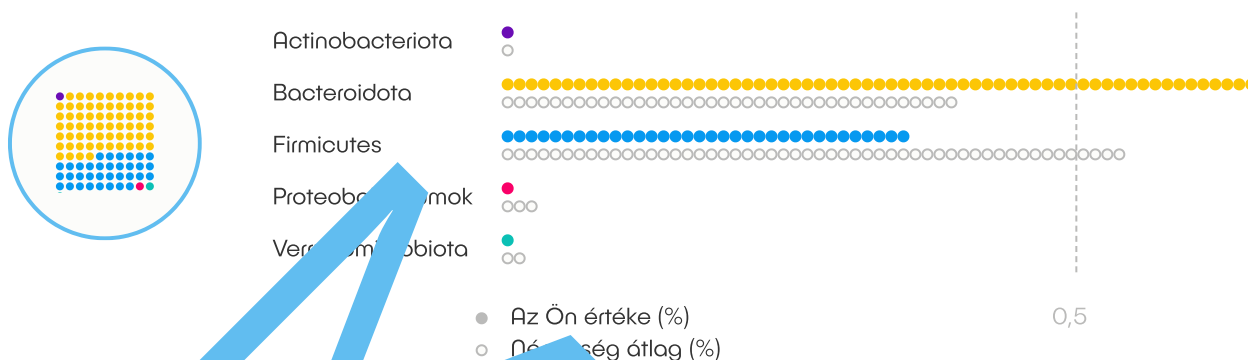
⊖ Gyulladás	⊖ Bél-máj tengely
✓ Bélyáلكահάρտյա	✓ Bél-bőr tengely
✓ Irritábilis bél szindróma	✓ Insulin egyensúly
✓ Bél-agy tengely	⊖ Az ízületek egészsége
⊖ Bél-szív tengely	

Tartalomjegyzék

	Mikrobiális összetétel	4
Tudja meg, mennyire más és egyedi az Ön mikrobiomja.	Az összes baktérium áttekintése	4
	Sokszínűség	5
	Fajgazdagság és egyenletesség	6
	Probiotikus baktériumok	7
	Táplálkozás	8
Tudja meg, milyen hatásai vannak a bélbaktériumainak a táplálékfelvételére.	Interotípus	8
	Kalóriabevitel	9
	Súly	10
	Vitamin- és ásványianyag-cseré	11
	Cukor- és zsírszint	12
	Egészség	13
Tudja meg, milyen egészségügyi állapotokkal hozhatók összefüggésbe a baktériumai.	Gyulladás	13
	Bélnyálkahártya	14
	Irritábilis bél szindróma	15
	Bél-agy tengely	16
	Bél-szív tengely	17
	Bél-máj tengely	18
	Bél-bőr tengely	19
	Inzulin egyensúly	20
	Az ízületek egészsége	21
	Fejlesztésre vonatkozó ajánlások	22
	Baktériumok listája	29
	A tesztről	32
	Hivatkozások	33

Mikrobiális összetétel

Az összes baktérium áttekintése



Az Ön mikrobiomja egyedi, ezért az Ön bélrendszerében lévő baktériumok összetétele eltérhet az átlagos baktériumokétól.

Leírás

Az emberi bélrendszert öt baktériumtörzs (törzs) alkotja: Actinobacteriota (Actinobacteria), Bacteroidota (Bacteroidetes), Firmicutes, Proteobacteria, Verrucomicrobiota (Verrucomicrobia). Ezek a bonyolult nevek a baktériumtörzsek taxonóját (osztályozását) írják le.

Minél tovább olvassa a személyes beszámolóját, annál jobban megérti magát. Ebben a fejezetben összehasonlítjuk az Ön baktériumainak összetételét a populáció átlagos értékével. Mivel az Ön mikrobiomja egyedi, normális, hogy az Ön értékei eltérnek az átlagtól.

Az összes baktériumtípus teljes listáját a "baktériumok listája" című fejezetben találja.

A megadott referencia- és átlagértékek főként a felméréseinken alapulnak: összegyűjtött adatok, valamint a általunk elemzett vagy részben általunk is elkészített tanulmányok. Az olyan adatok alapján, mint például az életkor, a biológiai nem, a lokáció, és a korábbi betegségek -, melyeket a kérdőíves felmérésekből nyerünk - modellezünk és mintacsoportokat állítunk fel.

Részletes információk

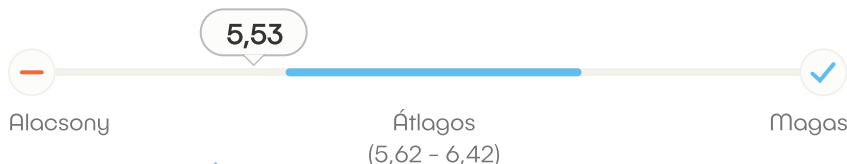
Típus	Ön (%)	Népesség (%)
Actinobacteriota	0,34%	0,80%
Bacteroidota	63,27%	37,87%
Firmicutes	33,95%	51,80%
Proteobacteria	1,41%	2,77%
Verrucomicrobiota	0,57%	1,69%

Sokszínűség



Fejleszthető !

Shannon-index (a mikrobiom sokfélesége)



Az Ön mikrobiom sokfélesége lehetne jobb is. Erősítse mikrobiomjának sokféleségét személyre szabottan.

Leírás

A diverzitás a mikrobiom változatosságát méri, és magában foglalja a fajgazdagságot és a fajok egyenletességét. A diverzitás azt jelzi, hogy a különböző baktériumtípusok egyenletesen fordulnak-e elő a bélrendszerben, vagy egyes baktériumtípusok dominálnak.

A Shannon-index (diverzitás) a leggyakrabban használt numerikus mutató a biológiai sokféleség ábrázolására. Minél több különböző baktériumtípus sziklik el egyenletesen a bélrendszerben, annál nagyobb a bélrendszer sokfélesége és annál rugalmasabb a mikrobiom.

Kockázati tényezők

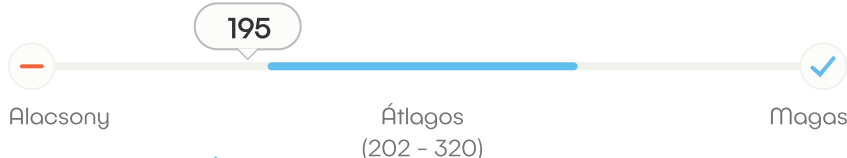
A személyes mikrobiomot különböző környezeti hatások, például az antibiotikum-bevitel, fertőzések, külföldi tartózkodások, kiegyensúlyozatlan étrend, növekvő életkor vagy dohányzás egyénileg alakítják.

Fajgazdagság



Fejleszthető!

Különböző baktériumok száma



A különböző baktériumfajok száma a bélben **érték**. A bélrendszerében lévő mikrobiális sokféleség lehetne jobb is. Alkalmazza a szerzőre adott ajánlást (a jelentés végén) a bélrendszerében élő fajok számának növelése érdekében.

Leírás

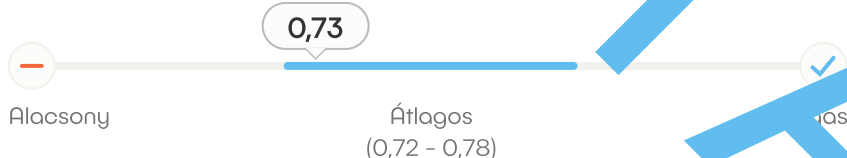
A fajgazdagság a bélrendszerben található különböző baktériumtípusok számát írja le. Egy változatos mikrobiomban a különböző baktériumfajok nagy száma járulhat ahhoz, hogy a baktériumok számos különböző funkciót végezzenek. Ennek következtében az Ön teste jobban tudja hasznosítani a táplálékot és a tápanyagokat, valamint könnyebben kezeli a stresszt és az alultápláltságot.

Fajok egyenletessége



Kiváló!

Pielou-index (a mikrobiom egyensúlya)



Az Ön mikrobiomja kiegyensúlyozott. Ez azt jelenti, hogy a baktériumok egyenletesen oszlanak el.

Leírás

A fajegyenlőség azt fejezi ki, hogy egy baktériumfaj milyen gyakran fordul elő a bélrendszerben a többi baktériumfajhoz képest. Minél magasabb az egyenletesség, annál kiegyensúlyozottabb a különböző baktériumok fajonkénti eloszlása.

Például 2% Lactobacillusok, 98% Lactobacillusok. Az enterococcusok alacsony fajegyenletességet mutatnak, míg az 50% Lactobacilli, 50% Enterococcis magas fajegyenletességet mutat.

Probiotikus baktériumok



Kiváló!

- ● ● ✓ nagyon jó
- ● ● – javítható

Sok probiotikus baktériummal rendelkezik.

Leírás

Az Egészségügyi Világszervezet (WHO) meghatározása szerint a probiotikumok olyan élő mikroorganizmusok, amelyek jótékonyan hatnak az egészségre, ha megfelelő mennyiségben adagolják. Az itt felsorolt probiotikus baktériumok jellemzően a könnyen hozzáférhető élelmiszerekben vagy probiotikumokban találhatók.

Részletes információ

Baktérium	Az Ön eredménye	Probiotikus baktériumot tartalmazó élelmiszer
✓ Bifidobacterium 46 47 48 49 50 51 52 65 66 67 68 69	Normál	
✓ Akkermansia muciniphila 68	Normál	
✓ Lactobacillus 53 54 55	Normál	

Táplálkozás

Enterotípus



Enterotípus 2 (Prevotella)

Ez az enterotípus különösen gyakori a vegetáriánusok körében. A Bacteroides (1. enterotípus) csak 10 vegetáriánusból 1-ben van jelen. A Prevotella baktériumok elsősorban a bélnyálkahártya nyálkahártyáján található cukorfehérje-komplexeket bontják. Ezenkívül ezek a baktériumok elsősorban B1-vitamint (tiamin) és B9-vitamint (folsav) termelnek. Enterotípus 2 az egészséges bélrendszer gyakori erős indikátora és jó szénhidráthasznosító. Az enterotípus továbbá képes a cukrot gyorsan lebontani és tárolni.

Leírás

Bár a mikrobiom olyan egyéni, mint az ujjlenyomat, mégis nagyjából felosztható egy alapvető mikrobiomra, az úgynevezett enterotípusra. Az enterotípus az élet első éveiben alakul ki. Ez független a nemtől, az életkortól vagy a földrajzi származástól. Az Ön enterotípusa elsősorban a genetikkal és az étkezési szokásokkal függ össze. Minden enterotípusban más-más baktériumnemeszet dominál.

Három enterotípust különböztetünk meg:



Enterotípus 1

= Különösen azok számára, akik gyakran esznek húst: Bacteroides^{49,50,51}.



Enterotípus 2

= Különösen azok számára, akik vegán vagy vegetáriánus ételeket fogyasztanak^{49,50,53,96}.



Enterotípus 3

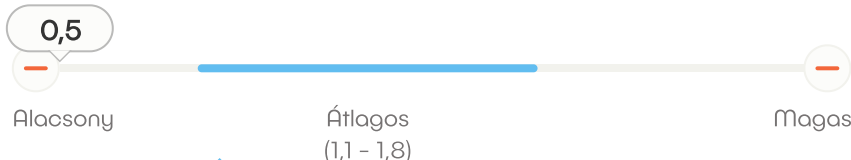
= Különösen a kiegyensúlyozott étrendet kedvelők számára: Ruminococcus

Kalóriabevitel



Fejleszthető !

A Firmicutes és a Bacteroidetes aránya



A Firmicutes és a Bacteroidetes aránya a bélrendszerében lehetne jobb is. A Firmicutes magas aránya összefügg a túlsúllyal, míg a Bacteroidetes nagy mennyisége rossz kalóriafelhasználással, sőt néha még alultápláltsággal jár. Személyre szabott ajánlásaiban megtudhatja, hogyan javíthatja a Firmicutes és a Bacteroidetes arányát.

Leírás

A vastagbélbaktériumok leggyakoribb képviselői a Bacteroidetes és a Firmicutes. A Firmicutes képes a nem emészthető rostokat felhasítani és "rostoldókra" bontani. Ezáltal több energiát adnak a szervezetnek, amikor szükség van rá. Bacteroidetes száma megnő, amikor a testtömeg csökken. Ezért következtetni lehet arra, hogy mennyire jó a kalóriafelhasználás szervezetben, ami viszont súlygyarapodáshoz vezet. Ha kalóriaszegény étrenddel fogynak, ez az arány általában szintesen csökken.

Súly



Fejleszthető!



Támogassa baktériumait néhány apró trükkal. Ezeket megtalálja a személyes fejlesztési javaslatok között.

Leírás

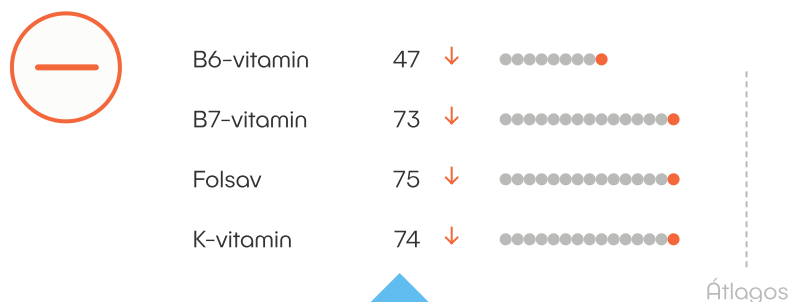
Egyes baktériumok befolyásolják, hogy mennyire könnyen hízik vagy fogy. Itt láthatók azok a baktériumok, amelyek megvédik a súlytól. A bélbaktériumok részt vesznek a táplálék hasznosításában. Befolyásolják, hogy mennyi kalóriát veszteséghez a táplálékból.

Az azonban nem jelenti azt, hogy az emberek, akikben hiányoznak bizonyos baktériumok, túlsúlyosak lennének. Csak azt, hogy bizonyos baktériumok segíteni tudnak lefogyni vagy visszafogni a testsúlyt.

Szakirodalmi hivatkozások

Védő baktériumok		Az Ön eredménye
– Bacteroides 104 107 108		Alacsony
✓ Barnesiella 106		Normál
✓ Butyricimonas 113		Normál
✓ Parabacteroides distasonis 107 108 110 114		Normál
– Lachnospiraceae 103		Alacsony
✓ Coprococcus catus 112		Normál
✓ Lachnospira 52 76		Normál
✓ Oscillospira 103 104		Normál
✓ Dialister 105		Normál
✓ Akkermansia muciniphila 76 99 100 101 102		Normál

Vitamin anyagcsere

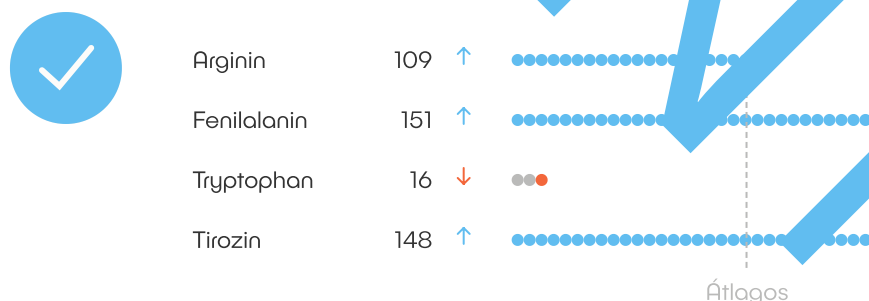


Leírás

A vitaminok létfontosságú anyagok, és szükségesek az energiatermeléshez, az immunrendszer működéséhez, a véralvadáshoz és más funkciókhoz. A nyomelemek olyan anyagok, amelyek a vitaminokkal együtt a mikrotápanyagok csoportjába tartoznak, és fontos szerepet játszanak a növekedésben, a csontok egészségében, a folyadékegyensúlyban és számos más folyamatban.

Egyes baktériumok maguk is képesek vitaminokat előállítani. Többek között B6-vitamint, B7-vitamint, folsavat és K vitamint állítanak elő.

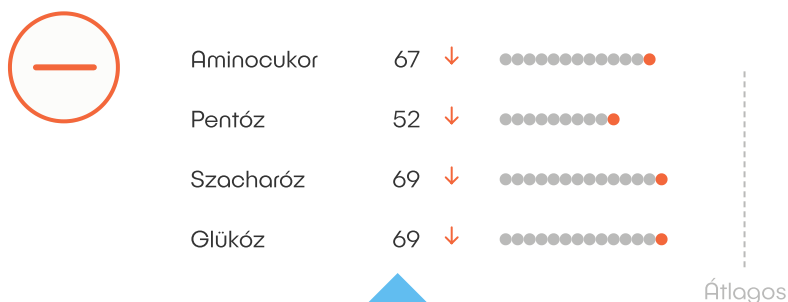
Fehérje anyagcsere



Leírás

A fehérjék végzik a legtöbb munkát a sejtben, például a szövetek növekedését és fenntartását, az enzimek és hormonok termelését, a savak és bázisok koncentrációjának szabályozását a vérben és más testnedvekben, valamint az immunrendszerben a fertőzések leküzdésére szolgáló antitestek képződését. Hasonlóképpen, a fehérjéknek raktározási funkciójuk van (pl. a ferritin, amely a vasat tárolja), és ellátják a szervezetet energiával. A fehérjék fontos építőkövei (aminosavak) az arginin, a fenilalanin, a triptofán és a tirozin.

Cukoranyagcsere

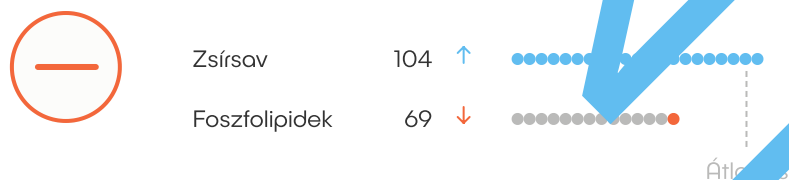


Leírás

A szervezet a szükséges energia mintegy felét szénhidrátokból nyeri. Az étrendi szénhidrátok három fő kategóriába sorolhatók:

1. cukrok, például keményítő, fruktóz és glükóz
2. keményítő, például a rizsben és a gabonákban
3. rostok, például a zöldségekben és a gyümölcsökben találhatóak. Valójában mi, emberek nem tudjuk megemészteni az élelmi rostokat, pedig ezek segítenek minket.

Lipid anyagcsere



Leírás

A zsírsavak és a foszfolipidek a zsírok fontos képviselői, amelyeket a bélbaktériák feldolgoznak és újra felhasználnak. A foszfolipidek a membrán fő képviselői közé tartoznak. A zsírsavak energiaforrásként szolgálnak, fontosak az agy és az idegrendszer számára, a sejtek építőkövei és a hormonok termelésének alapjai.

A zsírsavak anyagcsereje magában foglalja az összes az étkezési zsírok lebontásában és a zsírsavak felépítésében részt vevő folyamatot a bélben. Fontos összetevőket, mint például az étrendjében szereplő zsírsavakat és foszfolipideket az emésztőszervek abszorbeálják.

Gyulladás



Fejleszthető!



Támogassa baktériumait némi apró trükkkel. Ezeket megtalálja a személyes fejlesztési javaslatok között.

Leírás

A bélbaktériumok vagy megvédhetik szervezetet a gyulladástól, vagy gyulladásszerű folyamatokat okozhatnak. Ezek a gyulladásos folyamatok a beleken kívül is előfordulhatnak. Ha a bélbaktériumok nincsenek egyensúlyban, vagy túlságosan gyulladásgátló baktérium van a belekben, az "szivárgó bél" szindrómához vezethet. Ez akkor következik be, amikor a baktériumokból vagy kórokozókból származó toxinok (káros anyagcsere-termékek) bejutnak a szervezetbe a béláron keresztül, és gyulladást okoznak. A gyulladásgátló baktériumok védő hatással vannak a mikrobiomra.

Kockázati tényezők

A gyulladásnak sokféle oka lehet. A mikrobiom egyenlően egy szerepet játszik. Azonban a fertőzések, a gyógyszerek, a dohányzás, az alkohol, a magas cukortartalmú ételek és magas zsírsavak megváltozott összetétele szintén hozzájárulhat a gyulladásához.

Szakirodalmi hivatkozások

Kapcsolódó baktériumok	Az Ön eredménye	Védő baktériumok	Az Ön eredménye
Prevotella 122	Magas	Bifidobacterium 123 141	Normál
Erysipelotrichaceae 124 135	Normál	Clostridia 123 131	Alacsony
Streptococcus 122 127 129	Normál	Ruminococcaceae 122	Alacsony
Intestinibacter 122	Normál	Akkermansia 132 133 137 138 139	Normál
Sutterella 130	Normál		
Enterobacteriaceae 136 143	Normál		

Bélnyálkahártya



Kiváló!



Csak így tovább!

Leírás

A bélnyálkahártya nyálka és védőréteggént és gátként szolgál a káros anyagokkal szemben. Ezenkívül a nyálka felszívja a folyadékokat és oldanyagokat. Az Ön baktériumai határozzák meg, hogy a nyálkát mennyire stimulálják vagy lassítják le a nyálka biztosítja, hogy az Ön bélbaktériumai elegendő távolságot tartsanak a nyálkahártyától, hogy nem irritálják túlságosan helyi immunsejteket, ezáltal gyulladásos folyamatot indítsanak el és megzavarják a barrier funkciót. A regenerálódó baktériumok segítenek a bélnyálkahártya falának megtartásában és a bélgyulladás csökkentésében. Ha a baktériumok egyensúlya megbomlik, a nyálka fokozott lebomlása következhet be, ami ennek a fontos védőrétegnek a csökkenését eredményezi. A bélbarrier-zavar egyik típusa az úgynevezett "szivárgó bél". Ez esetben a fokozott béláteresztő képesség a viszonylagos nyálkahártya sejtszöveti szoros kötéseinek meglazulása miatt alakul ki. Ezek a meglazult szoros kötések nem látható réseket hoznak létre, amely lehetővé teszi, hogy kis mennyiségű mérgező anyag átszivjon a bélbarrieren, és így bejusson az Ön véráramába. Az alacsonyabb diverzitás és a Firmicutesek a Bacteroidetesekhez képest megnövekedett aránya szintén döntően befolyásolja az egészséges bélnyálkahártyát. Ezek a megfigyeléseket az előző fejezetekben ismertettük.

Kockázati tényezők

A szivárgó bélrendszer kiváltó okai között szerepelnek a fertőzések, a gyógyszerek, autoimmun gyulladások és a mérgező anyagok fogyasztása.

Szakirodalmi hivatkozások

Kapcsolódó baktériumok	Az Ön eredménye	Védő baktériumok	Az Ön eredménye
✓ Collinsella 192 227	Normál	✓ Lactobacillus 193 194 195	Normál
✓ Bilophila 205 214 230	Normál	✓ Oscillibacter 214	Magas
✓ Sutterella 130 204 205	Normál	✓ Faecalibacterium prausnitzii 70 203 206 218 219 222 223	Normál
		✓ Ruminococcus 207 207 213 213 224 225	Normál
		✓ Akkermansia muciniphila 100 137 209 210 211 212 213 214 217	Normál

Irritábilis bél szindróma



Kiváló!

✓ nagyon jó
– javítható

Csak így tovább!

Leírás

Az irritábilis bél szindróma az emésztőrendszer működési zavara. Bár ez a rendellenesség nem életveszélyes, de gyakran csökkenti az életminőséget. Az irritábilis bél szindróma gyakran székrekedéssel, hasmenéssel és fájdalommal jelentkezik, illetve a széklet állaga is megváltozhat.

Kockázati tényezők

Számos tényező okozhat irritábilis bél szindrómát. A stressz és az érzelmek gyakran társulnak ehhez a rendellenességhez. A tünetek súlyosbítását a fent felsorolt okokat felerősítő egyéb kiváltó okok közé tartozik az alultápláltság és a tápanyagok hiánya, egyéb betegségek, toxinok, gyomorsavhiány, gyógyszerek, fertőzések és bakteriális egyensúlyhiány.

Szakirodalmi hivatkozások

Kapcsolódó baktériumok	Az Ön eredménye	Védő baktériumok	Az Ön eredménye
✓ Blautia 233 242 244 246 249	Normál	✓ Bifidobacterium 236 250 251 255 258 259 260 261	Normál
✓ Dorea 235 236 242 244	Normál	– Bacteroides 238 242 244	Alacsony
✓ Ruminococcus 242 252 254 255 256 257	Normál	✓ Odoribacter 241 242 244 265	Normál
✓ Dialister 242 252	Normál	✓ Faecalibacterium prausnitzii 234 235 238 240 241 244 264 265 266 267	Normál
✓ Veillonella 205 239 240 241 258	Normál	✓ Akkermansia muciniphila 212 236 238 266	Normál
✓ Gammaproteobacteria 244 259	Normál		
✓ Enterobacteriaceae 242 247 248 253 253 267	Normál		

Bél-agy tengely



Kiváló!

✓ nagyon jó
- javítható

Csak így tovább!

Leírás

Bél a fej fölött! Több mint 100 millió idegsejt köti össze a bélrendszert az aggyal. Ezért a bélrendszered folyamatos információcsereben áll az aggyal. A bélrendszer idegrendszere ugyanazokat a neurotranszmittereket (sejtek között információátvivő anyagok) használja, mint az agy. Ezek az információátvivők a mentális betegségeknél, például a depresszióban is fontos szerepet játszanak. Az emésztőrendszerben lévő baktériumok anyagcseréje megzavarhatja ezen információátvivő anyagok, mint például a noradrenalin, GABA- és serotonin egyensúlyát, és így hatással lehet a kedélyállapotunkra.

Kockázati tényezők

Számos tényező hozzájárulhat a kedvetlenséghez vagy a depresszióhoz. Gyakran fizikai vagy a környezeti tényezőktől függő okok, mint például a krónikus betegség, hormonális egyensúlyhiány, állandó stressz és konfliktusok, magány vagy más szerencsétlenségek.

Szakirodalmi hivatkozások

Kapcsolódó baktériumok	Az Ön eredménye	Védő baktériumok	Az Ön eredménye
✓ Eggerthella 292 299 316 317	Normál	✓ Bifidobacterium 301 303 305 316 318 319	Normál
✓ Bacteroidaceae 250 309	Alacsony	✓ Coprococcus 295 298 307 308	Normál
– Paraprevotella 205 292 300	Magas	✓ Faecalibacterium 295 297 299 311 315	Normál
✓ Alistipes 250 306 309 314 315	Normál	✓ Ruminococcus 296 297 311 312 315	Normál
✓ Turicibacter 205 292 316 317	Normál	✓ Dialister 43 307 311	Normál
✓ Lachnospiraceae 250 287 288 289 290 308	Alacsony		
✓ Anaerostipes 287 292 299 312	Normál		

Bél-szív tengely



Fejleszthető!



Támogassa baktériumait néhány apró trükkkel. Ezeket megtalálja a személyes fejlesztési javaslatok között.

Leírás

Az érrendszer és/vagy szívbetegségei (szív- és érrendszeri betegségek) a lakosság körülbelül egyharmadát érintik. A közelmúltban kimutatták, hogy a mikrobiom részt vesz az ilyen betegségek kialakulásában.

Kockázati tényezők

A baktériumok bizonyos anyagokat, például a kolin és az L-karnitint (a tojásban és a tejben található) trimetilaminná metabolizálják. Ezután a májban trimetilamin-N-oxidokká (TMAO) alakulnak át. A TMAO elősegíti a koleszterin felszívódását, és így hozzájárulhat a szív- és érrendszeri betegségek kialakulásához. Ezenkívül a bélnyálkahártya barrierfunctiójának zavarai (pl. szivárgó bél) gyulladásos kaszkádot indíthat el. A baktériumok anyagcseretermékei bejuthatnak a vérkeringési rendszerbe és hozzájárulhatnak az érlemeztesedés kialakulásához (zsír, vérrög, kötőszövet és kalcium lerakódása az erekben) és szívelégtelenséghez (szívizom gyengeség).

Szakirodalmi hivatkozások

Kapcsolódó baktériumok	Az Ön eredménye	Védő baktériumok	Az Ön eredménye
✓ Alistipes 327 338 343 352	Normál	– Bacteroides 343 345 352	Alacsony
✓ Parabacteroides 327 338 343	Normál	✓ Odoribacterium 326	Normál
✓ Desulfovibrio 327 338	Normál	✓ Prevotella 338 352	Magas
✓ Enterococcus 327 330	Normál	✓ Roseburia 113 330 340 352 354 355	Normál
✓ Hungatella 341 342 353	Normál	✓ Faecalibacterium 330 352 354	Normál
✓ Enterobacteriaceae 337 352	Normál	✓ Subdoligranulum 330	Normál
– Escherichia-Shigella 330 342	Magas		

Bél-máj tengely



Fejleszthető!



Támogassa baktériumait néhány apró trükkel. Ezeket megtalálja személyes fejlesztési javaslatok között.

Leírás

A máj a legfontosabb anyagcsere-szerv. Ez a szervezet méregtelenítő központja, és alvadási faktorokat és savakat termel. Az, hogy a májat mennyire használja napi szinten, az egészséges bélműködéstől függ. A bélrendszere és a mája állandó kapcsolatban áll egymással, és a vérkeringésen (portális véna) keresztül összeköttetésben állnak. A tápanyagok és a baktériumok összetevői ezen a nagy éren keresztül jutnak a májba. Az elemzés a bélbaktériumok és a nem alkoholos zsírmáj közötti összefüggésre összpontosít. Kérjük, figyeljen a Firmicutes : Bacteroidetes arányára, az érték az előző fejezetben található meg.

Kockázati tényezők

A bél-máj tengely egyensúlyhiányának kockázati tényezői gyakran az egészségtelen életmód és a gyógyszerek. A bél-máj tengely egyensúlyhiánya gyakran a krónikus betegségek mellékhatásaként jelentkezik.

Szakirodalmi hivatkozások

Kapcsolódó baktériumok	Az Ön eredménye	Védő baktériumok	Az Ön eredménye
– Prevotella 372 373 376 387	Magas	✓ Odoribacter 366 367 385	Normál
✓ Enterococcus 373 382 383	Normál	✓ Coprococcus 103 366 366 387	Normál
✓ Streptococcus 363 373 384 385 386	Normál	✓ Oscillibacter 103 366 377 385 387 389	Magas
✓ Blautia 387 388	Normál	✓ Oscillospira 376 386 392	Normál
✓ Veillonellaceae 365 367 373 375 382 383	Normál	– Ruminococcaceae 103 364 365 369 372 375 382 383 385 387 391	Alacsony
✓ Enterobacteriaceae 373 382 383	Normál	✓ Faecalibacterium 363 374	Normál
✓ Haemophilus 373	Normál		

Bél-bőr tengely



Kiváló!

✓ nagyon jó
– javítható

Csak így tovább!

Leírás

A bőre és a bélrendszer egyúttal sűrű érrendszeri struktúrával rendelkező, idegrostokban gazdag szerv. Összességében a bél-bőr tengely egy összetett kommunikációs hálózattól áll, amely magában foglalja az immunrendszert, a hormonrendszert (endokrin rendszer), a anyagcsere-rendszert és az idegrendszert. A bélbaktériumok egyensúlyhiányát a bőrrel összefüggésbe hozták a pikkelysömörrel és az atópiával.

Kockázati tényezők

Stressz esetén bizonyos bélbaktériumok olyan neurotranszmittereket termelnek, amelyek negatív hatással lehetnek a bőr működésére. Diéta és gyógyszerek a tápanyagfelvétel és a hosszú láncú zsírsavakon keresztül hathatnak a bőrre. Ezáltal egy specifikus fehérje (SREBP-1) valamint a zsírsavak lebontása aktiválódik, ami viszont befolyásolja a bőr állapotát. Vegye figyelembe azt is, hogy a szivárgó bélrendszer elősegítheti a pikkelysömör kialakulását.

Szakirodalmi hivatkozások

Kapcsolódó baktériumok	Az Ön eredménye	Védő baktériumok	Az Ön eredménye
✓ Collinsella 411 412	Normál	✗ Bacteroidaceae 409 411	Alacsony
✓ Bacteroides 401 410 411 415 417	Alacsony	✓ Prevotellaceae 409 411	Magas
✓ Parabacteroides 401 411 417	Normál	✓ Prevotella 409 415	Magas
✓ Lachnospiraceae 401 409 411	Alacsony	✓ Rikenellaceae 411	Normál
✓ Blautia 411 412 413 416 417	Normál	✓ Tannerellaceae 411	Normál
✓ Ruminococcaceae 411 416	Alacsony		

Inzulin egyensúly



Kiváló!

✓ nagyon jó
- javítható

Csak így tovább!

Leírás

Az inzulin nevű hormont a hasnyálmirigy termeli, és a vércukorszintet szabályozza azáltal, hogy a b által felszívott cukrot a sejtekbe szállítja. Attól függően, hogy étkezés után csökken-e és milyen gyorsan a vér glükózsztíve, látjuk, hogy a b sejtek mennyire reagálnak az inzulinra. Ha a szint nem csökken egy bizonyos időn belül, azaz a cukor felhalmozódik a vérerekben akkor ez cukorbetegsége utalhat. Az Ön bélbaktériumai befolyásolják a cukor felszívódását és felhasználását, és így a vércukorszintjét is.

Kockázati tényezők

A mozgáshiány, a túlsúly és a stressz gyakran vezet az inzulin egyensúlyának felborulásához.

Szakirodalmi hivatkozások

Kapcsolódó baktériumok	Az Ön eredménye	Vonatkozó baktériumok	Az Ön eredménye
✓ Collinsella 430 431 435 447	Normál	✓ Erysipelotrichaceae 448 452	Normál
✓ Eggerthella 109 428 447 448	Normál	– Lachnospiraceae 439 442 453	Alacsony
✓ Alistipes 448	Normál	✓ Roseburia 440 441 443 448 451	Normál
✓ Parabacteroides 432 448 450	Normál	✓ Faecalibacterium 432 436 442 443	Normál
✓ Coprococcus 429	Normál		
✓ Ruminococcus 432 443 452 453	Normál		
✓ Veillonella 109 443 451 454	Normál		

Az ízületek egészsége



Fejleszthető!



Támogassa baktériumait néhány apró trükkal. Ezeket megtalálja a személyes fejlesztési javaslatok között.

Leírás

A reumatoid arthritisz egy autoimmun betegség, amely elsősorban az ízületeket érinti. Állandó gyulladáshoz és az ízületek és csontpusztuláshoz vezet, mivel a szervezet immunrendszere saját sejtstruktúrái ellen irányul. A mechanizmus nagyon összetett, a veleszületett és szerzett immunválaszoktól függ. A bélnyálkahártya áteresztőképessége és a mikrobióta egyensúlyhiányok szerepet játszanak, mivel felboríthatják az immunrendszert.

Kockázati tényezők

A reumatoid arthritisz genetikai, környezeti és hormonális tényezők eredménye. Baktériális és vírusos kórokozókat gyakran azonosítottak, mint az ízületi rossz egészségi állapotáért felelős kiváltó okot.

Szakirodalmi hivatkozások

Kapcsolódó baktériumok	Az Ön eredménye	Védő baktériumok	Az Ön eredménye
Collinsella 192 464 474 480	Normál	Bifidobacterium 468 470 482 482 483	Normál
Eggerthella 192 459 476 481	Normál	Bacteroidaceae 462 470	Alacsony
Prevotella 458 461 466 478 479 488	Magas	Bacteroides 458 460 462 463 465	Alacsony
Bacilli 475 477	Normál	Roseburia 463 484	Normál
Lactobacillus 478	Normál	Faecalibacterium prausnitzii 192 460 468 469 477	Normál

Fejlesztésre vonatkozó ajánlások

Az ajánlásokról

Itt felsoroltuk az Ön javítására vonatkozó ajánlásokat. Ezek közül nem mindegyik vonatkozik Önre. Az ételintoleranciákat és a személyes preferenciákat nem vettük figyelembe ezekben az ajánlásokban. Próbálja meg kideríteni, hogy melyek a legjobbak az Ön számára, és melyiket tudja könnyen beilleszteni a mindennapi életébe.

Személyes ajánlások

Naponta fogyasztson bogyókat — Szénhidrát

A bogyók polifenolokat tartalmaznak, melyek támogatják az egészségjavító baktériumok növekedését és csökkentik a nemkívánatos baktériumokat. Egyes hasznos baktériumok képesek lebontani a polifenolokat, a bogyók így módon üzemanyagként szolgálnak számukra. Táplálkozási javaslat: egyen egy marék bogyót minden nap.

Enterotípus 2 — Enterotípus

Ön valószínűleg elsősorban növényi szénhidrátokon alapuló étrendet folytat. A növényi alapú étrend számos előnyt rejt magában a szervezet számára. Például a gyümölcsökben, zöldségekben és teljes kiőrlésű gabonafélékben gazdag, kiegyensúlyozott étrend védelmet nyújt az olyan betegségek ellen, mint az elhízás, a magas vérnyomás és az érelmeszesedés. Enterotípusa sokféle zöldséget, gyümölcsöt kedvel (minél változatosabb, annál jobb). A fehérje minősége döntő fontosságú, ezért figyelnie kell a biológiai értékre, és sokféle fehérjeforrást kell kombinálnia. Jó fehérjeforrások a (hús, hal, tojás, tejtermékek, hüvelyesek, mint a borsó, lencse, bab, csicseriborsó, ...). A napi fehérjeszükséglet 0,8 g fehérje/testsúlykilogramm.

Az enterotípusának megfelelően az összetett szénhidrátok (teljes kiőrlésű kenyér, teljes kiőrlésű készült kenyér, vadrizs, teljes kiőrlésű tészta) előnyösebbek, mint az egyszerű szénhidrátok (fehér kenyér, tészta). Tojás, kukorica babbal, burgonya tojással, hüvelyesek gabonával (borsópörkölt rizzsel), kölesfőzelék, hüvelyesek állati fehérjével és gabonával (borsóleves hússal és kenyérral) nagyszerű példák az összetett szénhidrátokra és nagy biológiai értékűek. Ami a zsírfogyasztást illeti, az olyan étrend, amely több telítetlen zsírsavat tartalmaz (diófélék, lenmagolaj, avokádó), mint telített zsírsavakat, mint amilyenek a késztermékekben, állati eredetű élelmiszerekben és hidrogénezett zsírokban találhatók, jót tenne a szervezetének. Ezen kívül az Ön enterotípusa arra utal, hogy fontos a megfelelő B12-vitamin (kobalamin) vasellátás.

Táplálkozási javaslat:

a komplexebb összetett szénhidrátok: 1 szelet teljes kiőrlésű kenyér vagy zabpehely gabonafélék reggelire.

a telítetlen zsírsavakra vonatkozóan

egy evőkanál lenolaj naponta Több B12 érdekében valamilyen állati eredetű termék fogyasztása vagy B12-t tartalmazó fogkrém használata naponta. Húsok citrommal, mert a C vitamin segíti a vas felszívódását. Vas fogyasztása után legalább 30 percig ne igyon kávét, mert az gátolhatja a vasfelvételt.

A Bacteroidetesek kedvelt tápláléka — *Kalóriabevétel*

A Bacteroidetes ("karcsúsító baktériumok") számára a zöldségek, gyümölcsök, diófélék és hüvelyesek a legkedveltebb táplálékok. Próbáljon meg ezekből többet beiktatni a napi étrendjébe. A Német Táplálkozástudományi Társaság legalább napi 30 gramm rostbevételt ajánl.

Táplálkozási javaslat: a 30 g rost eléréséhez mindössze 3 szelet teljes kiőrlésű tönklybúzakenyérre, 1 almára (150 g), 100 g áfonyára, 2 sárgarépára van szükség,

Csökkentse a kolinszintet — *szakésszfmények, vaj, tojás).* — *Súly*

A kolin csökkentése hozzájárul a fogyáshoz. A kolin részt vesz a hosszú szénláncú zsírsavak oxidatív lebontásában a károsító energia felszabadításában is.

Táplálkozási javaslat: helyettesítse a zsírszfményeket tönklybúza termékekkel. Kenjen avokádót vagy túrót a kenyérre vaj helyett. Kerülje a tojást, ha több 3 tojást fogyaszt.

Kerülje a cukrot — *Bél-máj*

A fehér cukor és a fruktóz közvetlenül részt vesz a máj kialakulásában. Ügyeljen arra, hogy kevesebb cukrot fogyasszon. Mind a fehér cukor, mind a túl sok fruktóz káros lehet. A fruktóz főként a szirupban, sok üdítőitalban, kekszben, édességben és gyümölcsjoghurtban található. Próbálja meg elkerülni a rejtett cukrokat.

Táplálkozási javaslat: csökkentse az olyan élelmiszerek fogyasztását, amelyek összetevői "OSE"-re végződnek, vagy olyan szavakat tartalmaznak, mint SZIRUP, DEXTRIN, CUKOR az összetevők listáján. Különösen kerülje a szirupot, üdítőitalokat, kekszeket, édességeket és gyümölcsjoghurtokat.

Egyen borbolyát! — *Bél-szív*

A borbolya berberint tartalmaz, amely képes csökkenteni a trimetilamin oxid (TMAO) mennyiségét, és így pozitív hatással van a szív egészségére.

Táplálkozási javaslat: hetente egyszer egy marék borbolya

Ez a kombináció a kulcs. — *Az ízületek*

A kurkuma antioxidáns hatása fokozható a D-vitamin és az omega-3 zsírsavak kombinálásával, ami javíthatja az ízületi gyulladást.

Táplálkozási javaslat: hetente háromszor együnk egy rántottát, amit egy csipetnyi kurkumával és őrölt borssal fűszerezünk. Öntsünk rá lenolajat.

Egyen egy maréknyi narancs vagy piros zöldséget mindennap. — *Gyulladás*

A gyulladással szemben segítenek az antioxidánsok, mint A vitamin és béta carotin fogyasztása. Még hasznosabb ezek béta carophillel való kombinálása. Táplálkozási javaslat: A zsírban oldódó vitamin felszívódásához naponta fogyasszon egy maréknyi narancs vagy piros színű zöldséget (sárgarépa, paprika, paradicsom) egy darab sajttal. Fűszerezze a zöldséget bazsalikommal vagy oregánóval. Tökéletes étkezés a paradicsomos, mozzarella/kesusajtos, bazsalikomos és olívaolajos capri-saláta.

Inkább étcsokoládét egyen. — *Cukoranyagcsere*

A flavonoidok másodlagos növényi vegyületek, amelyek az étcsokoládében is megtalálhatók. Anyagcsere-támogató és antioxidáns hatásúak.

Táplálkozási javaslat: ha valami édesre vágy, akkor inkább étcsokoládét egyen (>70%).

A vörös hús, a szójakebab és a brokkoli serkenti az anyagcserét. — *Lipid anyagcsere*

Az olívaolaj, a marhahús, a szardínia, a szójakebab és a brokkoli nagy mennyiségű Q10 koenzimet tartalmaz. A Q10 koenzim fontos az energia-termelésben. Ez egy zsírban oldódó, endogén anyag, amelyet táplálékkal lehet bevinni, és a szervezet maga is előállít. Az ubiquinol – a Q10 koenzim aktív formája közvetlenül biológiailag elérhető, és azonnal felhasználható a szervezetben.

Táplálkozási javaslat: használjon hidegen sajtolt olívaolajat napi 1-2 teáskanálal. Időnként fogyasszon marhahúst/szardíniát. Szóját és brokkolit hetente kétszer.

Egyen több fahéjat és mandulát. — *Vitamin anyagcsere*

Az antioxidánsok, az oxidatív stressz elleni védőanyagként szolgálnak, és támogatják az anyagcserét. Emellett minimalizálják az emésztőrendszeri irritáció kockázatát.

Táplálkozási javaslat: fogyasszon minden nap gabonapelyhet vagy turmixot mandulával, áfonyával és fahéjjal. Mivel az antioxidánsok támogatják egymást hatásukban és felhasználás után újra felhasználhatók, a különböző antioxidánsok kombinációja ésszerű választás. Mellékhatás: A mandula sok E-vitamint és rostot tartalmaz. A fahéj segít a zsírégetésben.

Általános ajánlások

Mikrobiális egészség

Az alábbi ajánlások segítenek abban, hogy általánosságban javítsa a mikrobiális egészségét:

Probiotikus élelmiszerek támogatása.

A probiotikus élelmiszerek különböző baktériumtörzseket tartalmaznak, amelyek támogatják a bélrendszer regenerálódását. Példák a probiotikus élelmiszerekre a savanyú káposzta (natúr), a kombucha és a (szója)joghurt.

A probiotikus élelmiszerek segítenek.

A probiotikus élelmiszerek segítik a baktériumokat, mivel olyan bres-eket és tápanyagokat tartalmaznak, amelyek alapvető szerepet játszanak a bélgyálkahártya regenerációjában és a bélbaktériumok táplálásában. Prebiotikusnak tekinthető élelmiszerek a spárga, articsóka, banán, cikória, padlizsán, méz, póréhagyma, hagyma és csicsóka. Próbálja meg beilleszteni őket a napi táplálékbevitelbe (természetesen csak azokat, amelyeket jól tolerál).

Fogyasszon több erjesztett élelmiszert.

A fermentált élelmiszerekben található baktériumok támogatják a bélrendszerének fajgazdagságát és változatosságát: friss savanyú káposzta, miso, tempeh, erjesztett tofu, ecet (cukormentes, natúr), savanyúság (natúr) és kimchi.

Fogyasszon naponta legalább 5 adag gyümölcsöt/zöldséget!

Azzal, hogy rengeteg zöldséget és gyümölcsöt fogyaszt, a mikrobiom változatosabbá válik. Minél színesebb, annál jobb.

Javaslat több zöldség/gyümölcs fogyasztására: reggelire 1 almát/banánt adjon a napi menüjéhez. Egy marék bogyós gyümölcsöt uzsonnára. Ebédre hús, hal, tofu tésztával és sült zöldségekkel (pl. brokkoli, répa, karfiol) köretként saláták. Este hideg étel, kenyérré kenhető finomságok, zöldségekkel (paradicsom, hagyma, uborka).

Hasi fájdalom

Hasi fájdalmak esetén a következő ajánlások nyújthatnak enyhülést:

A mentol (borsmenta) segít a görcsökn.

A mentol segít a bélben lévő izomgörcsökn és csökkentheti a fájdalmat. A mentol serkenti a kalcium beáramlását a simaizomsejtekbe, ezáltal ellazítja azokat. Ezenkívül a mentol aktivál egy "fájdalomellenes csatornát" a vastagbél falában. Ez tompíthatja a fájdalomérzetet. A mentol természetes módon a borsmentában fordul elő. Próbáljon ki tehát egy kis friss mentateát. De vigyázzon az adagolással, ha hajlamos

a refluxra!

A timol és a karvakrol (kakukkfű) támogató hatású.

A timol és a karvakrol olyan illóolajok, amelyek főként a kakukkfűben találhatók. A kakukkfűnek magas a lamiaceaeus tannin- és avonoidtartalma is. A kakukkfű nyugtató hatással van az emésztőrendszerre, és emellett támogatja a belek tisztulását.

Az alliin (fokhagyma) enyhíti a hasi fájdalmakat.

A fokhagyma, az alliin fő hatóanyagú prebiotikum, illóolajokat és avonoidokat, valamint vitaminokat és ásványi anyagokat tartalmaz. Ez a természetes növény nemcsak immunrendszerünknek kedvez, hanem a bélben lévő baktériumok felszaporodását is biztosítja. A fokhagymának bizonyítottan antibiotikus, vírusellenes és gyulladáscsökkentő hatása van. Még a hasi fájdalom is csökkenthető. De vigyázat! A fokhagyma fenpropionon és warfarin is tartalmaz.

Puffadás és felfúvódás

Ha rendszeresen szenved puffadástól, próbálja ki ezeket az ajánlásokat:

A keserű vegyületek és az illóolajok (gyömbér) támogató hatásúak

A keserű vegyületeket és az illóolajokat például a gyömbér tartalmazza. Ezek aktiválják a bélperisztaltikát, és így enyhíthetik a puffadást. Ezenkívül a gyömbér támogatja az anyagcserét. Próbálja meg gyömbérteát vagy friss gyömbért adni az étkezéseihez.

Kerülje a szénsavas italokat.

Próbálja csökkenteni az üdítőitalok és a szénsavas italok mennyiségét. Ezek elősegítik a puffadást és a puffadt hasat.

A köménymag (kömény, édeskömény) jól tesz Önnek.

A köménymag támogatja az emésztőnedvek, például a nyál, a gyomornedv, az epe és a hasnyálmirigy emésztőenzimeinek képződését, ami pozitív hatással van az emésztési folyamataira, így javítja azokat. A köményaldehid ezáltal enyhíti a puffadást és megtalálható pl. a köményben, a köménymagban (kömény) vagy az édesköményben. A diétás nyersanyagok, például a hüvelyesek, a kömény hozzáadásával emészthetőbbé válnak.

Redukálja az édesítőszereket

Egyes emberek az édesítőszerekre puffadással reagálnak. Próbálja meg csökkenteni az édesítőszereket, hogy enyhítse a tüneteket. Továbbá az édesítőszerek feltehetően gátolják a különféle baktériumtípusok kommunikációs jeleit és így hátrányosak a baktériumok növekedését illetően.

Székrekedés

A következő tippek segítenek abban, hogy a székrekedést kordában tartsa:

Próbálja ki a gyomormasszázszt.

Maszírozza a gyomrát legalább 5 percig. Feküdjön a hátára, és enyhén doboljon az ujjbegyeivel a hasán. Ez az ingerület áttevéődik a hasi szervekre, és serkenti a bélműködést.

Az oleuropein (olívbogyólevél-kivonat) jót tesz Önnek.

Az oleuropein egy olyan bioaktív anyag, amely pl. az olívbogyólevél-kivonatokban található. Segít megnyugtatni a gyomrot és a beleket, erősíti a rendszeres bélmozgást és a méreganyagok kiürülését.

A homoktövis csodaszer.

A homoktövis igazi csodaszer. Nagyon sok mennyiségben tartalmaz B1- és B6-vitamint, amelyek szükségesek a működő idegrendszerhez. A vitaminok hiánya emésztési problémákat okozhat. A homoktövisnek erős hashajtó hatása van, mivel serkenti a bélmozgást. Emellett még erősíti a nyálkahártyát és nyugtatja azt. Próbáljon ki egy finom homoktövis teát vagy gyümölcslevet!

Fogyasszon psylliumhéjat.

A psylliumhéj nyálkát (oldható ételmi rostot) tartalmaz, mely a bélben megduzzad, serkenti az emésztést és megkönnyíti a bélürítést.

Táplálkozási javaslat: oldjon fel 1 db evőkanál psylliumhéjat egy pohár vízben, és utána igyon meg egy pohár vizet.

Az aszalt szilva stimulálja az emésztést. Hashajtót tartalmaz, amely erősíti a székrekedést. Javaslat: egyen meg három aszalt szilvát, majd igyon rá egy pohár vizet.

Hasmenés

A hasmenés jelentősen befolyásolhatja a mindennapi életet, az alábbi ajánlások segítenek

Próbálja ki a vízmegkötő nyálkát (psylliumhéj, rizs, zab)

A vízmegkötő nyálka segít megszilárdítani a székletet. Ezek megtalálhatók pl. a főtt rizsben, a kétszersültben, a zabpehelyben vagy a psylliumhéjban. Kerülje a puffasztó ételekkel való kombinációt, mint például a bab vagy a káposzta.

Táplálkozási javaslat: reggelizzen zabkását és keverjen bele szárított áfonyát. Adjon egy evőkanál psylliumhéjat az ételhez.

Együnk több keményítőtartalmú ételt (banánt, reszelt almát).

A keményítőtartalmú ételek elősegítik a szilárdabb széklettermelést, és csökkenthetik a WC-látogatások számát. Keresse azokat a keményítőtartalmú ételeket, amelyek nem tartalmaznak olyan anyagokat, amelyek tovább irritálhatják a gyomrát vagy a beleit. A keményítőtartalmú ételek közé tartozik a banán és a reszelt alma. A legjobb, ha megvárja, amíg az alma megbarnul, mielőtt megeszi.

A tanninok (az orbáncfű, szárított áfonya) segítenek.

A tanninok a fehérjékhez kötődve a nyálkahártyák összehúzóását okozzák. Ennek következtében a hasmenés kórokozói nem tudnak olyan könnyen bejutni a bélbe, és kevesebb elektrolit veszik el. Szárított áfonya (és levelek), szárított orbáncfű (és levelei), az orbáncfű és az ezüsthégy sok csersavat tartalmaz. Mindezekből csodálatos teákat lehet főzni. Az ezekhez szüksége tea levelek a legtöbb gyógyszertárban elérhetők. Fontos tudni azonban, hogy a levelek szárított fajtáját fogyasszuk, mert a frissek ellenkező (hashajtó) hatást váltanak ki.

MINTA

Baktériumok listája

Ez a baktériumlista felsorolja az ebben a mintában talált összes baktériumnemzetséget. A gyakoriság, a baktérium a mintában előforduló százalékos arányát mutatja.

Törzs	Nemzetség	Gyakoriság (%)	Hivatkozás (%)
Actinobacteriota	Bifidobacterium	0,26	0,04 - 0,76
Actinobacteriota	Clostridia	0,08	0,00 - 0,26
Bacteroidota	Bacteroides	9,96 ↓	12,44 - 31,36
Bacteroidota	Parabacteroides	0,39	0,16 - 2,08
Bacteroidota	Butyrivibrio	0,10	0,00 - 0,24
Bacteroidota	Oribacterium	0,21	0,12 - 0,44
Bacteroidota	Paraprevotella	0,38 ↑	0,00 - 0,28
Bacteroidota	Prevotella	46,02 ↑	0,00 - 10,44
Bacteroidota	Alisipia	3,78	1,56 - 5,46
Bacteroidota	Parabacteroides	2,45	1,02 - 3,48
Desulfobacterota	Bilophila	0,33	0,02 - 0,36
Firmicutes	Asteroleplasma	0,01 ↑	0,00 - 0,00
Firmicutes	Erysipelatoclostridium	0,01	0,00 - 0,06
Firmicutes	Erysipelotrichaceae UCC 1003	0,16	0,02 - 0,36
Firmicutes	Dielma	0,02 ↑	0,00 - 0,00
Firmicutes	Holdemanella	0,01	0,00 - 0,06
Firmicutes	Holdemania	0,05	0,00 - 0,06
Firmicutes	Turicibacter	0,01	0,00 - 0,06
Firmicutes	Streptococcus	0,02	0,02 - 0,24
Firmicutes	Christensenellaceae R-7 group	0,18	0,04 - 1,60
Firmicutes	Clostridium sensu stricto 1	0,39 ↑	0,00 - 0,06
Firmicutes	Agathobacter	0,17 ↑	0,00 - 0,00
Firmicutes	Anaerostipes	0,12	0,02 - 0,30
Firmicutes	Blautia	0,04	0,00 - 0,12
Firmicutes	Coproccoccus	0,28	0,06 - 1,70
Firmicutes	Eisenbergiella	0,02 ↑	0,00 - 0,00
Firmicutes	GCA-900066575	0,02	0,00 - 0,08
Firmicutes	GCA-900066755	0,02 ↑	0,00 - 0,00
Firmicutes	Lachnoclostridium	1,81 ↑	0,14 - 0,70

Törzs	Nemzetség	Gyakoriság (%)	Hivatkozás (%)
Firmicutes	Lachnospira	1,21	0,00 - 1,90
Firmicutes	Lachnospiraceae FCS020 group	0,92 ↑	0,02 - 0,30
Firmicutes	Lachnospiraceae NC2004 group	0,46 ↑	0,00 - 0,36
Firmicutes	Lachnospiraceae ND3007 group	0,22	0,20 - 2,32
Firmicutes	Lachnospiraceae UCG-004	0,14	0,00 - 0,30
Firmicutes	Lachnospiraceae UCG-010	0,10	0,02 - 0,24
Firmicutes	Blautia	0,01	0,00 - 0,04
Firmicutes	Blautia	0,03	0,00 - 0,06
Firmicutes	[Eubacterium] eligens group	0,08 ↓	0,18 - 2,54
Firmicutes	[Eubacterium] siriosum group	0,01	0,00 - 0,14
Firmicutes	Blautia	0,10	0,10 - 0,48
Firmicutes	Colidobacter	0,06	0,02 - 0,18
Firmicutes	Flavobacterium	0,05	0,00 - 0,06
Firmicutes	Intestinimonas	0,03	0,00 - 0,06
Firmicutes	HK4A214 group	0,19	0,00 - 0,86
Firmicutes	Oscillibacter	0,22 ↑	0,00 - 0,08
Firmicutes	Oscillospira	0,03	0,00 - 0,10
Firmicutes	UCG-002	0,08	0,02 - 0,56
Firmicutes	UCG-003	0,12	0,00 - 0,12
Firmicutes	UCG-005	0,08	0,00 - 0,34
Firmicutes	Anaerofilum	0,02 ↓	0,00 - 0,00
Firmicutes	Faecalibacterium	4,6	4,44 - 12,86
Firmicutes	Negativibacillus	0,02	0,00 - 0,08
Firmicutes	Paludicola	0,02 ↑	0,00 - 0,00
Firmicutes	Ruminococcus	0,17	0,12 - 1,60
Firmicutes	Subdoligranulum	0,27	0,20 - 2,20
Firmicutes	[Eubacterium] siraeum group	0,05	0,00 - 1,40
Firmicutes	Family XIII AD3011 group	0,02	0,00 - 0,06
Firmicutes	Family XIII UCG-001	0,03	0,00 - 0,04
Firmicutes	Romboutsia	1,90 ↑	0,00 - 0,00
Firmicutes	Terrisporobacter	0,19 ↑	0,00 - 0,00

Törzs	Nemzetség	Gyakoriság (%)	Hivatkozás (%)
Firmicutes	Acidaminococcus	1,79 ↑	0,00 - 0,00
Firmicutes	Phascolarctobacterium	5,48 ↑	0,00 - 1,84
Firmicutes	Megasphaera	0,70 ↑	0,00 - 0,00
Firmicutes	Veillonella	0,07	0,00 - 0,10
Patescibacteria	TM7x	0,01	0,00 - 0,02
Proteobacteria	Parasutterella	0,22	0,00 - 0,96
Proteobacteria	Sutterella	1,09	0,02 - 2,96
Proteobacteria	Escherichia-Shigella	0,03 ↑	0,00 - 0,00
Proteobacteria	Campylobacter	0,07	0,00 - 0,14
Verrucomicrobiota	Victivallis	0,55 ↑	0,00 - 0,20
Verrucomicrobiota	Chlorantheromonas	0,03	0,00 - 2,32

A tesztről

Az Endobiomról

A bél mikrobiom 95%-ban bélbaktériumokból áll. Ezek a baktériumok döntő szerepet játszanak abban, hogy hogyan érezzük magunkat, és abban is, hogy mennyire vagyunk egészségesek. Születésünktől kezdve edzik az immunrendszert, és alapvetően befolyásolják számos súlyos betegség kialakulását, mint például az irritábilis bél szindróma, a szivárgó bél szindróma, a cukorbetegség, az elhízás, a Parkinson-kór, sőt a vastagbélrák.

Az Endobiom bél mikrobiom elemzés az Endomedix életmód terméke, amely a legmodernebb technológiákat, intelligens algoritmusokat és a legújabb tudományos publikációkat használja az Endobiom mikrobiom jelentés elkészítéséhez. Az Endobiom elemzés világszerte az egyetlen az ISO 13485 és az ISO 9001 szerint kétszeresen tanúsított termék a mikrobiom területén. Ez döntő fontosságú, és az elemzés minőségét jelzi. A termék biztonságának biztosítása érdekében az Endomedix olyan minőségirányítási rendszerrel rendelkezik, amely megfelel a vonatkozó követelményeknek, és optimalizálja a folyamatokat, hogy a kockázatok és hibák elkerülhetők vagy a lehető legkisebbre csökkenthetők legyenek. Az ISO 13485 szabályozza az orvostechnikai eszközök gyártói minőségirányítási rendszerére vonatkozó követelményeket, így biztosítva az orvostechnikai eszközök fejlesztésének, gyártásának és forgalmazásának magas színvonalát. Az ISO 9001 garancia a termék folyamatos fejlesztését, valamint annak oltalmazását.

Az Endobiom analízis innovációja az új-generációs DNS elrendezés (NGS) és a mikrobiom, ill. emberi szervezet kölcsönhatásáról szóló, növekvő tudásbázis egyedi innovációja.

Módszerek és korlátozások

Az Endobiom mikrobiom-elemzéshez a baktérium-DNS-t kivonják a székletmintából, polimeráz láncreakcióval (PCR) felerősítik a minden baktériumban jelen lévő 16S rRNA gént (16S), majd következő generációs DNS-szekvenálással (NGS) elemzik. Az NGS az egyes DNS-bázispárok pontos meghatározására szolgáló módszer. az Endomedix elemzi a bélbaktériumok egyedi DNS-bázispárjait, ami lehetővé teszi a tenyészthető és a nem tenyészthető baktériumok azonosítását. A szekvenciaadatokat egy saját fejlesztésű filogenetikai elemző algoritmus segítségével dolgozzák fel. Ez az elemzés a bélbaktériumok mikrobiomjának azonosításához vezet.

Az analitikai teszt kifejlesztése, a bioinformatikai elemzés és az adatok besorolás utáni értelmezése az Endomedix feladata. Így módon a cég biztosítja az eljárási lépések hitelesítését, amely alapvetően szükséges a mikrobiom vizsgálatok elvégzéséhez és a későbbi tesztekkel való összehasonlításához.

Hivatkozások

- [1] Portincasa P, et al. Curcumin and Fennel Essential Oil Improve Symptoms and Quality of Life in Patients with Irritable Bowel Syndrome. *J Gastrointest Liver Dis*;25(2):151-7. (2016).
- [2] Markus V, et al. Anti-Quorum Sensing Activity of Stevia Extract, Stevioside, Rebudioside A and Their Aglycon Steviol. *Molecules*. 25(22):5480. (2020).
- [3] Lever E, et al. Systematic review: the effect of prunes on gastrointestinal function. *Aliment Pharmacol Ther*. (2014).
- [4] Jalanka J, et al. The Effect of Psyllium Husk on Intestinal Microbiota in Constipated Patients and Healthy Controls. *International Journal of Molecular Sciences*. (2019).
- [5] Maier TV, et al. Impact of Dietary Resistant Starch on the Human Gut Microbiome, Metaproteome, and Metabolome. *American Soc. Microbiology mBio* 8:e01343-17. (2017).
- [6] Pallister T, et al. Food: a new form of personalised (gut microbiome) medicine for chronic diseases? *J R Soc Med*. 109(9):331-6. (2016).
- [7] Tillisch K, et al. Consumption of Fermented Milk Product With Probiotic Modulates Brain Activity. *Gastroenterology*. 144(7):10.1053/j.gastro.2013.02.043. (2013).
- [8] Schmidt K, et al. Prebiotic intake reduces the waking cortisol response and alters emotional bias in healthy volunteers. *Psychopharmacology* 232(10): 1793–1801. (2015).
- [9] Clarke SF, et al. Exercise and associated dietary extremes impact on gut microbial diversity. *Gut* 63, 1913. (2014).
- [10] Allen JM, et al. Exercise alters gut microbiota composition and function in lean and obese humans. *Med Sci Sports Exerc*. 50(4):747– 57. (2018).
- [11] Mitchell CM, et al. Does Exercise Alter Gut Microbial Composition? A Systematic Review. *Med Sci Sports Exerc*. 51(1):160–167. (2019).
- [12] Othaim A, et al. Amounts and Botanical Diversity of Dietary Fruits and Vegetables Affect Distinctly the Human Gut Microbiome, *Current Developments in Nutrition*, Volume 4, Issue Supplement_2 Page 1545. (2020).
- [13] Cappello G, et al. Peppermint oil (Mentha piperita) for the treatment of irritable bowel syndrome: a prospective double blind placebo-controlled randomized trial. *Dig Liver Dis*. 39(6):530-6. (2007).
- [14] Khanna R, et al. Peppermint oil for the treatment of irritable bowel syndrome: a systematic review and meta-analysis. *J Clin Gastroenterol*. 48(6):505-12. (2014).
- [15] Beißner F, et al. Therapeutic applications of ginger, *Akupunkt* 61: 2. (2018).
- [16] Schmid CM, et al. Characterization of phenolic (aroma-active and physiologically active) compounds in thyme, oregano and marjoram, *Techn Univ München*. (2018).
- [17] Martín-Peláez S, et al. Effect of virgin olive oil and thyme phenolic compounds on blood lipid profile: implications of human gut microbiota. *Eur J Nutr* 56: 119. (2017).
- [18] Europäisches Arzneibuch (<http://www.edqm.eu>)
- [19] Ried K, et al. Peppermint oil of garlic (*Allium sativum*) in lowering blood pressure: mechanisms of action and clinical relevance. *Integr Blood Press Control*. 7:71-82. (2014).
- [20] Sahebkar A, et al. Effect of garlic on plasma lipoprotein concentrations: A systematic review and meta-analysis of randomized controlled clinical trials. *Nutrition*. 32(1):33–40. (2016).
- [21] Capili B, et al. Addressing the needs of Irritable Bowel Syndrome Symptom Management. *J Nurse Pract*. 12(5):324–329. (2016).
- [22] Rowland I, et al. Gut microbiota changes: metabolism, nutrients and other food components. *Eur J Nutr* 57: 1. (2018).
- [23] Tianhong W, et al. A randomized, double-blind, placebo-controlled trial of the efficacy of ginger in the prevention of abdominal distention in post cesarean section patients. *Sci Rep*. 8(1):6835. (2018).
- [24] Singh RP, et al. Cuminum cyminum – A Popular Spice: An Updated Review. *Pharmacogn J*. 9(3):292–301. (2017).
- [25] Gentile L, et al. Oleuropein: Molecular Dynamics and Computational Studies. *Food Chem* 4(39):4315–4327. (2017).
- [26] Gavahian M, et al. Health benefits of olive oil and its components: impacts on gut microbiota, antioxidant activities, and prevention of noncommunicable diseases *Trends in Food Sci. & Tech*. 88:220–227. (2019).
- [27] Pacheco C, et al. Retention and pre-colon bioaccessibility of oleuropein in storage food matrices, and the effect of microencapsulation by using inulin. *J. Funct. Foods* 41:112–117. (2018).
- [28] López de las Hazas MC, et al. Differential absorption and metabolism of polyphenols and its precursors oleuropein and secoiridoids. *J Funct Foods* 22: 52–63. (2016).
- [29] Zielińska A, et al. Abundance of active ingredients in sea-buckthorn. *Lipids Healthc*. 16: 95. (2017).
- [30] Olas B, et al. The beneficial health aspects of sea buckthorn (*Elaeagnus rhamnoides* (L.) Nelson) oil. *J. Interpharmacol.*;213:183–190. (2018).
- [31] Yang B, et al. Clinical evidence on potential health benefits of honey. *Curr Op Food Science* 2:36–42. (2015).
- [32] Dreher ML, et al. Starch digestibility of foods: a nutritional perspective. *Crit Rev Food Sci Nutr*. 20(1):171. (1984).
- [33] Lin AH, et al. Structure and Digestion of Common Complementary Food Starches. *Mediatr Gastroenterol Nutr*. 66 S1: S335–S38. (2018).
- [34] Stargrove M, et al. Herb, Nutrient and Drug Interactions: Clinical Implications and Therapeutic Strategies, 1. Avage. St. Louis, Missouri: Elsevier Health Sciences. (2008).
- [35] Markus V, et al. Inhibitory Effects of Artificial Sweeteners on Bacterial Quorum Sensing. *J. Biomol. Sci*. (2021).
- [36] Donaldson GP, et al. Gut biogeography of the bacterial microbiota. *Nat Rev Microbiol*. 13:100–32 (2015).
- [37] Li J, et al. An integrated catalog of reference genes in the human gut microbiome. *Biotechnol* 32, 834–841 (2014).
- [38] De Angelis M, et al. Diet influences the functions of the human intestinal microbiota. *Sci Rep* 10, 4247 (2020).
- [39] Chatelier E, et al. Richness of human gut microbiome correlates with metabolic markers. *Nature* 500, 541 (2013).
- [40] Cotillard A, et al. Dietary intervention impact on gut microbial gene richness. *Nature* 500, 585 (2013).
- [41] Human Microbiome Project Consortium, A framework for human microbiome research, *Nature* 486(7401):25–221. (2012)
- [42] Lozupone CA, et al. Diversity, stability and resilience of the human gut microbiota. *Nature* 489, 220–222. (2012).
- [43] Yatsunenko T, et al. Human gut microbiome viewed across age and geography. *Nature* 486, 222–227. (2012).
- [44] Human Microbiome Project Consortium, Structure, function and diversity of the healthy human microbiome, *Nature* 486:207–214. (2012).
- [45] Martinez-Guryn M, et al. Regional diversity of the gastrointestinal microbiome, *Cell Host & Microbe* 26:314–324 (2019).
- [46] Masco L, et al. Polyphasic taxonomic analysis of *Bifidobacterium animalis* and *Bifidobacterium lactis* reveals relationships between subspecies level and reclassification of *Bifidobacterium animalis* as *Bifidobacterium animalis* subsp. *animalis* subsp. nov. and *Bifidobacterium lactis* as *Bifidobacterium lactis* subsp. nov. *J Syst Evol Microbiol*. 54(4):1137–43 (2004).
- [47] O'Callaghan A, et al. Bifidobacteria and Their Role as Members of the Human Gut Microbiota. *Front Microbiol*. 7: 925 (2016).
- [48] Rivière A, et al. Bifidobacteria and Butyrate-Producing Colon Bacteria: Importance and Strategies for Their Stimulation in the Human Gut. *Front Microbiol*. 7: 979 (2016).
- [49] Naumova N, et al. Human Gut Microbiome Response to Short-Term Bifidobacterium-Based Probiotic Treatment. *Indian J Microbiol* 60(4):447–457 (2020).
- [50] Malinen E, et al. Association of symptoms with gastrointestinal microbiota in irritable bowel syndrome. *World J Gastroenterol* 16, 4537–4540 (2010).
- [51] Markowiak-Kopeć, et al. The Effect of Probiotics on the Production of Short-Chain Fatty Acids by Human Intestinal Microbiome. *Nutrients* 12:1107 (2020).
- [52] Mayengbam S, et al. Impact of dietary fiber supplementation on modulating microbiota-host-metabolic axes in obesity. *J Nutrition Biochem* (2018).
- [53] Heeney DD, et al. Intestinal Lactobacillus in health and disease, a driver or just along for the ride? *Curr Opin Biotechnol*. 49:140–147 (2018).
- [54] Marco ML, et al. Health benefits of fermented foods: microbiota and beyond. *Curr Opin Biotechnol*. 44:94–102. (2017).
- [55] Holzapfel WH, et al. Taxonomy and important features of probiotic microorganisms in food and nutrition, *American J Clinical Nutrition*,73(2):365S–373 (2001).
- [56] Tingirikari JMR, Microbiota-accessible pectic poly- and oligosaccharides in gut health. *Food Funct*. 9(10):5059–5073 (2018).
- [57] Ndeh D, et al. Complex pectin metabolism by gut bacteria reveals novel catalytic functions. *Nature* 544(7648):65–70 (2017).
- [58] Tomas-Barberan FA, et al. Advances in Health-Promoting Food Ingredients. *J. Agric. Food Chem.*, 67, 33, 9121–9123 (2019).
- [59] Duda-Chodak A, et al. Interaction of dietary compounds, especially polyphenols, with the intestinal microbiota: a review, *Eur J Nutr*, 54(3):325–41 (2015).
- [60] Pasolli E, et al., Extensive Unexplored Human Microbiome Diversity Revealed by Over 150,000 Genomes from Metagenomes Spanning Age, Geography, and Lifestyle, *Cell*, 176(3):649–664 (2019).
- [61] King CH, et al. Baseline human gut microbiota profile in healthy people and standard reporting template. *PLoS ONE* 14(9): e0206484. (2019).
- [62] Ranjan R, et al. Multiomic Strategies Reveal Diversity and Important Functional Aspects of Human Gut Microbiome. *Biomed Res Int.*;6074918. (2018).
- [63] Massot-Cladera, et al. Gut Health-Promoting Benefits of a Dietary Supplement of Vitamins with Inulin and Acacia Fibers in Rats. *Nutrients*.12(8):2196.(2020).
- [64] Cronin P, et al. Dietary Fibre Modulates the Gut Microbiota. *Nutrients*.13, 1655.(2021).
- [65] Yang, et al. The effects of psyllium husk on gut microbiota composition and function in chronically constipated women of reproductive age using 16S rRNA gene sequencing analysis. *Aging (Albany NY)*.;13(11):15366–15383.(2021).
- [66] Fu, et al. Associations among Dietary Omega-3 Polyunsaturated Fatty Acids, the Gut Microbiota, and Intestinal Immunity. *Mediators of Inflammation* (2021).
- [67] Wawrzyniak P, et al. Nutritional Lipids and Mucosal Inflammation. *Mol. Nutr. Food Res*, 65, 1901269.(2021).
- [68] Tu, et al. Characterization of the Functional Changes in Mouse Gut Microbiome Associated with Increased Akkermansia muciniphila Population Modulated by Dietary Black Raspberries. *American Chemical Society* (2018).
- [69] Jin, et al. Effects of green tea consumption on human fecal microbiota with special reference to Bifidobacterium species. *Microbiology and Immunology*, 56: 729–739 (2012).
- [70] Arumugam M, et al. Enterotypes of the human gut microbiome. *Nature* 473, 174 (2011).
- [71] Wu GD, et al. Linking Long-Term Dietary Patterns with Gut Microbial Enterotypes. *Science* 334, 105–108 (2011).
- [72] Costea PI, et al. Enterotypes in the landscape of gut microbial community composition. *Nat Microbiol* 3, 8–16 (2018).

- [73] Ley RE, et al. Gut microbiota in 2015: Prevotella in the gut: choose carefully. *Nat Rev Gastroenterology Hepatology* 13, 69–70 (2016).
- [74] Ley RE, et al. Microbial ecology: Human gut microbes associated with obesity. *Nature* 444, 1022 (2006).
- [75] Schwiertz A, et al. Microbiota and SCFA in Lean and Overweight Healthy Subjects. *Obesity* 18, 190–195 (2010).
- [76] Uhlirer CM, et al. Diet, physical activity and screen time but not body mass index are associated with the gut microbiome of a diverse cohort of college students living in university housing: a cross-sectional study. *BMC Microbiol.*;18(1):210 (2018).
- [77] Langille MG, et al. Predictive functional proling of microbial communities using 16S rRNA marker gene sequences. *Nature Biotechnology* 31:814–821 (2013).
- [78] Gao J, et al. Predictive functional proling using marker gene sequences and community diversity analyses of microbes in full-scale anaerobic sludge digesters. *Bioprocess Biosyst Eng.* 39(7):1115–27 (2016).
- [79] Chen L, et al. Assessment of Bacterial Communities and Predictive Functional Proling in Soils Subjected to Short-Term Fumigation– Incubation. *Microb Ecol.* 72(1):240–251 (2016).
- [80] Hjorth MR, et al. Pre-treatment microbial Prevotella-to-Bacteroides ratio, determines body fat loss success during a 6-month randomized controlled diet intervention. *Int J Obes (Lond).* 42(3):580–583 (2018).
- [81] Vital M, et al. Metagenomic Insights into the Degradation of Resistant Starch by Human Gut Microbiota. *Appl Environ Microbiol.* 84(23) (2018).
- [82] Alfa MJ, et al. A randomized trial to determine the impact of a digestion resistant starch composition on the gut microbiome in older and mid-age adults. *Clinical Nutrition* 37, 797e807 (2018).
- [83] Braune A, et al. Bacterial species involved in the conversion of dietary flavonoids in the human gut, *Gut Microbes.* 7(3):216–34 (2016).
- [84] Aherne SA, et al. Dietary avonols: chemistry, food content, and metabolism, *Nutrition*;18(1):75–81 (2002).
- [85] Xu Y, et al. Coenzyme Q10 Improves Lipid Metabolism and Ameliorates Obesity by Regulating CaMKII-Mediated PDE4 Inhibition, *Sci Rep.*;7(1):8253 (2017).
- [86] Samiento A, et al. Coenzyme Q10 Supplementation and Exercise in Healthy Humans: A Systematic Review, *Curr Drug Metab.*;17(4):345–58 (2016).
- [87] Merro G, et al. Influence of Mediterranean Diet on Human Gut Microbiota. *Nutrients.* (2020).
- [88] Machate DJ, et al. Fatty Acid Diets Alter Composition of Gut Microbiota Composition and Obesity and Its Related Metabolic Dysbiosis. *International Journal of Molecular Sciences.* 21(11):4093 (2020).
- [89] Boschmann M, et al. Water Drinking Induces Thermogenesis through Osmosensitive Mechanisms, *The Journal of Clinical Endocrinology & Metabolism*, Volume 92, Issue 8, Pages 3334–3337 (2007).
- [90] Vij VA, et al. Effect of 'water-induced thermogenesis' on body weight, body mass index and body composition of overweight subjects. *J Clin Diagn Res.*;7(9):1894–6. (2013).
- [91] Dinh, et al. The effects between tea on lipid metabolism and its potential applications for obesity and related metabolic disorders – An existing update. *Diabetes & Metabolic Syndrome: Clinical Research & Reviews* 13. (2019).
- [92] Moon, et al. Clinical Evidence and Mechanisms of High-Protein Diet-Induced Weight Loss. *JOMES*;29:166–173. (2020).
- [93] Dietger M, et al. Energieverbrauch – Grundsatz im Erwachsenenalter von 1 bis Hundert: Ernährung und Bewegung – Aktuelles medizinisches Wissen zur Gesundheit. Springer Berlin Heidelberg. (2018).
- [94] Elmadfa. Ernährungslehre. (2019).
- [95] Lassen P, et al. Protein supplementation during an energy restricted diet induces visceral fat loss and gut microbiota amino acid metabolism activation: a randomized trial. *Sci Rep* 11, 15620 (2021).
- [96] Hjorth MF, et al. Pretreatment Prevotella-to-Bacteroides ratio and markers of glucose metabolism as prognostic markers for dietary weight loss maintenance. *Eur J Clin Nutr* 74, 338–347 (2020).
- [97] Covasa M, et al. Intestinal Sensing by Gut Microbiota: Targeting G-proteins. *Front. Endocrinol.* (2019).
- [98] Fachgesellschaft für Ernährungstherapie und Prävention (FET) e.V. 12.08.2021.
- [99] Forslund K, et al. Disentangling type 2 diabetes and metformin treatment signatures within the human gut microbiota. *Nature* 528, 262 (2015).
- [100] Everard A, et al. Cross-talk between Akkermansia muciniphila and intestinal eosinophils controls diet-induced obesity. *Proc National Acad Sci* 110, 9066–9071 (2013).
- [101] Dao M, et al. Akkermansia muciniphila and improved metabolic health during dietary intervention in obesity: relationship with gut microbiome richness and ecology. *Gut* 65, 426 (2016).
- [102] Schneeberger M, et al. Akkermansia muciniphila inversely correlates with the onset of inflammation, altered adipose tissue metabolism and metabolic disorders during obesity in mice. *Sci Rep-uk* 5, sep16643 (2015).
- [103] Raman M, et al. Fecal Microbiome and Volatile Organic Compound Metabolome in Obese Humans Using Alcohol Fatty Liver Disease. *Clin Gastroenterol H* 11, 868–875.e3 (2013).
- [104] Del Chierico F, et al. Gut Microbiota Markers in Obese Adolescent and Adult Patients: Age-Dependent Differential Patterns. *Front Microbiol.* 9:1210 (2018).
- [105] Haro C, et al. Intestinal Microbiota Is Influenced by Gender and Body Mass Index. *Front Microbiol.* 11:14090 (2016).
- [106] Zheronakova A, et al. Population-based metagenomics analysis reveals markers for gut microbiome composition and obesity. *Science* 352, 565–569 (2016).
- [107] Haro C, et al. The gut microbial community in metabolic syndrome patients is marked by reduced diversity. *Nutr Biochem.* 27:27–31 (2013).
- [108] Verdum FJ, et al. Human intestinal microbiota composition is associated with local and systemic inflammation in obese subjects. *PLoS One* 10, E607–E615 (2013).
- [109] Murri M, et al. Gut microbiota in children with type 1 diabetes differs from that in healthy children: a case-control study. *Bmc Microbiol.* 13, 46 (2013).
- [110] Xu J, et al. Evolution of symbiotic bacteria in the distal human intestine. *PLoS Biol.* 7(7):e156 (2007).
- [111] Medina-Vera I, et al. A dietary intervention with functional foods reduces metabolic endotoxaemia and attenuates biochemical abnormalities by modifying faecal microbiota in people with type 2 diabetes. *Diabetes Metab.* S1262–3636(18)30175–7 (2018).
- [112] Zupancic ML, et al. Analysis of the Gut Microbiota in the Old Order Amish and Its Relation to the Metabolic Syndrome. *Plos One* 7, e43052 (2012).
- [113] Maslowski KM, et al. Regulation of inflammatory responses by gut microbiota and chemoattractant receptor GPR43. *Nature* 461, 1282 (2009).
- [114] Wang K, et al. Parabacteroides distasonis Alleviates Obesity and Metabolic Dysfunctions via Production of Succinate and Secondary Bile Acids. *Cell Rep.* 26(1):222–235 (2019).
- [115] Clarke SF, et al. The gut microbiota and its relationship to diet and obesity. *Gut Microbes* 3, 186–202 (2012).
- [116] Santacruz A, et al. Gut microbiota composition is associated with body weight, weight gain and biochemical parameters in overweight women. *PLoS Nutr* 104, 83–92 (2010).
- [117] Niccolai E, et al. The Gut–Brain Axis in the Neuropsychological Disease Model of Obesity: A Classical Movie Review of the Emerging Direction of the Microbiome. *Nutrients* 11:156 (2019).
- [118] Heianza Y, et al. Changes in Gut Microbiota-Related Metabolites and Long-term Successful Weight Loss in Individuals to Lose Weight: Loss Diets in the POUNDS Lost Trial. *Diabetes Care.* 41(3):413–419 (2018).
- [119] Bortolin RC, et al. Guarana supplementation attenuated obesity, insulin resistance, and adipokines dysregulation induced by a standard human Western diet via brown adipose tissue activation. *Phytother Res.* 33(5):1394–1403 (2019).
- [120] De Filippo C, et al. Impact of diet in shaping gut microbiota revealed by a comparative study in children from European and rural Africa. *Proc Natl. Acad. Sci. USA*, 107, 14691–14696 (2010).
- [121] Yeoh YK, et al. Gut microbiota composition reflects disease severity and dysfunctional immune responses in patients with COVID-19. *Gut*;70(4):698 (2021).
- [122] Gu S, et al. Alterations of the Gut Microbiota in Patients With Coronavirus Disease 2019 or H1N1 Influenza. *Clinical Infectious Diseases* 71(10):2669–78 (2020).
- [123] Atarashi K, et al. Induction of colonic regulatory T cells by indigenous Clostridium species. *Science* (2011).
- [124] Zuo T, et al. Alterations in Gut Microbiota of Patients With COVID-19 During Time of Hospitalization. *Gastroenterology*;159(3):944–55.e8 (2020).
- [125] Tao W, et al. Analysis of the intestinal microbiota in COVID-19 patients and its correlation with the inflammatory factor IL-18. *Medicine in Microecology*;5:100023 (2020).
- [126] Alameddine J, et al. Faecalibacterium prausnitzii Skews Human DC to Prime IL10-Producing T Cells Through TLR2/6/JNK Signaling and IL-10, IL-27, CD39, and IDO-1 Induction. *Frontiers in immunology*;10:143 (2019).
- [127] Chattopadhyay I, et al. SARS-CoV-2-Indigenous Microbiota Nexus: Does Gut Microbiota Contribute to Inflammation and Disease Severity in COVID-19? *Front Cell Infect Microbiol.*;11:590874 (2021).
- [128] Hiiopala K, et al. Isolation of Anti-Inflammatory and Epithelium Reinforcing Bacteroides and Parabacteroides Spp. from A Healthy Fecal Donor. *Nutrients*;12(4):935 (2020).
- [129] Sánchez-Alcoholado L, et al. Gut Microbiota-Mediated Inflammation and Gut Permeability in Patients with Obesity and Colorectal Cancer. *International journal of molecular sciences*;21(18) (2020).
- [130] Kaakoush NO, et al. Sutterella Species, IgA-degrading Bacteria in Ulcerative Colitis. *Trends in Microbiology*;28(7):519–22 (2020).
- [131] Wang J, et al. The Relationship Between Gut Microbiota and Inflammatory Diseases: The Role of Macrophages. *Nutrients*;11(1065) (2020).
- [132] Zhai R, et al. Strain-Specific Anti-inflammatory Properties of Two Akkermansia muciniphila Strains on Chronic Colitis in Mice. *Front Cell Infect Microbiol.*;9:239 (2019).
- [133] Liu JH, et al. Akkermansia muciniphila promotes type II vessel formation and bone fracture healing by reducing gut permeability and inflammation. *Disease Models & Mechanisms*;13(11) (2020).
- [134] Charlet R, et al. Bacteroides thetaiotaomicron and Lactobacillus johnsonii modulate intestinal inflammation and eliminate fungi via enzymatic hydrolysis of the fungal cell wall. *Scientific Reports*;10(1):11510 (2020).
- [135] Sun J, et al. Anti-inflammatory properties and gut microbiota modulation of an alkali-soluble polysaccharide from purple sweet potato in DSS-induced colitis mice. *International Journal of Biological Macromolecules*;153:708–22 (2020).
- [136] Baldelli V, et al. The Role of Enterobacteriaceae in Gut Microbiota Dysbiosis in Inflammatory Bowel Diseases. *Microorganisms*;9(4) (2021).

- [137] Derrien M, et al. Akkermansia muciniphila and its role in regulating host functions. Microbial Pathogenesis.;106:171-81 (2017).
- [138] Hiippala K, et al. The Potential of Gut Commensals in Reinforcing Intestinal Barrier Function and Alleviating Inflammation. Nutrients.;10(8) (2018).
- [139] Zhang L, et al. Akkermansia muciniphila can reduce the damage of gluco/lipotoxicity, oxidative stress and inflammation, and normalize intestine microbiota in streptozotocin-induced diabetic rats. Pathogens and disease.;76(4) (2018).
- [140] Delday M, et al. Bacteroides thetaiotaomicron Ameliorates Colon Inflammation in Preclinical Models of Crohn's Disease. Inflammatory bowel diseases.;25(1):85-9 (2019).
- [141] Zhaoyan L, et al. Antioxidant and Anti-Inflammatory Properties of Recombinant Bifidobacterium bifidum BGN4 Expressing Antioxidant Enzymes. Microorganisms. Volume 9 (2021).
- [142] Tang L, et al. Clinical Significance of the Correlation between Changes in the Major Intestinal Bacteria Species and COVID-19 Severity. Engineering.;6(10):1178-84 (2020).
- [143] Menezes-Garcia Z, et al. Colonization by Enterobacteriaceae is crucial for acute inflammatory responses in murine small intestine via regulation of corticosterone production, Gut Microbes.(2020) 11:6, 1531-1546 (2020).
- [144] Henke, et al. Capsular polysaccharide correlates with immune response to the human gut microbe Ruminococcus gnavus. Proceedings of the National Academy of Sciences May (2021).
- [145] Körner U, et al. Nahrungsmittelallergien und -unverträglichkeiten: Diagnostik, Therapie und Beratung: Georg Thieme Verlag KG (2020).
- [146] Mullin GE, et al. Integrative gastroenterology. New York: Oxford University Press (2011).
- [147] Mitchell AE, et al. Ten-year comparison of the influence of organic and conventional crop management practices on the content of flavonoids in tomatoes. J Agric Food Chem.;55(15):6154-9 (2007).
- [148] Schmiedel, et al. Europäisches Arzneibuch 8. Ausgabe, 8. Nachtrag (Ph. Eur. 8.8): Amtliche deutsche Ausgabe: Deutscher Apotheker Verlag;(2016).
- [149] Wong C, et al. Potential Benefits of Dietary Fibre Intervention in Inflammatory Bowel Disease. International journal of molecular sciences.;17(6) (2016).
- [150] Felson DT, et al. Dietary fatty acids for the treatment of OA, including fish oil. Ann Rheum Dis.;75(1):1-2 (2016).
- [151] Biesalski HK, et al. Ernährungsmethoden: Ernährungsmethoden neuen Curriculum Ernährungsmedizin der Bundesärztekammer;276 Tabellen: Thieme;(2010).
- [152] Zhao Y, et al. Intestinal microbiota and constipation. SpringerPlus.;5(1):1130 (2016).
- [153] Höfler E, et al. Praktische Diätetik und Ernährung, Ziele und Umsetzung der Ernährungstherapie;mit 205 Tabellen sowie 141 Übungsaufgaben: Wiss. Verlag-Ges.;(2012).
- [154] Österreichische Gesellschaft für Ernährung: Vitamine, Mineralstoffe, Spurenelemente. (2019).
- [155] Puchner R, et al. Rheumatoid Arthritis: Pathogenesis: Entzündliche Gelenkerkrankungen – mit Fallbeispielen: Springer Berlin Heidelberg;(2017).
- [156] Innes JK, et al. Omega-3 fatty acids and inflammation. Prostaglandins, leukotrienes, and essential fatty acids.;132:41-8 (2018).
- [157] Valocchi G, et al. The interaction of ceramide on the skin. The British journal of dermatology.;153(6):1096-100 (2005).
- [158] Magnani ND, et al. Airway Damage Mechanisms Related to Airborne Particulate Matter Exposure. Toxicological Sciences.;149(1):227-36 (2015).
- [159] Riccio P, et al. The Gut Microbiota Modulates the Pathogenesis of Neuroinflammatory Diseases: A Matter of Barriers and a Proposal on the Origin of Organ Specificity. Nutrients 11, 2714 (2019).
- [160] Calder PC, et al. Feeding the immune system. Proceedings of the Nutrition Society.;72(3):299-309.(2013).
- [161] Dosch SF, et al. SARS coronavirus infection-induced immune response occurs via activation of the NF-kappaB pathway in human monocyte macrophages in vitro. Virus Res.;142(1-2):19-27. (2009).
- [162] Wang Y, et al. The Membrane Protein of Severe Acute Respiratory Syndrome Coronavirus Functions as a Novel Cytosolic Pathogen-Associated Molecular Pattern To Promote Beta Interferon Induction via a Toll-Like-Receptor-Related IRAF3-Independent Mechanism. mBio.;7(1):e01872-15.(2016).
- [163] Al-Qahtani AA, et al. Middle east respiratory syndrome corona virus glycoprotein suppresses macrophage responses via DPP4-mediated induction of IRAK-M and PPARγ. Oncotarget.;8(6):9053-66.(2017).
- [164] Hsieh, et al. Association between dietary fat intake and reactive protein in a cross-sectional study in Taiwan. Journal of Nutritional Science, 10, E15. (2021).
- [165] Asgharpour, et al. Efficacy of Oral Administration of Allium cepa Powder "Garlic" on Lipid Profile, Inflammation, and Cardiovascular Indices among Hemodialysis Patients. Evidence-Based Complementary and Alternative Medicine (2021).
- [166] Azeez, et al. 6 - Antiinflammatory effects of turmeric (Curcuma longa) and ginger (Zingiber officinale). Inflammation and Natural Products, Academic Press, Pages 127-146 (2021).
- [167] Zhang, et al. Butyrate in Energy Metabolism: There's Still More to Learn. Trends in Endocrinology & Metabolism, Volume 32, Issue 3. (2021).
- [168] Mattiuzzo E, et al. In Vitro Effects of Low Doses of β-Caryophyllene and Glucosamine on Human Chondrocyte Viability and Inflammation. Pharmaceuticals. (2021).
- [169] Demirel-Yalciner, et al. alpha-Tocopherol supplementation reduces inflammation and apoptosis in high cholesterol mediated nonalcoholic steatohepatitis. BioFactors. 47: 403–413. (2021).
- [170] Fu, et al. Low Vitamin D Status Is Associated with Inflammation in Patients with Chronic Obstructive Pulmonary Disease. The Journal of Immunology February 1, 206 (3) 515-523 (2021).
- [171] Serrano D, et al. Microbiome as Mediator of Diet on Colorectal Cancer Risk: The Role of Vitamins, Markers of Inflammation and Adipokines. Nutrients. 13(2):363. (2021).
- [172] Shibabaw T, et al. Omega-3 polyunsaturated fatty acids: anti-inflammatory and atheroprotective mechanisms in cardiovascular disease. Mol Cell Biochem 476, 993–1003 (2021).
- [173] Mariamnatu, et al. Overconsumption of Omega-6 Polyunsaturated Fatty Acids Versus Deficiency of Omega-3 PUFA in Modern-Day Diets: The Disturbing Factor for Their "Balanced Antagonistic Metabolic Functions" in the Human Body. Hindawi. (2021).
- [174] Cox S, et al. Food Matters Food-additive emulsifiers: the worst thing since sliced bread? The Lancet Gastroenterology & Hepatology, Volume 6, Issue 7, 532 (2021).
- [175] Li K, et al. Bacteroides thetaiotaomicron relieves colon inflammation by activating aryl hydrocarbon receptor in modulating CD4+T cell homeostasis, International Immunopharmacology, Volume 90, (2021).
- [176] Pang W, et al. Bacteroides thetaiotaomicron Ameliorates Experimental Allergic Airway Inflammation via Activation of ICOS+Tregs and Inhibition of Th2 Response .Frontiers in Immunology .VOLUME 12. (2021).
- [177] Quévrain E, et al. Identification of an anti-inflammatory protein from Faecalibacterium prausnitzii, a commensal bacterium deficient in Crohn's disease. Gut.;65:415–(2016).
- [178] Ghosh S, et al. Regulation of Intestinal Barrier Function by Microbial Metabolites. Cellular and Molecular Gastroenterology and Hepatology.;11(1):63-82 (2021).
- [179] Lenoir M, et al. Butyrate mediates anti-inflammatory effects of Faecalibacterium prausnitzii in intestinal epithelial cells through gut microbiota. Gut microbes.;12(1):1826748 (2020).
- [180] Deutsche Gesellschaft für Ernährung. Referenzwerte für die Nährstoffzufuhr D-A-CH: Deutsche Gesellschaft für Ernährung (2016).
- [181] Groschwitz KR, et al. Intestinal barrier function: molecular regulation and disease pathogenesis. J Allergy Clin Immunol.;124(1):22. https://doi.org/10.1016/j.jaci. (2009).
- [182] Mu Q, et al. Leaky Gut As a Danger Signal for Autoimmune Diseases. Front Immunol.;8:598 (2017).
- [183] Zielińska A, et al. Nowak I. Abundance of active ingredients in sea-buckthorn oil. Lipids in Health and Disease.;16 (2017).
- [184] Macia L, et al. Microbial influences on epithelial integrity and immune function as a basis for inflammatory diseases. Immunological reviews.;245(1):164-76. (2012).
- [185] Kelly CJ, et al. Crosstalk between Microbiota-Derived Short-Chain Fatty Acids and Intestinal Epithelial HIF Augments Tissue Barrier Function. Cell host & microbe.;17(5):662-71 (2015).
- [186] Viennois E, et al. First victim, later aggressor: How the intestinal microbiota drives the pro-inflammatory effects of dietary emulsifiers on gut microbes.9(3):1-4 (2018).
- [187] Sicard JF, et al. Interactions of Intestinal Bacteria with Components of the Intestinal Mucus. Front Cell Infect Microbiol.;7:387 (2017).
- [188] Mullin GE, et al. Integrative gastroenterology. New York: Oxford University Press;(2011).
- [189] Patrick RP, et al. Vitamin D and the omega-3 fatty acids control serotonin synthesis and action, part 2: relevance for ADHD, bipolar disorder, schizophrenia, and impulsive behavior. FASEB journal : official publication of the Federation of American Societies for Experimental Biology.;29(6):2207-22 (2015).
- [190] Barreau F, et al. Hugot J, Intestinal barrier dysfunction triggered by invasive bacteria. Curr Opin Microbiol 17, 91–98 (2014).
- [191] Wang L, et al. Intestinal REG3 lectins protect against alcoholic steatohepatitis by reducing mucosa-associated microbiota and preventing bacterial translocation. Cell Host Microbe, 19, 227–239 (2016).
- [192] Chen, et al. An expansion of rare lineage intestinal microbes characterizes rheumatoid arthritis. Genome Medicine 8:43 (2016).
- [193] Von Ossowski I, et al. Mucosal Adhesion Properties of the Probiotic Lactobacillus rhamnosus GG SpaCBA and SpaFED Pilin Subunits. Appl Environ Microb 76, 2049–2057 (2010).
- [194] Kinashi, et al. Partners in Leaky Gut Syndrome: Intestinal Dysbiosis and Autoimmunity. Front. Immunol. 12:673708 (2021).
- [195] Kishino S, et al. Polyunsaturated fatty acid saturation by gut lactic acid bacteria affecting host lipid composition. Proc Natl Acad Sci USA;110(44):17808-13 (2013).
- [196] He C, et al. Vitamin A inhibits the action of LPS on the intestinal epithelial barrier function and tight junction proteins. Food Funct.;10, 1235–1242 (2019).
- [197] Riccio P, et al. Diet, gut microbiota, and vitamins A+D, in multiple sclerosis. Review. Neurotherapeutics 15, 75–91 (2018).
- [198] Zhu W, et al. 1,25(OH)2D3 deficiency-induced gut microbial dysbiosis degrades the colonic mucus barrier in Cyp27b1 knockout mouse model. Gut Pathog. 11 8 (2019).
- [199] Cantorna MT, et al. Vitamin A and vitamin D regulate the microbial complexity, barrier function, and the mucosal immune responses to ensure intestinal homeostasis. Crit. Rev. Biochem. Mol. Biol. 54, 184–192 (2019).
- [200] Madeo, et al. Spermidine in health and disease. Science (2018).
- [201] Ma, et al. Spermidine improves gut barrier integrity and gut microbiota function in diet-induced obese mice, Gut Microbes, 12:1, 1832857 (2020).
- [202] Balakrishnan, et al. Autoimmunity-Associated Gut Commensals Modulate Gut Permeability and Immunity in Humanized Mice, Military Medicine, Volume 184, Issue Supplement_1, Pages 529–536 (2019).

- [203] Yamada T, et al. Mucin O-glycans facilitate symbiosynthesis to maintain gut immune homeostasis. *EBioMedicine*. 48:513-525. (2019).
- [204] Hiippala K, et al. Mucosal Prevalence and Interactions with the Epithelium Indicate Commensalism of *Sutterella* spp. *Front Microbiol* 7, 1706 (2016).
- [205] Tana C, et al. Altered profiles of intestinal microbiota and organic acids may be the origin of symptoms in irritable bowel syndrome. *Neurogastroenterol Motil*. May;22(5):512-9, e114-5 (2010).
- [206] Zhang et al. Primary Human Colonic Mucosal Barrier Crosstalk with Super Oxygen-Sensitive *Faecalibacterium prausnitzii* in Continuous Culture (2021).
- [207] Crost EH, et al. Utilisation of mucin glycans by the human gut symbiont *Ruminococcus gnavus* is strain-dependent. *PLoS ONE* 8:e76341. (2013)
- [208] Roberts JL, et al. *Bifidobacterium adolescentis* supplementation attenuates fracture-induced systemic sequelae. *Biomed Pharmacother* (2020).
- [209] Van der Lugt, et al. *Akkermansia muciniphila* ameliorates the age-related decline in colonic mucus thickness and attenuates immune activation in accelerated aging Ercol-1/ $\Delta 7$ mice. *Immun Ageing* 16, 6 (2019).
- [210] Ouyang J, et al. The Bacterium *Akkermansia muciniphila*: A Sentinel for Gut Permeability and Its Relevance to HIV-Related Inflammation. *Front. Immunol*. 11:645 (2020).
- [211] Huck O, et al. *Akkermansia muciniphila* reduces *Porphyromonas gingivalis*-induced inflammation and periodontal bone destruction. *J Clin Periodontol*.;47: 202– 212 (2020).
- [212] Cruz-Aguilar RM, et al. An Open-Labelled Study on Fecal Microbiota Transfer in Irritable Bowel Syndrome Patients Reveals Improvement in Abdominal Pain Associated with the Relative Abundance of *Akkermansia muciniphila*. *Digestion* 1–12 (2018).
- [213] Png CW, et al. Mucolytic bacteria with increased prevalence in IBD mucosa augment in vitro utilization of mucin by other bacteria. *Am J Gastroenterol*. , 105(11):2420-8 (2010).
- [214] Liu Y, et al. Dietary quality and the colonic mucosa-associated gut microbiome in humans. *Am J Clin Nutr*.;110(3):701-712 (2019)
- [215] Fanning S, et al. *Bifidobacterium* surface-exopolysaccharide facilitates commensal-host interaction through immune modulation and pathogen protection. *Proc Natl Acad Sci U S A*. (2012).
- [216] Coyne MJ, et al. Human Symbionts Use a Host-Like Pathway for Surface Fucosylation. *Science* 307, 1778–1781 (2005).
- [217] Grandjean C, et al. Recovery of ethanol-treated *Akkermansia muciniphila* depletion ameliorates alcoholic liver disease. *Gut*. 2018 May;67(5):891-901 (2017).
- [218] Lapiere, et al. Prophylactic *Faecalibacterium prausnitzii* treatment prevents the acute breakdown of colonic epithelial barrier in a preclinical model of pelvic radiation disease, *Gut Microbes*, 12:1 (2020).
- [219] Xu J, et al. *Faecalibacterium prausnitzii*-derived microbial anti-inflammatory molecule regulates intestinal integrity in diabetes mellitus mice via modulating tight junction protein expression. *Journal of Diabetes* (2020).
- [220] Duncan SH, et al. Proposal of *Roseburia inulinivorans* sp. nov., *Roseburia hominis* sp. nov. and *Roseburia inulinivorans* sp. nov., based on isolates from human faeces. *Int. J. Syst. Evol. Microbiol*. 56, 2437–2443 (2006).
- [221] Louis P, et al. Formation of propionate and butyrate by the human colonic microbiota. *Environ. Microbiol*. 19, 29–41 (2017).
- [222] Lopez-Siles M, et al. Mucosa-associated *Faecalibacterium prausnitzii* phylotype richness is reduced in patients with inflammatory bowel disease. *Appl Environ Microbiol*.(2015).
- [223] Miquel S, et al. Identification of Metabolic Signatures Linked to the Inflammatory Effects of *Faecalibacterium prausnitzii* (2015).
- [224] Graziani F, et al. *Ruminococcus gnavus* E1 modulates mucin degradation and intestinal glycosylation. *J Appl Microbiol*, 120: 1403-1417. (2016).
- [225] Qin P, et al. Characterization of Novel Bifidobacteria-Producing Bacterium *Collinsella aerofaciens* Subsp. *Shenzhenensis* Subsp. *Nov*. *Microorganisms* (2019).
- [226] Marietta EV, et al. Suppression of inflammatory arthritis in human gut-derived *Prevotella histicola* in humanized mice *Arthritis Rheumatol*. , 68 (2016)
- [227] Astbury, et al. Lower gut microbial diversity and higher abundance of the inflammatory genus *Collinsella* are associated with biopsy-proven nonalcoholic steatohepatitis, *Gut Microbes*, 11:3, 569-580 (2020).
- [228] Achamrah N, et al. Glutamine and the regulation of intestinal permeability: from bench to bedside. *Curr Opin Clin Nutr Metab Care*. 20(1):86-91. (2017).
- [229] Burin DG, et al. Metabolic fate and function of dietary glutamate in the gut. *Am J Clin Nutr*. 90(3):850S-856S (2009).
- [230] David LA, et al. Diet rapidly and reproducibly alters the human gut microbiome. *Nature*. 515(7554):559 (2014).
- [231] Huang JY, et al. The human commensal *Bacteroides fragilis* has intestinal mucin-degrading activity. *Gastroenterology*.;137(4):137-41 (2011).
- [232] Swidsinski A, et al. Spatial organization and composition of the mucosal flora in patients with inflammatory bowel disease. *J Clin Microbiol*. 43(7):3380-9. (2005).
- [233] Brunkwall L, et al. Self-reported bowel symptoms are associated with differences in overall gut microbiota composition and enrichment of *Blautia* in a population-based cohort. *Journal of gastroenterology and hepatology*.;36(1):15-20 (2021).
- [234] Xu C, et al. Multiomics Study of Gut Bacteria and Host Metabolism in Irritable Bowel Syndrome and Depression Patients. *Gut*.;10(660) (2020).
- [235] Matsumoto H, et al. Mucosa-Associated Microbiota in Patients with Irritable Bowel Syndrome: A Comparison of Subtypes. *Digestion*.;102(suppl 1)(1):49-56 (2021).
- [236] Lopetuso LR, et al. Towards a disease-associated common trait in gut microbiota dysbiosis: The pivotal role of *Akkermansia muciniphila*. *Digestive and Liver Disease*.;52(9):1002-10 (2020).
- [237] Paulina P, et al. Qualitative Identification of *Roseburia hominis* in Faeces Samples Obtained from Patients with Irritable Bowel Syndrome and Healthy Individuals. *Proceedings*.;66(1) (2020).
- [238] O'Toole PW, et al. Next-generation probiotics: The spectrum from probiotics to live biotherapeutics. *Nat. Microbiol*.;2:170 (2017).
- [239] Masoodi I, et al. Microbial dysbiosis in irritable bowel syndrome: A single-center, retrospective study in Saudi Arabia. *Gastroenterology*.;4(4):649-55 (2020).
- [240] Agnello M, et al. Gut microbiome composition and risk factors in a large cross-sectional IBS cohort. *BMJ Open Gastroenterol*.;7(1):e000345 (2020).
- [241] Sciaivilla P, et al. Gut microbiota profiles and characterization of cultivable fungi in IBS patients. *Applied microbiology and biotechnology*.;105(8):3277-88 (2021).
- [242] Rajilić-Stojanović M, et al. Intestinal Microbiota And Diet in IBS: Causes, Consequences, or Epiphenomena? *Gastroenterology* 110, 278 (2015).
- [243] Yang M, et al. Mucosal-Associated Microbiota Other Than Luminal Microbiota Has a Close Relationship with Diarrhea-Predominant Irritable Bowel Syndrome. *Gut*.;10(606) (2020).
- [244] Enck P, et al. Dysbiosis in Functional Bowel Disorders. *Ann Nutr Metab*.;72(4):296-306 (2018).
- [245] Pittayanon R, et al. Gut Microbiota in Patients With Irritable Bowel Syndrome—A Systematic Review. *Gastroenterology*, Volume 157, Issue 1, 97–108 (2019).
- [246] Barandouzi Z, et al. Altered Gut Microbiota in Irritable Bowel Syndrome and Its Association with Subtypes Components. *J. Pers. Med*, 11, 35 (2021).
- [247] Mei L, et al. Gut microbiota composition and functional prediction in diarrhea-predominant irritable bowel syndrome. *BMC Gastroenterol*.;10(1) (2021).
- [248] Fodor A, et al. Rifaximin is associated with modest, transient decreases in multiple taxa in the gut microbiota of patients with diarrhea-predominant irritable bowel syndrome, *Gut Microbes* 10:1, 22-33 (2019).
- [249] Vich Vila A, et al. Gut microbiota composition and functional changes in inflammatory bowel disease and irritable bowel syndrome. *Sci. Transl. Med*. 10, eaap8914 (2018).
- [250] Peter J, et al. A Microbial Signature of Psychological Distress in Irritable Bowel Syndrome. *Psychosom Med*.; 69:698-709 (2007).
- [251] Labus JS, et al. Evidence for an association of gut microbial *Clostridia* with brain functional connectivity and gastrointestinal sensory-motor function in patients with irritable bowel syndrome, based on tripartite network analysis. *Microbiome*. , 7:45 (2019).
- [252] Lopetuso LR, et al. Gut Microbiota in Health, Diverticular Disease, Irritable Bowel Syndrome, and Inflammatory Bowel Diseases: Time to Find a Microbial Marker of Gastrointestinal Disorders. *Dig Dis*. 36(1):56-65 (2018).
- [253] Frank DN, et al. Disease phenotype and genotype are associated with shifts in intestinal-associated microbiota in inflammatory bowel diseases Jan;17(1):179-84 (2011).
- [254] Kassinen A, et al. The fecal microbiota of irritable bowel syndrome patients differs significantly from that of healthy subjects. *Gastroenterology*. Jul;133(1):24-33 (2007).
- [255] Lyra A, et al. Diarrhoea-predominant irritable bowel syndrome distinguishable by 16S rRNA gene phylotype quantification. *World J Gastroenterol*. Dec 21;15(47):5936-45 (2009).
- [256] Hynönen U, et al. Isolation and whole genome sequencing of a *Ruminococcus*-like bacterium, associated with irritable bowel syndrome. *Anaerobe*, 39, 60-67 (2016).
- [257] Salonen A, et al. Gastrointestinal microbiota in irritable bowel syndrome: present state and perspectives. *Microbiology*, 156(11), 3205–3215 (2010).
- [258] Malinen E, et al. Analysis of the Fecal Microbiota of Irritable Bowel Syndrome Patients and Healthy Controls with Real-Time PCR. *Am J Gastroenterology* 100, aig200561 (2005).
- [259] Rajilić-Stojanović M, et al. Global and Deep Molecular Analysis of Microbiota Signatures in Fecal Samples From Patients With Irritable Bowel Syndrome. *Gastroenterology* 141, 1792–1801 (2011).
- [260] Kerckhoffs AP, Samsom M, van der Rest ME, de Vogel J, Knol J, Ben-Amor K, Akkermans LM. Lower *Bifidobacteria* counts in both duodenal mucosa-associated and fecal microbiota in irritable bowel syndrome patients. *World J Gastroenterol*. Jun 21;15(23):2887-92 (2009).
- [261] Mazzawi T, et al. The kinetics of gut microbial community composition in patients with irritable bowel syndrome following fecal microbiota transplantation. *PLoS ONE* 13(11): e0194904 (2018).
- [262] Jalanka-Tuovinen J, et al. Faecal microbiota composition and host-microbe cross-talk following gastroenteritis and in postinfectious irritable bowel syndrome. *Gut* 63, 1737 (2014).
- [263] Rizzello F, Dietary geraniol ameliorates intestinal dysbiosis and relieves symptoms in irritable bowel syndrome patients: a pilot study. *BMC Complement Altern Med*. 18: 338 (2018).
- [264] Sokol H, et al. *Faecalibacterium prausnitzii* is an anti-inflammatory commensal bacterium identified by gut microbiota analysis of Crohn disease patients. *Proc Natl Acad Sci U S A*. Oct 28;105(43):16731-6 (2008).
- [265] Had K, et al. The effect of a multispecies probiotic on microbiota composition in a clinical trial of patients with diarrhea predominant irritable bowel syndrome. *Neurogastroenterol Motil*. 30(12):e13456 (2018).
- [266] Lopes-Siles M, et al. Iterations in the Abundance and Co-occurrence of *Akkermansia muciniphila* and *Faecalibacterium prausnitzii* in the Colonic Mucosa of Inflammatory Bowel Disease Subjects. *Frontiers in Cellular and Infection Microbiology*.;8:281 (2018).
- [267] Carroll IM, et al. Alterations in composition and diversity of the intestinal microbiota in patients with diarrhea-predominant irritable bowel syndrome. *Neurogastroenterol Motil*. 24(6):521-30, e248 (2012).

- [268] Costabile A, et al. Effect of Breading Process on In Vitro Gut Microbiota Parameters in Irritable Bowel Syndrome. *PLOS ONE*;9(10):e111225 (2014).
- [269] Ziegler JU, et al. Wheat and the irritable bowel syndrome – FODMAP levels of modern and ancient species and their retention during bread making. *Journal of Functional Foods*;25:257–66 (2016).
- [270] Williams CE, et al. Vitamin D status in irritable bowel syndrome and the impact of supplementation on symptoms: what do we know and what do we need to know? *European journal of clinical nutrition*;72(10):1358–63 (2008).
- [271] Jonsson AL, et al. Role of gut microbiota in atherosclerosis. *Nat Rev Cardiol*. 14(2):79–87 (2017).
- [272] Luedde M, et al. Heart failure is associated with depletion of core intestinal microbiota. *ESC Heart Fail*. 4, 282–290 (2017).
- [273] Pedersen N, et al. Ehealth: Low FODMAP diet vs Lactobacillus rhamnosus GG in irritable bowel syndrome. *Gastroenterology* 20:43 16215 (2014).
- [274] Reddel S, et al. The Impact of Low-FODMAPs, Gluten-Free, and Ketogenic Diets on Gut Microbiota Modulation in Pathological Conditions. *Nutrients*. 11(2) (2019).
- [275] Altobelli E, et al. Low-FODMAP Diet Improves Irritable Bowel Syndrome Symptoms: A Meta-Analysis. *Nutrients* 9(9) (2017).
- [276] Schmidt T, et al. The Human Gut Microbiome: From Association to Modulation. *Cell* 172, 1198–1215 (2018).
- [277] Jeffery IB, et al. An irritable bowel syndrome subtype defined by species-specific alterations in faecal microbiota. *Gut* 61, 997 (2012).
- [278] Donner, et al. Serotonin: Zum Glück gibt's was zum Essen. *UGB-FORUM* 5/05.S. 245–8.(2005).
- [279] Wilkins CH, et al. Vitamin D deficiency is associated with low mood and worse cognitive performance in older adults. *Am J Geriatr Psychiatry*;14(12):1032–40. (2006).
- [280] Globoska, et al. The Influence of Vitamin D Intake and Status on Mental Health in Children: A Systematic Review. *Nutrients* , 13, 952. (2021).
- [281] Tillisch K, et al. Consumption of fermented milk product with probiotic modulates brain activity. *Gastroenterology*. (2013).
- [282] Van de Wouwe, et al. Distinct actions of the fermented beverage kefir on host behaviour, immunity and microbiome gut-brain modules in the mouse Microbiome (2020)
- [283] Mocking, et al. Meta-analysis and meta-regression of omega-3 polyunsaturated fatty acid supplementation for major depressive disorder. *Translational psychiatry* (2016).
- [284] Trebatick J, et al. Omega-3 fatty acids modulate symptoms of depressive disorder, serum levels of omega-3 fatty acids and omega-6/omega-3 ratio in children. A randomized, double-blind and controlled trial. *Psychiatry Research*, Volume 287 (2020).
- [285] Stengler M, et al. The Role of Folate and MTHFR Polymorphisms in the Treatment of Depression. *Altern Ther Health Med*;27(2):53–57. PMID: 32827402. (2021).
- [286] Mansoori A, et al. The Effect of Gastric Surgery on Vitamin B Status and Mental Health. *Nutrients* 20;13(4):1383. (2021).
- [287] Zheng P, et al. Gut microbial remodeling induces depressive-like behaviors in rats exposed to chronic unpredictable mild stress. *Mol. Psychiatry*;21, 786 (2016).
- [288] Vacca M, et al. The Compositional Role of Human Gut Lachnospiraceae. *Microorganisms*;8(4):573. (2020).
- [289] Chen Z, et al. Comprehensive metaproteomic analysis shows altered fecal microbiota signatures in patients with major depressive disorder. *Neuroreport*.(2018).
- [290] Cheng, et al. Identifying psychiatric disorder-associated gut microbiota using microbiota-related gene set enrichment analysis (2019).
- [291] Yang, et al. Landscape of bacterial and metabolic signatures in gut microbiome interaction in major depressive disorders. *SCIENCE ADVANCES*. (2020).
- [292] Barandouzi, et al. Altered Composition of Gut Microbiota in Depression: A Systematic Review. *Frontiers in Psychiatry*.(2020).
- [293] Jianguo L, et al. Altered gut microbiome signatures to depression-like behaviors in rats exposed to chronic unpredictable mild stress. *Transl Psychiatry* 9, 40 (2019).
- [294] Martin del Campo, et al. P141. GUT BACTERIAL CHARACTER AND APOE4 ALLELE: GUT MICROBIOME SIGNATURE MIGHT BE RELATED TO COGNITIVE IMPAIRMENT IN PATIENTS ON PERITONEAL DIALYSIS, Nephrology Dialysis Transplantation, Volume 35, 1, Supplement_3 (2020).
- [295] Rong H, et al. Similarly in depression, nuances of gut microbiota: Evidence from a shotgun metagenomics sequencing study on major depressive disorder versus bipolar disorder with current major depressive episode patients. *Journal of Psychiatric Research* (2019).
- [296] Ma W, et al. Chronic paradoxical sleep deprivation-induced depression-like behavior, energy metabolism and microbial changes in rats. *Life Sci*. (2019).
- [297] Liu, et al. Reductions in anti-inflammatory bacteria are associated with depression in a sample of young adults. *Brain, Behavior, and Immunity* (2020).
- [298] Madan, et al. The gut microbiota is associated with psychiatric symptom severity and treatment outcome among individuals with serious mental illness. *J. Affect. Disord*. 264, 98–106. (2020).
- [299] Chen JJ, et al. Age-specific differential changes on gut microbiota composition in patients with major depressive disorder. *Aging* 12, 2764–2776. (2020).
- [300] Liśkiewicz P, et al. Analysis of gut microbiota and intestinal integrity markers in inpatients with major depressive disorder. *Prog Neuropsychopharmacol Biol Psychiatry* (2021).
- [301] Tian, et al. Towards a psychobiotic therapy for depression: Bifidobacterium breve CC-2025 reverses chronic stress-induced depressive symptoms and gut microbial abnormalities in mice. *Neurobiology of Stress*, Volume 12 (2020).
- [302] Xie, et al. Oral treatment with Lactobacillus reuteri attenuates depressive-like behavior and serotonergic metabolism alterations induced by chronic social defeat stress. *Journal of Psychiatric Research*, Volume 122, (2019).
- [303] Kosuge, et al. Heat-sterilized Bifidobacterium breve prevents depression-like behavior and interleukin-6 expression in mice exposed to chronic social defeat stress. *Brain, Behavior, and Immunity*, Volume 96, (2021).
- [304] Han SK, et al. Lactobacillus reuteri NK33 and Bifidobacterium adolescentis NK98 alleviate Escherichia coli-Induced depression and Gut Dysbiosis in Mice. *J Microbial Biotechnol*. PMID: 32347078. (2020).
- [305] Tian, et al. Unraveling the Microbial Mechanisms Underlying the Psychobiotic Properties of Bifidobacterium breve Strain M-1. *Journal of Nutrition & Food Research*. (2021).
- [306] Simpson, et al. Bugs and Brains: The Gut and Mental Health Study Characterized Gut Microbiota in Anxiety, Depression, Irritable Bowel Syndrome, and their Comorbidity. (2021).
- [307] Valles-Colomer M, et al., The neuroactive potential of the human gut microbiota in quality of life and depression. *Nature Microbiology*, 4(4): p. 623–632. (2019).
- [308] Stevens BR, et al., Depressive hypertension: A proposed human endotype of brain/gut microbiome dysbiosis. *Heart J*. 39:27–37. (2021).
- [309] Zhang Q, et al. Gut Microbiome Composition Associated With Major Depressive Disorder and Sleep Quality. *Frontiers in psychiatry*, 12, 645045 (2021).
- [310] Khlevner J, et al. Brain-Gut Axis: Clinical Implications. *Gastroenterol Clin North Am*. 47(4):727–739 (2020).
- [311] Cheung SG, et al. Systematic Review of Gut Microbiota and Major Depression. *Front Psychiatry*. 10 (2019).
- [312] Andrew M, et al. Associations among diet, the gastrointestinal microbiota, and negative emotional states in adults. *Nutr Neurosci*. 22:1–12 (2019).
- [313] McGaughy KD, et al. Relative abundance of Akkermansia spp. and other bacterial phylotypes correlates with anxiety- and depression-like behavior following social defeat in mice. *Nature Sci Rep*. 9(1):3261 (2019).
- [314] Mangiola F, et al. Gut microbiota in autism and mood disorders. *World J Gastroentero* 22, 361–368 (2016).
- [315] Jiang H, et al. Altered fecal microbiota composition in patients with major depressive disorder. *Brain Behav. Immun*. 46:186–194 (2015).
- [316] Aizawa E, et al. Possible association of Bifidobacterium and Lactobacillus in the gut microbiota of patients with major depressive disorder. *Journal of Affective Disorders* (2016).
- [317] Kelly J R, et al. Transferring the blues: depression-associated gut microbiota induces neurobehavioural changes in the rat. *J. Psychol. Med*. 32, 109–118. (2016).
- [318] Messaoudi M, et al. Assessment of psychotropic-like properties of a probiotic formulation (Lactobacillus helveticus R0052 and Bifidobacterium longum R0175) in rats and human subjects. (2010).
- [319] Allen AP, et al. Bifidobacterium longum 1714 as a transnational psychobiotic: Modulation of stress electrophysiology and neurocognition in health volunteers. *Translation Psychiatry* 6:111 e393 (2016).
- [320] Hayek N, et al. Chocolate, gut microbiota, and human health. *Front Pharmacol*. 4:11 (2013).
- [321] Brickman AM, et al. Enhancing dentate gyrus function with dietary avianols improves cognition in older adults. *Nat Neurosci*. 17(12):1808–1803 (2014).
- [322] Fraga CG, et al. The effects of polyphenols and other bioactives on human health. *Food Funct*. 10(2):514–528 (2019).
- [323] Uclauiková B, et al. Role of Microbiota and Tryptophan Metabolites in the Remote Effect of Intestinal Inflammation on Brain and Depression. *Pharmaceuticals (Basel)*. 11(3): 63 (2018).
- [324] O'Mahony SM, et al. Serotonin, tryptophan metabolism and the brain-gut-microbiome axis. *Behav Brain Res*. 277:32–48 (2015).
- [325] Lindseth G, et al. The Effects of Dietary Tryptophan on Affective Disorders. *Arch Psychiatr Nurs*. 29(2):102–107 (2015).
- [326] Liu S, et al. Metagenomic analysis of the gut microbiome in atherosclerosis patients identify cross-cohort microbial signatures and potential therapeutic target. *The FASEB Journal*. (2020).
- [327] Xu, et al. Compositional and Functional Alterations of Gut Microbiota in Patients with Stroke, Nutrition, Metabolism and Cardiovascular Diseases (2021).
- [328] Compagnys J, et al. Gut Microbiota Profile and Its Association with Clinical Variables and Dietary Intake in Overweight/Obese and Lean Subjects: A Cross-Sectional Study. *Nutrients*;13(6):2032.(2021).
- [329] Ozato N, et al. Blautia genus associated with visceral fat accumulation in adults 20–76 years of age. *npj Biofilms Microbiomes* 5, 28 (2019).
- [330] Zhu, et al. Dysbiosis signatures of gut microbiota in coronary artery disease. *Physiological Genomics* 50:10, 893–903 (2018).
- [331] Chen, et al. Oolong tea extract and citrus peel polymethoxyflavones reduce transformation of L-Carnitine to trimethylamine-N-oxide and decrease vascular inflammation in L-Carnitine feeding mice. *Journal of Agricultural and Food Chemistry*, vol. 67, no. 28, pp. 7869–7879, (2019).
- [332] Shi J, et al. Berberine treatment reduces atherosclerosis by mediating gut microbiota in ApoE-/- mice. *Biomedicine & Pharmacotherapy*, vol. 107, pp. 1556–1563, (2018).
- [333] Anwar U, et al. Trigonaline inhibits intestinal microbial metabolism of choline and its associated cardiovascular risk. *Journal of Pharmaceutical and Biomedical Analysis*, vol. 159, pp. 100–112 (2018).
- [334] Li X, et al. Berberine attenuates choline-induced atherosclerosis by inhibiting trimethylamine and trimethylamine-N-oxide production via manipulating the gut microbiome. *npj Biofilms Microbiomes* 7, 36 (2021).

- [335] Iglesias-Carres, et al. Use of dietary phytochemicals for inhibition of trimethylamine N-oxide formation. *The Journal of Nutritional Biochemistry*, 91, 108600. (2021).
- [336] Roohbakhsh E, et al. The Effect of Interval Training and Consuming Fenugreek Seed Extract on FGF-21 and VEGF Gene Expression in Patients With Coronary Artery Diseases. *Horizon Med Sci*. (2021).
- [337] Dalla Via A, et al. Urinary TMAO Levels Are Associated with the Taxonomic Composition of the Gut Microbiota and with the Choline TMA-Lyase Gene (*cutC*) Harbored by Enterobacteriaceae. *Nutrients*. (2020).
- [338] Dan, et al. Differential Analysis of Hypertension-Associated Intestinal Microbiota. *Int. J. Med. Sci*. 16, 872–881 (2019).
- [339] Huat J, et al. Gut Microbiota and Fecal Levels of Short-Chain Fatty Acids Differ Upon 24-Hour Blood Pressure Levels in Men. *Hypertension* (2019).
- [340] Verhaar, et al. Associations between gut microbiota, faecal short-chain fatty acids, and blood pressure across ethnic groups: The HELIUS study. *Eur. Heart J.*(2020).
- [341] Genoni, et al. Long-term Paleolithic diet is associated with lower resistant starch intake, different gut microbiota composition and increased serum TMAO concentrations. *European Journal of Nutrition* (2020).
- [342] Macpherson, et al. Gut Microbiota-Dependent Trimethylamine N-Oxide Associates With Inflammation in Common Variable Immunodeficiency. *Frontiers in Immunology* .(2020).
- [343] Skye, et al. Microbial Transplantation With Human Gut Commensals Containing *CutC* Is Sufficient to Transmit Enhanced Platelet Reactivity and Thrombosis Potential (2018).
- [344] Griffin, et al. A mediterranean diet does not alter plasma trimethylamine N-oxide concentrations in healthy adults at risk for colon cancer. *Food Funct*.10:2138–47.(2019).
- [345] Yoshida N, et al. A possible beneficial effect of *Bacteroides* on faecal lipopolysaccharide activity and cardiovascular diseases. *Sci Rep* 10, 13009 (2020).
- [346] Depommier C, et al. Supplementation with *Akkermansia muciniphila* in overweight and obese human volunteers: a proof-of-concept exploratory study. *Nat Med* 25, 1096–1103 (2019).
- [347] Ferguson JF, et al. Nutrigenomics, the Microbiome, and Gene-Environment Interactions: New Directions in Cardiovascular Disease Research, Prevention, and Treatment. A Scientific Statement from the American Heart Association. *Circ Cardiovasc Genet* (2016).
- [348] Tang WHW, et al. Dietary metabolism, the gut microbiome, and heart failure. *Nat Rev Cardiol*.;16(3):137-154 (2019).
- [349] Burri BJ, et al. Absorption, metabolism, and functions of β -cryptoxanthin. *Nutr Rev*. 74(2): 69–82 (2016).
- [350] Goszoz K, et al. Bioactive polyphenols in cardiovascular disease: Chemical antagonists, pharmacological agents or xenobiotics that drive an adaptive response? *Br. J. Pharmacol*. 174, 1209–1225 (2015).
- [351] De Bruyne T, et al. Dietary Polyphenols Targeting Arterial Stiffness: Interplay of Contributing Mechanisms and Gut Microbiome- Related Metabolism. *Nutrients*. 11:3 (2019).
- [352] Jie Z, et al. The gut microbiome in atherosclerotic cardiovascular disease. *Nat Commun*. 8(1):845 (2017).
- [353] Kummen M, et al. The gut microbial profile in patients with primary sclerosing cholangitis is distinct from patients with ulcerative colitis without biliary disease and healthy controls. *Gut* 66, 611–619 (2017).
- [354] Carlsson FH, et al. Metabolic atherosclerosis is associated with an altered gut metagenome. *Nat Commun* 3, 1245 (2012).
- [355] Kasahara K, et al. Interactions between *Roseburia* intestinalis and *Helicobacter pylori* modulate atherogenesis in a murine model. *Nat. Microbiol*. 3:1461-1471 (2018).
- [356] Watson H, et al. A randomised trial of the effect of omega-3 polyunsaturated fatty acid supplements on the human intestinal microbiota. *Gut*..(2018).
- [357] Do, et al. High-Glucose or -Fructose Diet Changes the Gut Microbiota and Metabolic Disorders in Mice without Body Weight Change. *Nutrients*. (2018).
- [358] Emamat H, et al. Artificial sweeteners are related to non-alcoholic fatty liver disease: Microbiota dysbiosis as a novel potential mechanism. *EXCU* (2020).
- [359] Friedman S, et al. Mechanisms of NAFLD development and therapeutic strategies. *Nature Medicine* (2018).
- [360] Tian, et al. Perilla Oil Has Similar Protective Effects to Fish Oil on High-Fat Diet-Induced Nonalcoholic Fatty Liver Disease and Gut Dysbiosis (2016).
- [361] Vadarlis, et al. Systematic review with meta-analysis: The effect of vitamin E supplementation in adult patients with non-alcoholic fatty liver disease. *J Gastroenterol Hepatol* (2020).
- [362] Gjurasin, et al. Non-Alcoholic Fatty Liver Disease is Associated with an Increased Mortality in Adult Patients with Group B Streptococcus Invasive Disease (2020).
- [363] Iwaki M, et al. Gut microbiota composition associated with hepatic fibrosis in non-alcoholic patients with non-alcoholic fatty liver disease. *Journal of Gastroenterology and Hepatology*, 36: 2275– 2284. (2021).
- [364] Shen, et al. Gut microbiota dysbiosis in patients with non-alcoholic fatty liver disease. *Journal of Hepatology & pancreatic diseases international: HBPD INT* (2017).
- [365] Demir, et al. Phenotyping non-alcoholic fatty liver disease by the gut microbiota: Ready for prime time? *Journal of Gastroenterology and Hepatology* (2020).
- [366] Da Silva, et al. Nonalcoholic fatty liver disease is associated with dysbiosis independent of body mass index and insulin resistance. *8: 1466*. (2018).
- [367] Li F, et al. Characteristics of fecal microbiota in non-alcoholic fatty liver disease patients. *Sci China Life Sci*.;770–8 (2018).
- [368] Qiao, et al. Activation of a Specific Gut Bacteroides-Folate-Liver Axis Benefits for the Reversal of Non-alcoholic Hepatic Steatosis. *Cell Reports*, Volume 32, Issue 6, 108005 (2020).
- [369] Tsai, et al. Gut microbiota dysbiosis in patients with biopsy-proven nonalcoholic fatty liver disease: a cross-sectional study in Taiwan. *Nutrients*. 12:820 (2020).
- [370] Schwimmer JB, et al. Microbiome signatures associated with steatohepatitis and correlate to steatosis fibrosis in children with nonalcoholic fatty liver disease. *Gastroenterology*. (2019).
- [371] Oh TG, et al. A Universal Gut-Microbiome-Derived Signature Predicts Cirrhosis. *Cell metabolism* (2020).
- [372] Rau, et al. Fecal SCFAs and SCFA-producing bacteria in gut microbiome of human NAFLD: a putative link to systemic inflammation and advanced disease. *United European Gastroenterol J* (2018).
- [373] Ponziiani, et al. Hepatocellular Carcinoma Is Associated With Gut Microbiota Profile and Inflammation in Nonalcoholic Fatty Liver Disease. *Hepatology*. (2019).
- [374] Ren, et al. Correlation analysis of gut microbiota and biochemical indexes in patients with non-alcoholic fatty liver disease. *Chinese Journal of Hepatology*. (2019).
- [375] Wu, et al. Identification of the keystone species in non-alcoholic fatty liver disease by causal inference and dynamic intervention modeling. *bioRxiv*. (2020).
- [376] Kravetz, et al. Effect of Gut Microbiota and PNPLA3 rs738409 Variant on Nonalcoholic Fatty Liver Disease (NAFLD) in Obese Youth, *The Journal of Clinical Endocrinology & Metabolism*, Volume 105, Issue 10. (2020).
- [377] Zhao, et al. Metagenome of gut microbiota of children with nonalcoholic fatty liver disease. *Front Pediatr* (2019).
- [378] Rao, et al. Gut *Akkermansia muciniphila* ameliorates metabolic dysfunction-associated fatty liver disease by regulating the metabolism of cholesterol via gut-liver axis. *Gut Microbes*. (2021).
- [379] Mokhtari Z, et al. Nonalcoholic Fatty Liver Disease, the Gut Microbiome, and Diet. *Adv Nutr*. 8(2):240-252 (2017).
- [380] Safari Z, et al. The links between the gut microbiome and non-alcoholic fatty liver disease (NAFLD). *Cellular and Molecular Life Sciences* 76(1):1541-1558, (2019).
- [381] Pierantonelli I, et al. Nonalcoholic Fatty Liver Disease: Basic Pathogenetic Mechanisms in the Progression From Steatosis to Fibrosis. *Transplantation*. 103(1):e1-e13 (2019).
- [382] Bajaj JS, et al. Linkage of gut microbiome with cognition in hepatic encephalopathy. *Am J Physiol-gastro L* 306:G608-G6175 (2014).
- [383] Bajaj JS, et al. Colonic mucosal microbiome differs from stool microbiome in cirrhosis and hepatic encephalopathy and is linked to inflammation and inflammation. *Am J Physiol-gastro* 303, G675–G685 (2012).
- [384] Qin N, et al. Alterations of the human gut microbiome in liver cirrhosis. *Nature* 513:59–64 (2014).
- [385] Jiang, W, et al. Dysbiosis gut microbiota associated with inflammation and impaired mucosal immune function in intestine of humans with non-alcoholic fatty liver disease. *Sci Rep-uk* 5, 8096 (2015).
- [386] Nistal E, et al. An altered fecal microbiota profile in patients with non-alcoholic fatty liver disease (NAFLD) associated with obesity. *Rev Esp Enferm Dig*. 111(4):275-282 (2019).
- [387] Zhu L, et al. Characterization of gut microbiomes in nonalcoholic steatohepatitis (NASH) patients: a connection between endogenous alcohol and NASH. *Hepatology* 57(2):601-9 (2013).
- [388] Torres J, et al. The features of mucosa-associated microbiota in primary sclerosing cholangitis. *Aliment Pharmacol Ther*. 43(7):790– 801 (2016).
- [389] Del Chierico F, et al. Gut microbiota profiling of pediatric nonalcoholic fatty liver disease and obese patients unveiled by an integrated meta-omics-based approach. *Hepatology*, 65(2):451-464 (2017).
- [390] Caussy C, et al. A gut microbiome signature for cirrhosis due to nonalcoholic fatty liver disease. *Nat Commun*. 10(1):1406 (2019).
- [391] Mouzaki M, et al. Intestinal microbiota in patients with nonalcoholic fatty liver disease. *Hepatology* 58, 120–127 (2013).
- [392] Sohail MU, et al. Role of the Gastrointestinal Tract Microbiome in the Pathophysiology of Diabetes Mellitus. *Journal of Diabetes Research* 2017:9631435, 9 (2017).
- [393] Jørgensen PB, et al. A possible link between food and mood: dietary impact on gut microbiota and behavior in BALB/c mice. *PLoS One* 9(8):e103398 (2014).
- [394] Owen L, et al. The role of diet and nutrition on mental health and wellbeing. *Proc Nutr Soc*. 76(4):425-426 (2017).
- [395] Noble EE, et al. Gut to Brain Dysbiosis: Mechanisms Linking Western Diet Consumption, the Microbiome, and Cognitive Impairment. *Front Behav Neurosci*. 11:9 (2017).
- [396] Oriachad CS, et al. Food for thought: The role of nutrition in the microbiota-gut-brain axis. *Clin Nutr Experimental* 6:25-38 (2016).
- [397] Franco R, et al. The central role of glutathione in the pathophysiology of human diseases. *Medycyna pracy*. 113(4-5):234-58 (2007).
- [398] Menni C, et al. Omega-3 fatty acids correlate with gut microbiome diversity and production of N-carbamylglutamate in middle aged and elderly women. *Sci Rep*. 7: 11079 (2017).
- [399] Robertson RC, et al. Omega-3 polyunsaturated fatty acids critically regulate behaviour and gut microbiota development in adolescence and adulthood. *Brain Behav Immun*. 59:21-37 (2017).
- [400] Calder PC, et al. Omega-3 polyunsaturated fatty acids and inflammatory processes: nutrition or pharmacology? *Br J Clin Pharmacol*. 75(3):645–62 (2013).
- [401] Huang L, et al. Dysbiosis of gut microbiota was closely associated with psoriasis. *Sci China Life Sci*.62(6):807–815 (2019).
- [402] Madden, et al. How lifestyle factors and their associated pathogenetic mechanisms impact psoriasis. *Clinical Nutrition*, Volume 39, Issue 4, 1026 - 1040. (2020).

- [403] Kashani, et al. Priyankar Dey. Dietary Inflammatory Index in Relation to Psoriasis Risk, Cardiovascular Risk Factors and Clinical Outcomes; A Result from Case-Control Study in Psoriasis Patients. *Applied Physiology, Nutrition, and Metabolism*. (2021).
- [404] Kanda N, et al. Nutrition and Psoriasis. *International Journal of Molecular Sciences*. (2020).
- [405] Myers B, et al. The gut microbiome in psoriasis and psoriatic arthritis. *Best Pract. Res. Clin. Rheumatol*. 2019, 33, 101494. (2019).
- [406] Visser M, et al. Bacterial Dysbiosis and Translocation in Psoriasis Vulgaris. *Front. Cell Infect. Microbiol*. 9,(2019).
- [407] Hsu D, et al. Role of skin and gut microbiota in the pathogenesis of psoriasis, an inflammatory skin disease. *Microecol. Med.* (2020).
- [408] Chen L, et al. Skin and gut microbiome in psoriasis: Gaining insight into the pathophysiology of it and finding novel therapeutic strategies. *Front. Microbiol*. (2020).
- [409] Chen YJ, et al. Intestinal microbiota profiling and predicted metabolic dysregulation in psoriasis patients. *Exp Dermatol* 27: 1336–1343. (2018).
- [410] Tan L, et al. The *Akkermansia muciniphila* is a gut microbiota signature in psoriasis. *Exp Dermatol*. Feb;27(2):144-149(2018).
- [411] Hidalgo-Cantabrana C, et al. Gut microbiota dysbiosis in a cohort of patients with psoriasis. *Br J Dermatol*, 181: 1287-1295. (2019).
- [412] Shapiro, et al. Psoriatic patients have a distinct structural and functional fecal microbiota compared with controls. *J Dermatol*. (2019).
- [413] Dei-Cas I, et al. Metagenomic analysis of gut microbiota in non-treated plaque psoriasis patients stratified by disease severity: development of a new Psoriasis-Microbiome Index. *Sci Repul* 29;10(1):12754. (2020).
- [414] Zhang X, et al. Dysbiosis of gut microbiota and its correlation with dysregulation of cytokines in psoriasis patients. *BMC Microbiol* 21, 78 (2021).
- [415] Xiao, et al. Deciphering Gut Microbiota Dysbiosis and Corresponding Genetic and Metabolic Dysregulation in Psoriasis Patients Using Metagenomics Sequencing. *Frontiers in Cellular and Infection Microbiology*. (2021).
- [416] Sun C, et al. Involvement of Gut Microbiota in the Development of Psoriasis Vulgaris. *medRxiv*. (2020).
- [417] Ye S, et al. Diversity analysis of gut microbiota between healthy controls and those with atopic dermatitis in a Chinese population. *J. Dermatol.*, 48: 158-167. (2021).
- [418] Millsop JW, et al. Diet and psoriasis, a role of nutritional supplements. *J Am Acad Dermatol*. 71(3):561-9 (2014).
- [419] Del Duca E, et al. Superiority of a vitamin E-containing emollient compared to a standard emollient in the maintenance treatment of mild-to-moderate plaque psoriasis. *Int J Immunopathol Pharmacol*. 30(4):141-42 (2017).
- [420] Simopoulos AP, et al. The importance of the ratio of omega-6/omega-3 essential fatty acids. *Biomed Pharmacother*;56(8):365-79. (2002).
- [421] Vaughn AR, et al. Skin-gut: the relationship between intestinal bacteria and skin health. *World J Dermatol*. 6(4): 52-58 (2017).
- [422] Giancchetti E, et al. Recent Advances on Microbiota Involvement in the Pathogenesis of Autoimmunity. *Int. Journal of Mol Science* 20(283) (2019).
- [423] Salem I, et al. The Gut Microbiome as a Major Regulator of the Gut-Skin Axis. *Front. Microbiol*. 9:1459 (2019).
- [424] Codoñer FM, et al. Gut microbial composition in patients with psoriasis. *Sci. Rep*. 8:3812 (2018).
- [425] Wang, et al. Dietary Supplement with Inulin Modulates Gut Microbiota and Improves Insulin Sensitivity in Prediabetes. *International Journal of Endocrinology* (2021).
- [426] Drouin-Charrier, et al. Changes in dairy product consumption and risk of type 2 diabetes: results from 3 large prospective cohorts of US men and women. *The American journal of clinical nutrition*. (2019).
- [427] Celli GB, et al. Gastroretentive system: proposed strategy to modulate anthocyanin release and absorption for the management of diabetes. *Drug delivery*;23(6):1892-901. (2016).
- [428] Wang, et al. Enterotype Bacteroides Is Associated with a High Risk in Patients with Diabetes: A Pilot Study. *Journal of Diabetes Research*. (2020).
- [429] Del Chierico, et al. Fecal microbiota signatures of insulin resistance, inflammation, and metabolic syndrome in youth with obesity: a pilot study. *Acta Diabetol* 58, 1009–1022 (2021).
- [430] Frost F, et al. A structured weight loss program decreases gut microbial phylogenetic diversity and reduces levels of *Collinsella* in obese type 2 diabetics: A pilot study. *PLoS ONE* 14(7): e0219489 (2019).
- [431] Nirmalkar K, et al. Gut Microbiota and Endothelial Dysfunction Markers in Obese Children and Adolescents. *Nutrients*. (2018).
- [432] Zhu Y, et al. Effects of oat β -glucan, oat resistant starch, and the whole oat flour on insulin resistance, inflammation, and gut microbiota in high-fat-diet-induced type 2 diabetic rats. *Journal of Functional Foods*. (2020).
- [433] Sánchez-Tapia M, et al. Consumption of Cooked Black Beans Stimulates the Growth of the Clostridia Class Bacteria Decreasing Inflammatory Response and Improving Insulin Sensitivity. *Nutrients*;12(4):1182 (2020).
- [434] Shih CT, et al. *Akkermansia muciniphila* is Negatively Correlated with Hemoglobin A1c in Refractory Diabetes. *Microorganisms*. (2020).
- [435] Kulkarni P, et al. Could dysbiosis of inflammatory and anti-inflammatory gut bacteria have an implication in the development of type 2 diabetes? A pilot investigation. *BMC Res Notes* 14, 52 (2021).
- [436] Almaguad, et al. Alterations of Gut Microbiota in Type 2 Diabetes Individuals and the Confounding Effect of Antidiabetic Agents. *Journal of Diabetes Research* (2020).
- [437] Cai, et al. Ethanol extract of propolis prevents high-fat diet-induced insulin resistance and obesity: association with modulation of gut microbiota in mice. *Food Res Int*;130:108939. (2020).
- [438] Zhang, et al. Decreased Abundance of *Akkermansia muciniphila* Leads to the Impaired Insulin Secretion and Glucose Homeostasis in Lean Type 2 Diabetes. 8, 2100536. (2021).
- [439] Maskarinec G, et al. The gut microbiome and type 2 diabetes status in the Multi-Ethnic cohort. *PLoS ONE* 16(6): e0238805. (2021).
- [440] Cinek O, et al. The bacteriome at the onset of type 1 diabetes: a study from four geographically distant African countries. *Diabetes Research and Clinical Practice*, vol. 144, pp. 51–62. (2018).
- [441] Higuchi, et al. Intestinal dysbiosis in autoimmune diabetes is correlated with poor glycemic control and increased interleukin-6: a pilot study. *Frontiers in Immunology*, vol. 9. (2018).
- [442] Huang, et al. Gut microbiota profiling in Han Chinese with type 1 diabetes. *Diabetes Research and Clinical Practice*, vol. 141, pp. 256–263 (2018).
- [443] Leiva-Geo, et al. Gut microbiota differs in composition and functionality between children with type 1 diabetes and MODY2 and healthy control subjects: a case-control study. *Diabetes Care*, vol. 41, no. 11, pp. 2385–2395 (2018).
- [444] Karlsson FH, et al. Gut metagenome in European women with normal, impaired and diabetic glucose control. *Nature* 498, 99 (2013).
- [445] Wang N, et al. Proteomics, metabolomics and metagenomics for type 2 diabetes and its complications. *Life Science* 1;212:194–203 (2017).
- [446] Kim YR, et al. Probiotics, prebiotics, synbiotics and insulin sensitivity. *Nutrition Research Reviews* : 1-17 (2017).
- [447] Lambeth SM, et al. Composition, Diversity and Abundance of Gut Microbiome in Prediabetes and Type 2 Diabetes. *Obesity*, 23(3): 1000-1005 (2015).
- [448] Qin J, et al. A metagenome-wide association study of gut microbiota in type 2 diabetes. *Nature* 490, 55 (2012).
- [449] Wu X, et al. Molecular Characterisation of the Faecal Microbiota in Patients with Type II Diabetes. *Curr Microbiol* 61, 69–78 (2010).
- [450] Huang N, et al. Genes and Gut Bacteria Involved in Luminal Butyrate Reduction Caused by Diet and Loperamide. *Genes (Basel)* 8(12):210 (2017).
- [451] Al-Otaibi FE, et al. Non-vertebral *Veillonella* species septicemia and osteomyelitis in a patient with diabetes: a case report and review of the literature. *J Med Case Rep*, 8:365 (2014).
- [452] Lippert K, et al. Gut microbiota dysbiosis associated with glucose metabolism disorders and the metabolic syndrome in older adults. *Front Microbes*. 8(4):545-556 (2017).
- [453] Zhang X, et al. Human Gut Microbiota Changes Reveal the Progression of Glucose Intolerance. *Plos One* 8, e71108 (2013).
- [454] Moreno-Indias I, et al. Insulin resistance is associated with specific gut microbiota in appendix samples from morbidly obese patients. *Am J Transl Res* 8, 5672–5684 (2016).
- [455] Chen W, et al. Review of Ginseng Anti-Diabetic Studies. *Molecules*;24(24) (2019).
- [456] Satija A, et al. Plant-Based Dietary Patterns and Incidence of Type 2 Diabetes in US Men and Women: Results from Three Prospective Cohort Studies. *PLoS Med*;13(6):e1002039 (2016).
- [457] Rózańska D, et al. The significance of anthocyanins in the prevention and treatment of type 2 diabetes. *Adv Clin Exp Med*;27(1):135-142 (2018).
- [458] Alpizar-Rodríguez D, et al. *Prevotella copE* in individuals at risk for rheumatoid arthritis. *Ann Rheum Dis*;78(5):590.(2019).
- [459] Boer CG, et al. Intestinal microbiome composition and its relation to joint pain and inflammation. *Nat Commun*;10(1):4881.(2019).
- [460] Volkman ER, et al. Systemic sclerosis is associated with specific alterations in gastrointestinal microbiota in two independent cohorts. *BMJ Open Gastroenterol*. Apr 1;4(1):e000134. (2017).
- [461] Wells PM, et al. Associations between gut microbiota and genetic risk for rheumatoid arthritis in the absence of disease: a cross-sectional study. *The Lancet Rheumatology*;2(7):e418-e27 (2020).
- [462] Gupta VK, et al. Gut Microbiome Predicts Clinically Important Improvement in Patients with Rheumatoid Arthritis. *medRxiv*;(2020).
- [463] Natalello G, et al. Gut microbiota analysis in systemic sclerosis according to disease characteristics and nutritional status. *Clinical and experimental rheumatology*;38 Suppl 125(3):73-84 (2020).
- [464] Mena-Vázquez N, et al. Expansion of Rare and Harmful Lineages is Associated with Established Rheumatoid Arthritis. *Journal of Clinical Medicine*;9(4). (2020).
- [465] Moen K, et al. Immunoglobulin G and A Antibody Responses to *Bacteroides forsythus* and *Prevotella intermedia* in Sera and Synovial Fluids of Arthritis Patients. *Clin Diagn Lab Immunol* 10, 1043–1050 (2003).
- [466] Kishikawa T, et al. Metagenome-wide association study of gut microbiome revealed novel aetiology of rheumatoid arthritis in the Japanese population. *Ann Rheum Dis*;79(1):103. (2020).
- [467] Molean MH, et al. Does the microbiota play a role in the pathogenesis of autoimmune diseases?. *Gut*, 64(2):332-41 (2015).

- [468] Chen J, et al. Dysbiosis of the gut microbiome is a risk factor for osteoarthritis in older female adults: a case control study. BMC Bioinformatics 22;299 (2021).
- [469] Henson, et al. Interrogation of the perturbed gut microbiota in gouty arthritis patients through in silico metabolic modeling. Eng. Life Sci. (2021).
- [470] Rooney C, et al. Investigating the role of the gut microbiome as a trigger for arthritis development in individuals at risk of rheumatoid arthritis. Microbiology Society (2020).
- [471] Yong W, et al. Associations of Changes in Serum Inflammatory Factors, MMP-3, 25(OH)D and Intestinal Flora with Osteoporosis and Disease Activity in Rheumatoid Arthritis Patients. Clinical Laboratory. Dec;66(12) (2020).
- [472] Boulygina, et al. Gut Microbiota in Rheumatoid Arthritis: Potential Bacterial Drivers and Protectors. medRxiv (2019).
- [473] Balekuduru, et al. Alterations in fecal microbiota in patients with inflammatory bowel disease and enteropathic arthropathy. 103-110 (2021).
- [474] Chiang, et al. An Association of Gut Microbiota with Different Phenotypes in Chinese Patients with Rheumatoid Arthritis. Journal of Clinical Medicine (2019).
- [475] Wang, et al. AB0824 ANALYSIS OF GUT MICROBIOTA IN RHEUMATOID ARTHRITIS PATIENTS. Annals of the Rheumatic Diseases 2021;80:1436.(2021).
- [476] Wei M, et al. High-Throughput Absolute Quantification Sequencing Revealed Osteoporosis-Related Gut Microbiota Alterations in Han Chinese Elderly. Front. Cell. Infect. Microbiol. 2021. 11:63037 (2021).
- [477] Picchianti-Diamanti A, et al. Analysis of Gut Microbiota in Rheumatoid Arthritis Patients: Disease-Related Dysbiosis and Modifications Induced by Etanercept. Int J Mol Sci.;19(10):2938 (2018).
- [478] Scher JU, et al. Expansion of intestinal Prevotella copri correlates with enhanced susceptibility to arthritis. Elife 2, e01202 (2013).
- [479] Pianta A, et al. Evidence of the Immune Relevance of Prevotella copri, a Gut Microbe, in Patients With Rheumatoid Arthritis. Arthritis Rheumatol 69, 964–975 (2017).
- [480] Horta-Baas G, et al. Intestinal dysbiosis and rheumatoid arthritis: a link between gut microbiota and the pathogenesis of rheumatoid arthritis. J Immunol Res. 2017;1–13 (2017).
- [481] Forbes JD, et al. A comparative study of the gut microbiota in immune-mediated inflammatory diseases—does a common dysbiosis exist?. Microbiome 6, 221 (2018).
- [482] Kimura Y, et al. Periodontal pathogens participate in synovitis in patients with rheumatoid arthritis in clinical remission: a retrospective case–control study. Rheumatology 54, 2257–2263 (2015).
- [483] Yeoh N, et al. The role of the microbiome in rheumatic diseases. Curr. Rheumatol. Rep. 15 (2013).
- [484] Liu Z, et al. Self-Balance of Intestinal Microbiota in Spouses of Patients With Rheumatoid Arthritis. Front Med (Lausanne).;7:538 (2020).
- [485] Hemshekhkar M, et al. A bioactive fraction of curcumin, in combination with vitamin-D- and omega-3-enriched diet, modifies disease onset and outcomes in a murine model of collagen-induced arthritis. Molecules Res 23, 39 (2021).
- [486] Aparicio-Soto M, et al. The phenolic fraction of extra virgin olive oil modulates the activation and the inflammatory response of T cells from patients with systemic lupus erythematosus and healthy donors. Nutrients 9, 103 (2017).
- [487] Hong, et al. Tunisian and European olive leaf extract suppresses Freund's complete adjuvant-induced rheumatoid arthritis and lipopolysaccharide-induced inflammatory responses. Journal of Ethnopharmacology, Volume 268, (2021).
- [488] Pianta, et al. Identification of Novel Immunogenic HLA-B*27:05–Prevotella copri Peptides in Patients with Rheumatoid Arthritis Patients with Rheumatoid Arthritis. (2021).
- [489] Bustamante MF, et al. Design of a anti-inflammatory diet (ITM diet) for patients with rheumatoid arthritis. Contemp Clin Trials Commun. (2020).
- [490] Campbell AW, et al. Autoimmunity and Microbiome in Autoimmune Diseases (2014).
- [491] Fernandez-Moreno M, et al. Mitochondrial DNA (mtDNA) haplogroups and serum levels of anti-oxidant enzymes in patients with osteoarthritis. BMC Musculoskelet Disord.;12: 264. (2011).
- [492] Felson DT, et al. Dietary fatty acids for the treatment of OA, including shoulder. Ann Rheum Dis 75:1–2 (2016).
- [493] Höfer S, et al. Praktische Diätetik. Wissenschaftsverlagsgesellschaft Stuttgart, XII (2018).