

Minta Azonosító

Mintavételezés

Elemzés

Anyag
Széklet

Laboratórium
Procomore

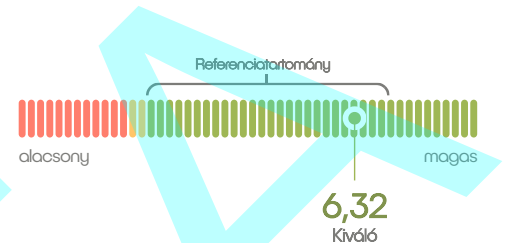
1. Mikrobiális egészség

Mikrobiális sokféleség

A bélbaktériumok általános változatossága nagyon jó! Ez egészséges bélmikrobiomra utal, amely optimálisan támogatja az Ön általános egészségét és jólétét.

Fajgazdagság: 390 (Referenciatartomány: 202-322)

Fajok egyenletessége: 0,73 (Referenciatartomány: 0,72-0,78)



További információk

A mikrobiális diverzitás a bélmikrobiom változatosságát írja le, és a fajgazdagságból és a fajok egyenletességéből áll. A sokféleség a legfontosabb paraméter a bélmikrobiom egészségének elemzéséhez. Azt méri, hogy hány különböző baktériumfaj (fajgazdagság) van jelen a bélben, és ezek mennyire egyenletesen oszlanak el az egyes fajok között (fajegyenletesség).

A magas diverzitású baktériumközösség tehát sok különböző fajból áll, és az egyedek egyenletesen oszlanak el.

A diverzitás kiszámítása a "Shannon-index" - a grafikonon látható szám - segítségével történik. Ez az index figyelembe veszi mind a fajgazdagságot, mind az egyenletességet (az egyedek eloszlását a fajok között). Minél magasabb az érték, annál jobb!

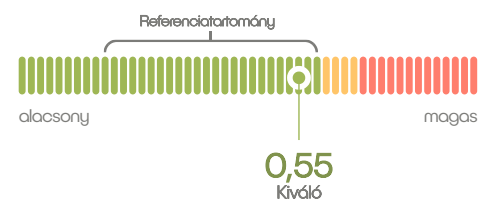
A kutatások azt mutatják, hogy az alacsony diverzitás összefüggésbe hozható többek között különböző egészségügyi problémákkal, mint a gyulladásos bélbetegségek, az elhízás, az anyagcserezavarok és az autoimmun betegségek."

Fajgazdagság: A székletmintában található különböző baktériumfajok számát jelzi. A magas érték magas fajgazdagságot jelez.

Fajegyenletesség: Arról ad információt, hogy mennyire kiegyensúlyozott a különböző baktériumtípusok gyakorisága a bélben. Az egyenletesebb eloszlás segít megelőzni néhány faj dominanciáját, így a mikrobiális közösség kevésbé lesz érzékeny a zavarokra vagy kedvezőtlen változásokra

Diszbiózis index

Az Ön bélmikrobiomja egyensúlyban van, nincs jele diszbiózisnak (= egyensúlyhiánynak).



További információk

A diszbiózis a bélmikrobiom egyensúlyhiányára utal, amikor a potenciálisan káros baktériumok száma meghaladja a hasznos baktériumokét. Ez az egyensúlyhiány különböző tényezők, többek között gyulladásos bélbetegségek következtében alakulhat ki. A diszbiózis index számszerűsíti ennek az egyensúlyhiánynak a súlyosságát, és hasznos lehet a mikrobiom változásainak nyomon követésében a kezelések vagy az étrend módosításai során.

Enterotípus

A 3. enterotípus ("Ruminococcus") kiegyensúlyozott és összetett szénhidrátokban, köztük rostokban gazdag étrendhez kapcsolódik.



Enterotípus 3: Ruminococcus

További információk

A bélmikrobiomot három domináns baktériumcsoportba sorolják, amelyek a korai életévekben az "alapmikrobiomot" alkotják, és amelyeket elsősorban genetikai tényezők és táplálkozási szokások befolyásolnak. Bizonyítékok vannak arra, hogy az enterotípusunk befolyásolhatja, hogy mely élelmiszereket tudunk különösen jól metabolizálni, és mennyire hatékony a vitamintermelés a bélben. A hosszú távú táplálkozási szokások, valamint az életkor, az egészségi állapot és a gyógyszerhasználat befolyásolhatja az enterotípusát.

Kérjük, vegye figyelembe, hogy ez a besorolás és az Ön eredménye csak tendenciát jelez, és az enterotípusok átfedhetik egymást.

Enterotípus 3

A 3-as enterotípust a Ruminococcus baktérium nemzetség túlsúlya jellemzi. Ez az enterotípus különösen gyakori a vegyes táplálkozású egyének körében. A Ruminococcus baktériumok gyorsan és hatékonyan bontják le az emészthetetlen táplálékkomponenseket, majd alakítják át azokat egészséget elősegítő anyagokká, például rövid szénláncú zsírsavakká. A Ruminococcus baktériumok több olyan enzimet termelnek, amelyek képesek az emészthetetlen szénhidrátokat, például a rostokat lebontani, majd energiává alakítani. Ezek a baktériumok azonban károsíthatják a bélnyálkahártyát is, mivel lebontják az ott található cukor-fehérje komplexeket.

Enterotípus 1

Az 1-es enterotípus ("Bacteroides") az állati eredetű élelmiszerekben gazdag étrendhez társul.

Enterotípus 2

A 2-es enterotípus ("Prevotella") a gyümölcsökben, zöldségekben, hüvelyesekben és teljes kiőrlésű gabonákban gazdag növényi étrendhez társul.

2. Bél-test kölcsönhatás

Bél-immun tengely

Úgy tűnik, hogy a bélbaktériumok összetétele jól támogatja az immunrendszert.

magas szintű támogatás az immunrendszer számára



További információk

A bél-immun tengely a bél és a szervezet immunrendszere közötti kapcsolatot és kölcsönhatást írja le. Az immunrendszer több mint 70%-a a bélben található, és az ott élő baktériumok támogatják. Bizonyos baktériumok aktiválják az immunsejteket vagy szabályozzák azok aktivitását, és gyulladáscsökkentő anyagokat, például rövid szénláncú zsírsavakat termelnek. A bélmikrobiom egészsége kulcsfontosságú az erős immunrendszer szempontjából.

A székletminta értékes betekintést nyújthat az immunrendszer erejébe és ellenálló képességébe.

Gyulladásos potenciál

A bélrendszered nem mutat gyulladásra utaló jeleket. Gyulladásos potenciálja alacsony.



Alacsony gyulladásos potenciál

Az Ön eredménye az LPS-termelés 4 metabolikus lépéséből áll:

- Az LPS cukor építőkövei
- Bővített LPS modulok
- Felszíni antigének
- Az LPS előkészítő szakasza

További információk

A bélrendszer gyulladásos potenciálját a **lipopoliszacharidok (LPS)** segítségével lehet kiszámítani. Az LPS olyan molekulák, amelyek bizonyos baktériumok sejtfalában fordulnak elő. A legújabb kutatások azt mutatják, hogy a bélmikrobiom összetétele (beleértve az LPS-termelő baktériumok típusait és mennyiségét) hogyan befolyásolja a bél immunrendszerét.

Egyes baktériumok a leírt anyagcsere-utakat használhatják az LPS előállítására. Ha túl sok LPS-termelő baktérium van a bélben, akkor a gyulladás lehetősége megnő.

Ezekon kívül a diszbiózis index és az immunerősség fontos paraméterek, amelyek befolyásolhatják a bél gyulladásos potenciálját.

Bél-bőr tengely

Úgy tűnik, hogy a bél mikrobiomja támogatja az egészséges bőrt.

alacsony hajlam a bőrbetegségekre



alacsony hajlam a pattanásokra



alacsony hajlam a neurodermítiszre



alacsony pikkelysömörre való hajlam



További információk

A bél-bőr tengely a bél mikrobiom és a bőr egészsége közötti kapcsolatot írja le. Az olyan bőrbetegségeket, mint az akne, a neurodermítisz és a pikkelysömör, gyakran a szervezetben kialakuló gyulladás okozza, amely aztán a bőr felszínén láthatóvá válik. A bélbaktériumok közvetlenül szabályozhatják az immunrendszert és a gyulladásos folyamatokat a szervezetben. Ezért a székletmintában található baktériumok elemzésével következtetéseket lehet levonni a bőr egészségére vonatkozóan.

Testsúly

Úgy tűnik, hogy a bélbaktériumai jól támogatják Önt a természetes testsúlyszabályozásban. Úgy tűnik, minden egyensúlyban van.

alacsony soványságra való hajlam



alacsony túlsúlyra való hajlam



További információk

A bélbaktériumok összetétele befolyásolja az anyagcsere különböző aspektusait, például a táplálékból történő energiatermelést. Számos tanulmány arra utal, hogy a bélbaktériumok szerepet játszanak a testsúly szabályozásában. Egyes baktériumok a sovány testalkattal hozhatók összefüggésbe, míg mások hozzájárulhatnak az elhízáshoz.

A bélrendszerünkben megtalálhatóak lehetnek mind az soványsággal, mind a túlsúlyossággal összefüggő baktériumtípusok.

A testsúlyszabályozásban fontos szerepet játszanak még a mikrobiális sokféleség és a baktériumok által termelt rövid szénláncú zsírsavak. Más fontos tényezők közé tartozik a mikrobiális sokféleség és a baktériumok által termelt rövid szénláncú zsírsavak.

3. Bélrendszeri egészség

Áteresztő bél szindróma

A bélbaktériumok összetétele egy esetleges áteresztő bél szindrómára utal. Ha emésztési problémáktól vagy tünetektől szenved, javasoljuk, hogy forduljon orvoshoz.

Nagyfokú hajlam az áteresztő bél szindrómára



További információk

Az áteresztő bél szindróma a bélnyálkahártya fokozott áteresztőképességét írja le. Ez szabályozza, hogy mely anyagok jutnak a bélből a véráramba. Ha a bélnyálkahártya károsodik, nem kívánt anyagok juthatnak be a szervezetbe és gyulladást válthatnak ki. Az ép bélnyálkahártya fenntartásához kulcsfontosságú az egészséges bélmikrobiom. A jótékony bélbaktériumok segítenek megerősíteni a bélgátat és csökkenteni a gyulladást. Egyrészt, hogy a nagyfokú változatosság elengedhetetlen az egészséges bélnyálkahártya fenntartásához.

Másrészt, ha a bélbaktériumok egyensúlya megbomlik, bizonyos baktériumok elszaporodhatnak, amelyek túlzottan lebontják a nyálkahártya sejtjeit, így a bélnyálkahártya "lyukas" lesz. Ez vezethet az áteresztő bél szindrómához. A károsodott bélnyálkahártya többek között a krónikus gyulladások, az ételintolerancia, az autoimmun betegségek, az irritábilis bél szindróma és a bőrbetegségek fokozott kockázatával jár együtt.

Irritábilis bél szindróma

Úgy tűnik, nincs kapcsolat a bélbaktériumai és az irritábilis bél szindróma között.

Alacsony hajlam az irritábilis bél szindrómára



További információk

Az irritábilis bél szindróma (IBS) egy gyakori gyomor-bélrendszeri rendellenesség, amelyet olyan tünetek jellemeznek, mint a hasmenés és/vagy székrekedés, puffadás és hasi fájdalom. Tanulmányok azt mutatják, hogy az érintett betegeknél gyakran kedvezőtlen a bélbaktériumok összetétele és alacsonyabb a változatossága, mint az IBS nélküli pácienseknél. Számos olyan ok létezik, amely irritábilis bél szindrómát válthat ki, vagy súlyosbíthatja a tüneteket. Úgy tűnik, hogy a pszichológiai tényezők, például a stressz, különösen fontos szerepet játszanak. Emellett az alutlápláltság, a tápanyaghiány, más betegségek, a toxinok, a gyomorsav hiánya, a gyógyszerek, a fertőzések és a bélmikrobiom egyensúlyának felborulása is a lehetséges kiváltó okok közé tartoznak.

SIBO

Az Ön bélmikrobiomja a vékonybélben lévő baktériumok esetleges túlszaporodását jelzi. Ha tüneteket tapasztal, javasoljuk, hogy forduljon orvoshoz.

Nagyfokú SIBO-ra való hajlam



További információk

A SIBO (kontaminált vékonybél szindróma) a baktériumok túlzott elszaporodására utal a vékonybélben. Jellemzően a vékonybélben sokkal kevesebb baktérium található, mint a vastagbélben. A SIBO esetében azonban a vastagbélből származó baktériumok fokozottan jelen vannak a vékonybélben. Ezt általában a lassabb emésztés vagy egy műtétet követő anatómiai változások váltják ki. A leggyakoribb tünetek a puffadás, de egyéb emésztési zavarok és tápanyaghiány (különösen B12-vitamin) is előfordulhat.

A kutatási eredmények azt mutatják, hogy a vékonybélben lévő baktériumok túlszaporodása a vastagbélben lévő baktériumok összetételére is hatással van. A székletminta ezért utalhat a SIBO esetleges jelenlétére. Ha az eredmény pozitív, fontolja meg az orvoshoz fordulást és H2 kilégzési teszt elvégzését

Gluténérzékenység

A bélmikrobiom összetétele lehetséges gluténérzékenységre utal. Ha emésztési problémáktól vagy tünetektől szenved, javasoljuk, hogy forduljon orvoshoz.

További információk

A gluténérzékenység olyan gluténre adott reakciót jelent, amely nem jár cöliákiával (autoimmun reakció) vagy búzaallergiával. A glutén olyan gabonafélékben, mint a búza, a tönkölybúza, a rozs és az árpa, megtalálható fehérje. Fogyasztása emésztési problémákhoz és olyan tünetekhez vezethet a gluténérzékenységben szenvedő egyéneknél, mint a krónikus fáradtság és fejfájás.

A tudományos vizsgálatok alapján ma már összefüggést lehet megállapítani a bél mikrobiom összetétele és a gluténérzékenység kialakulásának lehetősége között.

4. Baktériumlisták

F/B arány

Az Ön F/B aránya: 5,31

Referenciatartomány (%)

1,08 - 2,03

Baktérium	Előfordulás (%)	Referenciatartomány (%)
Bacteroidota	↓ 14,26	30,88 - 45,11
Firmicutes	↑ 75,74	48,28 - 63,47

Probiotikus baktériumok

Baktérium	Előfordulás (%)	Referenciatartomány (%)
Akkermansia muciniphila	0,15	0,00 - 1,56
Bifidobacterium	↑ 2,01	0,03 - 0,66
Bifidobacterium longum	↑ 1,09	0,00 - 0,36
Lactobacillus	0,00	0,00 - 0,01

Mucin-termelő baktériumok

Baktérium	Előfordulás (%)	Referenciatartomány (%)
Akkermansia muciniphila	0,15	0,00 - 1,56
Bacteroides fragilis	↑ 0,46	0,00 - 0,26
Bacteroides thetaiotaomicron	0,03	0,02 - 0,65
Bifidobacterium	↑ 2,01	0,03 - 0,66
Faecalibacterium prausnitzii	↓ 0,25	3,44 - 11,31
Lactobacillus	0,00	0,00 - 0,01

Butírá-t-termelő baktériumok

Baktérium	Előfordulás (%)	Referenciatartomány (%)
Anaerostipes	0,16	0,04 - 0,36
Coprococcus	↓ 0,03	0,06 - 1,90
Eubacterium hallii group	0,00	0,00 - 0,09
Faecalibacterium prausnitzii	↓ 0,25	3,44 - 11,31
Roseburia	0,00	0,00 - 0,16
Subdoligranulum	↑ 3,36	0,30 - 2,50

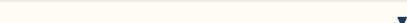
Szulfát-redukáló baktériumok

Baktérium	Előfordulás (%)	Referenciatartomány (%)
Bilophila	0,11	0,02 - 0,25
Bilophila wadsworthia	0,11	0,00 - 0,24
Desulfovibrio	0,00	0,00 - 0,23

Az összes baktérium áttekintése

Törzs	Genus	Előfordulás (%)	Referenciatartomány (%)
Actinobacteriota	Actinomyces	0,01	Nincs adat
Actinobacteriota	Adlercreutzia	0,01	Nincs adat
Verrucomicrobiota	Akkermansia	↑ 5,14	0,00 - 1,94
Bacteroidota	Alistipes	↑ 5,34	1,35 - 4,96
Firmicutes	Anaerococcus	0,04	Nincs adat
Firmicutes	Anaerofilum	↑ 0,03	0,00 - 0,01

Törzs	Genus	Előfordulás (%)	Referenciataromány (%)
Firmicutes	Anaerostipes	0,16	0,04 - 0,36
Firmicutes	Anaerotruncus	↑ 0,11	0,00 - 0,01
Bacteroidota	Bacteroides	↓ 3,69	11,89 - 31,62
Bacteroidota	Barnesiella	↓ 0,08	0,13 - 2,04
Actinobacteriota	Bifidobacterium	↑ 2,01	0,03 - 0,66
Desulfobacterota	Bilophila	0,11	0,02 - 0,25
Firmicutes	Blautia	0,01	0,00 - 0,16
Firmicutes	Butyricicoccus	0,30	0,11 - 0,47
Bacteroidota	Butyricimonas	0,17	0,00 - 0,22
Firmicutes	CAG-56	0,00	0,00 - 0,12
Firmicutes	Caldicoprobacter	0,02	Nincs adat
Campilobacterota	Campylobacter	0,03	Nincs adat
Firmicutes	Catabacter	0,01	Nincs adat
Firmicutes	CHKC1001	0,02	Nincs adat
Firmicutes	Christensenellaceae R-7 group	↑ 2,21	0,05 - 1,83
Firmicutes	Clostridium innocuum group	0,03	Nincs adat
Firmicutes	Clostridium sensu stricto 1	0,00	0,00 - 0,11
Firmicutes	Colidextribacter	↑ 1,05	0,05 - 0,19
Actinobacteriota	Collinsella	↑ 0,31	0,02 - 0,22
Bacteroidota	Coprobacter	0,00	0,00 - 0,24
Firmicutes	Coprococcus	↓ 0,03	0,06 - 1,90
Firmicutes	Defluviitaleaceae UCG-011	↑ 0,32	0,00 - 0,03
Desulfobacterota	Desulfovibrio	0,00	0,00 - 0,23
Firmicutes	Dialister	0,32	0,00 - 2,50
Firmicutes	Dielma	0,00	0,00 - 0,01
Firmicutes	DTU089	0,00	0,00 - 0,02
Actinobacteriota	Eggerthella	0,07	Nincs adat
Firmicutes	Eisenbergiella	↑ 0,50	0,00 - 0,02
Actinobacteriota	Enterorhabdus	0,00	0,00 - 0,01
Firmicutes	Erysipelatoclostridium	↑ 0,15	0,00 - 0,05

Törzs	Genus	Előfordulás (%)	Referenciataromány (%)
Firmicutes	Erysipelotrichaceae UCG-003	0,24 	0,03 - 0,33
Proteobacteria	Escherichia-Shigella	0,00 	0,00 - 0,07
Firmicutes	Eubacterium eligens group	0,43 	0,25 - 2,68
Firmicutes	Eubacterium fissicatena group	0,07 	Nincs adat
Firmicutes	Eubacterium hallii group	0,00 	0,00 - 0,09
Firmicutes	Eubacterium nodatum group	↑ 0,07 	0,00 - 0,02
Firmicutes	Eubacterium oxidoreducens group	↑ 0,11 	0,00 - 0,05
Firmicutes	Eubacterium ruminantium group	0,00 	0,00 - 0,13
Firmicutes	Eubacterium siraeum group	0,86 	0,01 - 1,49
Firmicutes	Eubacterium ventriosum group	0,13 	0,01 - 0,15
Firmicutes	Eubacterium xylanophilum group	0,10 	0,00 - 0,37
Firmicutes	Faecalibacterium	↓ 0,51 	6,02 - 15,78
Firmicutes	Family XIII AD3011 group	↑ 1,15 	0,00 - 0,08
Firmicutes	Family XIII UCG-001	0,02 	0,00 - 0,03
Firmicutes	Fenollaria	0,07 	Nincs adat
Firmicutes	Flavonifractor	↑ 0,73 	0,00 - 0,06
Firmicutes	Fournierella	0,00 	0,00 - 0,01
Firmicutes	Frisingicoccus	2,02 	Nincs adat
Firmicutes	GCA-900066575	0,07 	0,01 - 0,08
Actinobacteriota	Gordonibacter	0,01 	Nincs adat
Proteobacteria	Haemophilus	0,00 	0,00 - 0,12
Firmicutes	Holdemanella	0,00 	0,00 - 0,09
Firmicutes	Holdemania	0,00 	0,00 - 0,05
Firmicutes	Howardella	0,31 	Nincs adat
Firmicutes	Hydrogenoanaerobacterium	↑ 0,05 	0,00 - 0,01
Firmicutes	Intestinibacter	↑ 0,11 	0,00 - 0,03
Firmicutes	Intestinimonas	↑ 0,81 	0,00 - 0,06
Firmicutes	Lachnoclostridium	0,42 	0,15 - 0,82
Firmicutes	Lachnospira	↓ 0,00 	0,35 - 2,63
Firmicutes	Lachnospiraceae FCS020 group	↓ 0,00 	0,03 - 0,37

Törzs	Genus	Előfordulás (%)	Referenciataromány (%)
Firmicutes	Lachnospiraceae FE2018 group	0,08	Nincs adat
Firmicutes	Lachnospiraceae NC2004 group	0,11	0,02 – 1,00
Firmicutes	Lachnospiraceae ND3007 group	↓ 0,00	0,24 – 2,58
Firmicutes	Lachnospiraceae NK4A136 group	0,00	0,00 – 0,28
Firmicutes	Lachnospiraceae UCG-001	0,18	0,02 – 0,51
Firmicutes	Lachnospiraceae UCG-004	0,03	0,00 – 0,29
Firmicutes	Lachnospiraceae UCG-008	0,00	0,00 – 0,05
Firmicutes	Lachnospiraceae UCG-010	↓ 0,01	0,03 – 0,27
Firmicutes	Lactobacillus	0,00	0,00 – 0,01
Firmicutes	Lactococcus	0,00	0,00 – 0,01
Actinobacteriota	Lawsonella	0,01	Nincs adat
Firmicutes	Leuconostoc	0,02	Nincs adat
Firmicutes	Marvinbryantia	0,01	0,00 – 0,02
Firmicutes	Merdibacter	↑ 0,03	0,00 – 0,01
Firmicutes	Monoglobus	↓ 0,03	0,07 – 0,37
Firmicutes	Moryella	0,00	0,00 – 0,05
Firmicutes	Negativibacillus	↑ 0,91	0,00 – 0,08
Firmicutes	NK4A214 group	0,05	0,00 – 0,95
Bacteroidota	Odoribacter	↑ 3,40	0,11 – 0,41
Firmicutes	Oscillibacter	↑ 0,67	0,03 – 0,31
Firmicutes	Oscillospira	0,03	0,00 – 0,11
Proteobacteria	Oxalobacter	0,01	0,00 – 0,03
Firmicutes	Paludicola	0,04	Nincs adat
Firmicutes	Papillibacter	0,01	Nincs adat
Bacteroidota	Parabacteroides	1,37	0,94 – 3,59
Bacteroidota	Paraprevotella	0,04	0,00 – 0,36
Proteobacteria	Parasutterella	0,25	0,01 – 0,80
Firmicutes	Parvimonas	0,04	Nincs adat
Firmicutes	Peptococcus	0,00	0,00 – 0,03
Firmicutes	Peptoniphilus	0,06	Nincs adat

Törzs	Genus	Előfordulás (%)	Referenciataromány (%)
Firmicutes	Phascolarctobacterium	0,02 ▼	0,00 – 2,07
Firmicutes	Phoceia	0,00 ▼	0,00 – 0,01
Bacteroidota	Porphyromonas	0,03 ▼	Nincs adat
Bacteroidota	Prevotella	0,00 ▼	0,00 – 11,55
Firmicutes	Pseudoflavonifractor	0,00 ▼	0,00 – 0,01
Firmicutes	Romboutsia	0,00 ▼	0,00 – 0,01
Firmicutes	Roseburia	0,00 ▼	0,00 – 0,16
Firmicutes	Ruminiclostridium	0,14 ▼	Nincs adat
Firmicutes	Ruminococcus	↑ 8,72	0,15 – 1,95
Firmicutes	Ruminococcus torques group	0,11 ▼	0,00 – 0,11
Firmicutes	S5-A14a	0,04 ▼	Nincs adat
Firmicutes	Sellimonas	0,08 ▼	Nincs adat
Actinobacteriota	Senegalimassilia	0,00 ▼	0,00 – 0,02
Firmicutes	Shuttleworthia	0,08 ▼	Nincs adat
Actinobacteriota	Slackia	0,00 ▼	0,00 – 0,02
Firmicutes	Solobacterium	0,02 ▼	Nincs adat
Firmicutes	Streptococcus	0,08 ▼	0,03 – 0,31
Firmicutes	Subdoligranulum	↑ 3,36	0,30 – 2,50
Proteobacteria	Sutterella	↓ 0,01	0,02 – 2,45
Firmicutes	Terrisporobacter	0,00 ▼	0,00 – 0,02
Patescibacteria	TM7x	0,00 ▼	0,00 – 0,03
Firmicutes	Turicibacter	0,00 ▼	0,00 – 0,06
Firmicutes	Tyzzereella	0,00 ▼	0,00 – 0,11
Firmicutes	UBA1819	↑ 0,48	0,00 – 0,05
Firmicutes	UCG-002	↑ 2,97	0,03 – 0,63
Firmicutes	UCG-003	0,00 ▼	0,00 – 0,18
Firmicutes	UCG-005	↑ 1,16	0,02 – 0,54
Firmicutes	UCG-009	0,00 ▼	0,00 – 0,01
Firmicutes	V9D2013 group	0,01 ▼	Nincs adat
Firmicutes	Veillonella	0,00 ▼	0,00 – 0,15

Törzs	Genus	Előfordulás (%)	Referenciatartomány (%)
Verrucomicrobiota	Victivallis	↑ 0,49	0,00 - 0,24

5. Ajánlások

Mikrobiális egészség

Fűszerek és gyógynövények használata

A fűszerek és gyógynövények beépítése az étrendbe ízletes kiegészítéseket adhat az ételekhez, valamint egészségügyi előnyöket biztosíthat a bélmikrobiom számára. Számos fűszer gyulladáscsökkentő tulajdonságokkal rendelkezik, és támogatja az emésztést, segítve az egészséges bélkörnyezet kialakítását. A fűszernövények és fűszerek rendszeres használatával fokozhatja ételeinek ízét, miközben egyúttal elősegítheti a bélrendszer egészségét. A különböző ízekkel való kísérletezéssel izgalmas és élvezetes maradhat az étkezés.

Kezdje el használni a különböző fűszereket és fűszereket a főzésben:

- **Kurkuma:** Gyulladáscsökkentő hatása miatt adjuk levesekhez, pörkölttekhez, rizshez vagy turmixokhoz.
- **Gyömbér:** Használjon friss vagy porított gyömbért teákhoz, kevergetős ételekhez vagy pácokhoz.
- **Fahéj:** Szórjon őrölt fahéjat zabpehelyre, palacsintára vagy pékáura az íz és az egészség érdekében.
- **Friss gyógynövények:** Bazsalikom, oregánó és rozsmaring térszámításokban vagy sült zöldséges ételekben az íz és a tápanyagok érdekében.

Fermentált élelmiszerek bevezetése

A különféle erjesztett élelmiszerek étrendjébe való beiktatása nagymértékben javíthatja a bélmikrobiomot azáltal, hogy élő, jótékony baktériumokat, úgynevezett probiotikumokat biztosít. Ezek az élelmiszerek döntő szerepet játszanak az egészséges bélflóra helyreállításában és fenntartásában. Az erjesztett élelmiszerek javíthatják az emésztést, erősíthetik az immunrendszert, és segíthetnek enyhíteni bizonyos emésztési problémákat. Segíthetnek továbbá fenntartani a jó baktériumok egyensúlyát, ami kritikus fontosságú az általános bélrendszeri egészség fokozásában. Törekedjen arra, hogy ezeket az ételeket legalább hetente háromszor fogyassza, hogy maximalizálja a mikrobiomjára gyakorolt előnyöket.

Ügyeljen arra, hogy rendszeresen fogyasszon erjesztett ételeket:

- **(Növényi alapú) joghurt és kefir:** Élvezze őket reggelire vagy uzsonnára, és ideális esetben válasszon élő aktív kultúrákat tartalmazó termékeket.
- **Savanyú káposzta és kimchi:** A savanyú káposzta: Használja őket ételek mellé köretként vagy feltétként, hogy ízeket és probiotikumokat adjon hozzá. Legyen óvatos, ha allergiás a halra. A kimchit gyakran halszósszal ízesítik. Jobb, ha a kimchi vegán változatát választja.
- **Kombucha:** Igya ezt az erjesztett teát frissítő italként.
- **Miso:** Használja levesekben vagy salátaöntetekben, hogy az ételeket probiotikus előnyökkel gazdagítsa. A miso hagyományosan szójababból készül, de léteznek csicseriborsóból, árpából vagy rizsből készült változatok is.

Enterotípus 3 - Ruminococcus domináns

A 3-as enterotípus vegyes étrendhez társul, amely állati és növényi eredetű élelmiszereket egyaránt tartalmaz. A Ruminococcus fajok hatékonyan bontják le a rezisztens keményítőt, így ezeknek a keményítőknak a beépítése jótékony hatással van a bélrendszer egészségére. A növényi és állati fehérjéket kombináló, jól összeállított étrend kulcsfontosságú ennek az enterotípusnak a támogatásához.

Erősítse mikrobiomját rezisztens keményítő és változatos fehérjeforrások beépítésével:

- **Rezisztens keményítő:** Vegyen rendszeresen étkezéseibe hűtött burgonyát, rizst és hüvelyeseket. Rezisztens keményítő található a kesudióban, a nyers zabban és a kissé érett banánban is.
- **Kombinálja a növényi alapú fehérjéket:** Keverje és kombinálja a fehérjéket az optimális fehérjefelhasználás érdekében. Például: Bob csemegekukoricával, lencsedal barna rizzsel, humusz teljes kiőrlésű kenyérrel.
- **Egészséges zsírok és hidratálás:** Fogyasszon jótékony zsírokat, például olívaolajat, szezámmagot és avokádót. Igyon sok vizet, hogy megelőzze a székrekedést, ami gyakori probléma ennél az enterotípusnál.

Csicseriborsó és spenót keverve sütve

Hozzávalók:

- 1 doboz csicseriborsó, lecsepegtetve
- 2 csésze friss spenót
- 1 hagyma, felszeletelve
- 2 gerezd fokhagyma, apróra vágva
- 1 evőkanál olívaolaj
- 1 teáskanál őrölt kömény
- Só és bors ízlés szerint
- Citromszeletek a tálaláshoz

Elkészítés:

- Melegítsünk olívaolajat egy serpenyőben közepes lángon.
- Adja hozzá a felszeletelt hagymát és a felaprított fokhagymát, és főzze, amíg áttetszővé válik.
- Keverjük bele a csicseriborsót és az őrölt köményt, és főzzük még 5 percig.
- Adjuk hozzá a friss spenótot, és főzzük, amíg éppen csak megfőnyad.
- Sóval és borssal fűszerezzük, majd citromszeletekkel tálaljuk.

Gyors, fehérjében gazdag étel az éhség csillapítására, miközben támogatja az egészséges bélrendszert.

Bél-test kölcsönhatás

Maradjon hidratált

A megfelelő folyadékbevitel létfontosságú az egészséges emésztőrendszerhez. Az elegendő vízfogyasztás támogatja a szervezet természetes folyamatait, beleértve az emésztést és a tápanyagok felszívódását. A megfelelő hidratálás segíti a széklet lágyítását, a székrekedés megelőzését és a mérgezőanyagok kiöblítését a szervezetből. A megfelelő folyadékpótlás biztosítása javíthatja a bélmozgékonyoságot és fokozhatja az emésztési funkciók általános hatékonyságát, segítve a mikrobiom virágzását.

Biztosítsa a megfelelő folyadékpótlást:

- **Víz:** Törekedjünk arra, hogy a nap folyamán legalább 8 pohár vizet igyunk.
- **Gyógynövényteák:** A gyógyteák, mint például a kamilla vagy a borsmenta, további egészségügyi előnyöket kínálnak.
- **Levesek:** Élvezze a zöldségekkel teli, húsleves alapú leveseket, amelyek hidratálnak és tápanyagokat tartalmaznak.
- **Gyümölcsök és zöldségek:** Nassoljon vízben gazdag gyümölcsöket és zöldségeket, például görögdiányt vagy uborkát.

Megfelelő fehérjebevitel

A fehérjék segítenek fenntartani az egészséges bélgyótat és erősítik az immunrendszert.

Törekedj arra, hogy a fehérje a tányerod körülbelül negyedét tegye ki:

- **Fehérjeforrások:** A fehérjefajták: Vegyen be az étkezésébe halat, sovány húst, tofut, tempeh-t, hüvelyeseket és tojást.
- **Rostbevitel:** Az elégtelen rostbevitel fehérjefogyasztás esetén székrekedést okozhat.

Növelje a rostbevitelt

A sok rostot tartalmazó étrend elengedhetetlen a változatos és virágzó bélmikrobiom támogatásához. A rostok prebiotikumként működnek, és táplálják a bélben lévő jótékony baktériumokat. Ez jobb emésztéshez, a tápanyagok jobb felszívódásához és az emésztési zavarok csökkenéséhez vezethet. A rostban gazdag étrend alacsonyabb koleszterinszinttel, testsúlyszabályozással és általános bélrendszeri egészséggel jár együtt, mivel a széklet lágyításával és tömegnövelésével elősegíti a rendszeres bélmozgást. A változatos rostforrások biztosítása nemcsak a bélrendszer egészségét segíti elő, hanem segít megelőzni a székrekedést és támogatja a hasznos bélbaktériumok növekedését.

Törekedjen arra, hogy naponta többféle rostban gazdag ételmezsert fogyasszon:

- **Teljes kiőrlésű gabonafélék:** A barna rizs, a quinoa és a zab beépítése az étkezésbe.
- **Hüvelyesek:** A lencse, csicseriborsó és bab hozzáadása salátákhoz, levesekhez és pörköltökhöz.
- **Gyümölcsök:** Nassoljon almát, bogyós gyümölcsöket és banánt a nap folyamán.
- **Zöldségek:** A brokkolit, sárgarépat és kelbimbót tegye bele az ételbe.

🏠 Áfonya chia mag puding

Hozzávalók:

- 1/4 csésze chia mag
- 1 csésze mandulatej
- 1 evőkanál méz
- 1/2 csésze friss áfonya
- 1 teáskanál vanília kivonat

Elkészítés:

1. Egy tálban keverjük össze a chia magokat, a mandulatejet, a mézet és a vaníliakivonatot.
2. Keverje jól össze, és hagyja állni egy éjszakán át a hűtőszekrényben.
3. Tálalás előtt hintse meg friss áfonyával.

Ez a krémes puding könnyű és tápláló desszertet kínál, amely támogatja a bélrendszer egészségét.

Bélrendszeri egészség

Pseudograins használata

Az olyan álgabonák, mint a quinoa, az amarant, a chia mag, a köles, a teff és a hajdina mind gluténmentesek, és sokoldalú, tápanyagban gazdag alternatívát kínálnak a hagyományos gabonák helyett, rostban gazdag lehetőséget biztosítva a glutént kerülők számára.

Fedezze fel, hogyan lehet az álgabonákat különböző módon beépíteni az étkezéseibe:

- Próbálja ki a chia magokat pudingokban, chia lekvárban, vagy egyszerűen vízben elkeverve a rostok növelésére.
- Készítsen kölest reggeli kásaként, köretként vagy zöldségpogácsában.
- Használja a teffet zabkásaként, salátákhoz, vagy lisztként gluténmentes kenyérhez.
- A hajdinát beépítheti a sushi-ba, a házi müzlibe vagy palacsinta- és süteménylisztként.

Gluténmentes teljes kiőrlésű gabonafélék

Megpróbálhatja kizárni a glutént, mivel az kellemetlenségeket és gyulladást válthat ki. Ha gluténmentes teljes kiőrlésű gabonafélékre váltasz, a szervezeted számára létfontosságú tápanyagokat és rostokat biztosíthatsz, amelyek támogatják az egészséges bélmikrobiomot. Ez segít elkerülni a negatív tüneteket, miközben elősegíti a jó baktériumok növekedését. A gluténmentes teljes kiőrlésű gabonafélék sokféleségének beiktatása az étrendbe elősegítheti a változatos bélflóra kialakulását, ami kulcsfontosságú az optimális emésztéshez és az immunrendszer működéséhez.

Rendszeresen építsen be gluténmentes teljes kiőrlésű gabonaféléket az étkezéseibe.

- Quinoa: Használja saláták vagy tálak alapanyagaként.
- Barna rizs: Rízs: Élvezze köretként vagy kevergetve.
- Hajdina: Készítsen zabkását vagy palacsintát reggelire.
- Gluténmentes zab: Használja turmixokhoz vagy pékárukhoz.

Low-FODMAP diéta

Az alacsony FODMAP-értékű étrend egy terápiás megközelítés, amely az erjeszthető szénhidrátok csökkentésével segít kezelni a vékonybél-baktériumok túlszaporodásának (SIBO) tüneteit. Ez a diéta három kulcsfontosságú fázist tartalmaz: elimináció, újbóli bevezetés és személyre szabás, amelyek mindegyike döntő fontosságú az ételek kiváltó okainak azonosítása és a hosszú távú bélrendszeri egészség kezelése szempontjából. Az alacsony FODMAP-értékű diétát csak a tünetek fennállása esetén, orvosi diagnózis után és szakképzett táplálkozási szakember vagy dietetikus irányításával szabad követni. Megfelelő felügyelet nélkül az alacsony FODMAP-értékű étrend követése tápanyaghiányhoz és alultápláltsághoz vezethet.

Kövessen az alacsony FODMAP-értékű étrend három fázisát a SIBO-tünetek kezelése érdekében:

- **Eliminációs fázis:** A magas FODMAP-tartalmú élelmiszerek, mint a búza, a hagyma, a tejtermékek és bizonyos gyümölcsök (alma, körte) 4-6 hétig történő elhagyása.
- **Visszatelepítési szakasz:** A magas FODMAP-tartalmú élelmiszerek, például a búza vagy az alma fokozatos visszaállítása egyenként, hogy meghatározzuk a toleranciaszintet.
- **Személyre szabási fázis:** A jól tolerált élelmiszerek beépítésével, a tüneteket kiváltó élelmiszerek elkerülése vagy csökkentése mellett.
- **Szakmai támogatás:** Biztosítsa, hogy minden fázist dietetikus vagy egészségügyi szakember irányításával végezzen el az eredmények optimalizálása és a tápanyaghiány megelőzése érdekében.

Bogyós quinoa reggeli tál

Hozzávalók:

1 csésze főtt quinoa
1/2 csésze vegyes bogyós gyümölcsök (áfonya, eper)
1 evőkanál chia mag
1/2 csésze növényi tej
1 teáskanál méz (vagy datolyaszirup, juharszirup vegánoknak)
1/4 csésze dió, apróra vágva

Elkészítés:

1. Főzzük meg a quinoát a csomagolás utasításai szerint, és hagyjuk kihűlni.
2. Egy tálban keverje össze a quinoát a növényi tejjel és a mézzel vagy juharsziruppal.
3. A tetejére vegyes bogyós gyümölcsöket, chia magot és apróra vágott diót teszünk.

Ez a tápláló tál tele van rostokkal, antioxidánsokkal és omega-3 zsírsavakkal, ideális a nap egészséges indításához.

Összefoglaló

Íme egy rövid leírás arról, hogyan növelheti bél egészségét:

- **Fogyassz gyógynövényeket és fűszereket:** A fűszerek és gyógynövények étrendjébe való beiktatása ízletes kiegészítéseket adhat az ételekhez, valamint egészségügyi előnyöket biztosíthat a bélmikrobiom számára. Számos fűszer gyulladáscsökkentő tulajdonságokkal rendelkezik, és támogatja az emésztést, segítve az egészséges bélkörnyezet kialakítását.
- **Iktass be fermentált élelmiszereket:** A különféle erjesztett élelmiszerek étrendjébe való beiktatása nagymértékben javíthatja a bélmikrobiomot azáltal, hogy élő, jótékony baktériumokat, úgynevezett probiotikumokat biztosít. Ezek az élelmiszerek döntő szerepet játszanak az egészséges bélflóra helyreállításában és fenntartásában. Törekedjen arra, hogy ezeket az ételeket legalább hetente háromszor fogyassza.
- **Részesítsd előnyben a rezisztens keményítőt:** A Ruminococcus fajok, amelyek a 3-as enterotípusod részét képezik, hatékonyan bontják le a rezisztens keményítőt, így ezeknek a keményítőknek a beépítése jótékony hatással van a bélrendszer egészségére. A növényi és állati fehérjéket kombináló, jól összeállított étrend kulcsfontosságú ennek az enterotípusnak a támogatásához.
- **Válassz gluténmentes gabonaféléket:** Megpróbálhatod kizárni a glutént, mivel az kellemetlenségeket és gyulladást válthat ki. Az olyan álgabonák, mint a quinoa, az amarant, a chia mag, a köles, a teff és a hajdina mind gluténmentesek, és sokoldalú, tápanyagban gazdag alternatívát kínálnak a hagyományos gabonák helyett, rostban gazdag lehetőséget biztosítva.
- **Fontold meg az alacsony FODMAP-tartalmú étrendet:** Az alacsony FODMAP-értékű étrend egy terápiás megközelítés, amely az erjeszthető szénhidrátok csökkentésével segít kezelni a vékonybél-baktériumok túlszaporodásának (SIBO) tüneteit. Ezt a diétát csak tünetek esetén, orvosi diagnózis után és szakképzett táplálkozási szakember vagy dietetikus irányításával szabad követni.
- **Maradj hidratált:** A megfelelő folyadékbevitel létfontosságú az egészséges emésztőrendszerhez. Az elegendő vízfogyasztás támogatja a szervezet természetes folyamatait, beleértve az emésztést és a tápanyagok felszívódását. A megfelelő hidratálás segíti a széklet lágyítását, a székrekedés megelőzését és a mérgeanyagok kiöblítését a szervezetből.
- **Biztosítsd a megfelelő fehérjebevitelt:** A fehérjék segítenek fenntartani az egészséges bélgátat és erősítik az immunrendszert. A megfelelő fehérjebevitel az általános egészség és a felépülés szempontjából is kulcsfontosságú, különösen az emésztési problémák kezelésekor.

- **Növelj a rostbevittelt:** A sok rostot tartalmazó étrend elengedhetetlen a változatos és virágzó bélmikrobiom támogatásához. A rostok prebiotikumként működnek, és táplálják a bélben lévő jótékony baktériumokat. A változatos rostforrások biztosítása nemcsak a bélrendszer egészségét segíti elő, hanem segít megelőzni a székrekedést és támogatja a hasznos bélbaktériumok növekedését.

Javasoljuk, hogy olyan termékeket szedjen, amelyek kombinációt tartalmaznak *Bacillus clausii*, *Bacillus subtilis*, *Bifidobacterium adolescentis*, *Bifidobacterium animalis*, *Bifidobacterium bifidus*, *Bifidobacterium breve*, *Bifidobacterium infantis*, *Bifidobacterium longum*, *Lactobacillus acidophilus*, *Lactobacillus crispatus*, *Lactobacillus fermentum*, *Lactobacillus gasseri*, *Lactobacillus lactis*, *Lactobacillus paracasei*, *Lactobacillus plantarum*, *Lactobacillus reuteri*, *Lactobacillus rhamnosus*, *Lactobacillus salivarius*, *Lactococcus lactis*, *Leuconostoc mesenteroides*, *Pediococcus acidolactici*, *Pediococcus pentosaceus*, *Saccharomyces boulardii*, *Streptococcus thermophilus*. Például a Mikrobiom-24 elérhető a gyógyszerüzletekben.

A Mikrobiom-24 készítmény különösen előnyös a jótékony baktériumok átfogó keveréke miatt. Tartalmaz *Bifidobacterium longum*-ot, amely kulcsfontosságú a vékonybél bakteriális túlnövekedésével (SIBO), a szivárgó bél szindrómával, a fizikai rosszulléttel, a mentális betegségekkel, a zsírmájjal, a magas vérnyomással, a cukorbetegséggel és a pajzsmirigy túlműködéssel kapcsolatos problémák kezelésében. A *Lactobacillus acidophilus* jelenléte tovább támogatja a bélrendszer egészségét azáltal, hogy elősegíti a kiegyensúlyozott mikrobiomot. A *Bifidobacterium infantis* és *Bifidobacterium breve* is szerepel, amelyekről ismert, hogy pozitívan hozzájárulnak a mentális jóléthez és a bélrendszeri barrier integritásához, közvetlenül támogatva a mentális betegség és a szivárgó bél problémáinak javulását. Ez a széles törzsspektrum erős jelölt a bélrendszer holisztikus egészségének javítására több érintett területen is.

Javasoljuk, hogy olyan termékeket szedjen, amelyek kombinációt tartalmaznak *Bifidobacterium animalis*, *Bifidobacterium bifidus*, *Bifidobacterium longum*, *Lactobacillus acidophilus*, *Lactobacillus brevis*, *Lactobacillus bulgaris*, *Lactobacillus casei*, *Lactobacillus gasseri*, *Lactobacillus paracasei*, *Lactobacillus plantarum*, *Lactobacillus rhamnosus*, *Lactobacillus salivarius*, *Streptococcus thermophilus*. Például a NST Ulti Prob-14 elérhető a gyógyszerüzletekben.

Az NST Ulti Prob-14 törzsek robusztus kombinációját kínálja, amelyek közvetlenül számos bélrendszeri problémájára hatnak. Tartalmaz *Bifidobacterium longum*-ot, amely rendkívül releváns olyan állapotok esetén, mint a SIBO, szivárgó bél, mentális betegség, zsírmáj, magas vérnyomás, cukorbetegség és pajzsmirigy túlműködés. A *Lactobacillus acidophilus*, *Lactobacillus casei* és *Lactobacillus plantarum* jelenléte előnyös az egészséges mikrobiális egyensúly elősegítésére, ami elengedhetetlen, figyelembe véve a kompromittált fizikai egészségét és a mentális betegségekre való hajlamát. Ezek a törzsek szinergikusan működnek, támogatva a bélrendszeri barrier funkciót és javítva az általános emésztési jólétet, hozzájárulva a fizikai rosszulléthez és a szivárgó bél problémáinak javulásához.

6. Rólunk

Az Endomedix Kft.-ről

A bél mikrobiom 95%-ban bélbaktériumokból áll. Ezek a baktériumok döntő szerepet játszanak abban, hogy hogyan érzi magát, és abban is, hogy mennyire egészséges. Születésedtől kezdve edzik az immunrendszeredet, és alapvetően befolyásolják számos súlyos betegség kialakulását, mint például az irritábilis bél szindróma, a szivárgó bél szindróma, a cukorbetegség, az elhízás, a Parkinson-kór és még a vastagbélrák is.

A **Endomedix Ltd.** mikrobiom elemzés a **Precision Health Science** életmód termékét jelenti, amely a legmodernebb technológiákat, intelligens algoritmusokat és a legújabb tudományos publikációkat használja a **Endomedix Ltd.** mikrobiom jelentés elkészítéséhez. A **Precision Health Science** rendelkezik az ISO 15189:2012 akkreditációval a laboratóriumi minőségi szabványok tekintetében. Az **Endomedix Ltd.** elemzést egy elismert európai orvostechnikai vállalat végzi, amely világszerte az egyetlen kettős ISO 13485 és ISO 9001 szerinti tanúsítvánnyal rendelkező termékkel rendelkezik a mikrobiom területén. Ez kulcsfontosságú és az elemzés minőségét jelzi. A termék biztonságának biztosítása érdekében az európai medtech vállalat olyan minőségirányítási rendszerrel rendelkezik, amely megfelel a vonatkozó követelményeknek, és optimalizálja a folyamatokat, hogy a kockázatokat és hibákat a lehető legjobban elkerülje vagy minimalizálja. Az ISO 13485 szabályozza az orvostechnikai eszközök gyártóinak minőségirányítási rendszereire vonatkozó követelményeket, így biztosítva az orvostechnikai eszközök fejlesztésének, gyártásának és forgalmazásának magas színvonalát. Az ISO 9001 azt is biztosítja, hogy a termékeken folyamatos fejlesztéseket végezzenek, és intézkedéseket hozzanak a termék védelmére.

Az **Endomedix Ltd.** elemzés innovációját az újgenerációs DNS-szekvenálás (NGS) és a mikrobiom és az emberi szervezet kölcsönhatásairól szóló, egyre bővülő tudásbázis egyedülálló kombinációja jelenti.

Módszerek és korlátozások

Az Endobiom mikrobiom-elemzéshez a székletmintából bakteriális DNS-t vonnak ki, amelyet polimeráz láncreakcióval (PCR) felerősítenek a minden baktériumban jelen lévő készítő génre (16S), majd újgenerációs DNS-szekvenálással (NGS) elemezznek. Az NGS az egyes DNS-bázispárok pontos szekvenciájának meghatározására szolgáló módszer. Az Endomedix elemzi a bélbaktériumok egyedi DNS-bázispárjait, lehetővé téve a tenyésztendő és nem tenyésztendő 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 osztályozás utáni értelmezése az Endomedix feladata. A vállalat így biztosítja az eljárási lépések hitelesítését, ami alapvetően szükséges a mikrobiom vizsgálatok elvégzéséhez és a jövőbeli tesztekkel való összehasonlításához.

📞 Kérjük, vegye figyelembe

Hivatkozások

- [1] Human Microbiome Project Consortium. A framework for human gut microbiota. *Nature*. 2012.
- [2] Human Microbiome Project Consortium. Structure, function and diversity of the healthy human microbiome. *Nature*. 2012.
- [3] Lozupone CA, et al. Diversity, stability and resilience of the human gut microbiota. *Nature*. 2012.
- [4] Yatsunenko T, et al. Human gut microbiome viewed across age and geography. *Nature*. 2012.
- [5] Langille MG, et al. Predictive functional profiling of microbial communities using 16S rRNA marker gene sequences. *Nat Biotechnol*. 2013.
- [6] Ranjan R, et al. Multiomic strategies reveal diversity and important functional aspects of human gut microbiome. *Biomed Res Int*. 2018.
- [7] King CH, et al. Baseline human gut microbiota profile in healthy people and standard reporting template. *PLoS ONE*. 2019.
- [8] Martínez-Guirín M, et al. Regional diversity of the gastrointestinal microbiome. *Cell Host Microbe*. 2019.
- [9] Young VB, et al. Overview of the gastrointestinal microbiota. *Adv Exp Med Biol*. 2008.
- [10] Chatelier E, et al. Richness of human gut microbiome correlates with metabolic markers. *Nature*. 2013.
- [11] Cotillard A, et al. Dietary intervention impact on gut microbial gene richness. *Nature*. 2013.
- [12] Li J, et al. An integrated catalog of reference genes in the human gut microbiome. *Nat Biotechnol*. 2014.
- [13] Donaldson GP, et al. Gut biogeography of the bacterial microbiota. *Nat Rev Microbiol*. 2015.
- [14] Pasolli E, et al. Extensive unexplored human microbiome diversity revealed by over 150,000 genomes from metagenomes spanning age, geography, and lifestyle. *Cell*. 2019.
- [15] Hagerit SL, et al. An empirically derived method for measuring human gut microbiome alpha diversity: Demonstrated utility in predicting health-related outcomes among a human clinical sample. *PLoS One*. 2020.
- [16] Manar O, et al. Health and disease markers correlate with gut microbiome composition across thousands of people. *Nat Commun*. 2020.
- [17] Kers JG, et al. The power of microbiome studies: Some considerations on which alpha and beta metrics to use and how to report results. *Front Microbiol*. 2022.
- [18] Gevers D, et al. The treatment-naïve microbiome in new-onset Crohn's disease. *Cell Host Microbe*. 2014.
- [19] Casén C, et al. Deviations in human gut microbiota: a novel diagnostic test for determining dysbiosis in patients with IBS or IBD. *Aliment Pharmacol Ther*. 2015.
- [20] Wang J, et al. Gut microbial dysbiosis is associated with altered hepatic functions and serum metabolites in chronic hepatitis B patients. *Front Microbiol*. 2017.
- [21] Farup PG, et al. Separating "good" from "bad" faecal dysbiosis—evidence from two cross-sectional studies. *BMC Obes*. 2018.
- [22] Valeur J, et al. Exploring gut microbiota composition as an indicator of clinical response to dietary FODMAP restriction in patients with irritable bowel syndrome. *Dig Dis Sci*. 2018.
- [23] Wei S, et al. Determining gut microbial dysbiosis: a review of applied indexes for assessment of intestinal microbiota imbalances. *Appl Environ Microbiol*. 2021.
- [24] Mäkelinen E, et al. Association of symptoms with gastrointestinal microbiota in irritable bowel syndrome. *World J Gastroenterol*. 2010.
- [25] Arumugam M, et al. Enterotypes of the human gut microbiome. *Nature*. 2011.
- [26] Wu GD, et al. Linking long-term dietary patterns with gut microbial enterotypes. *Science*. 2011.
- [27] Koren O, et al. A guide to enterotypes across the human body: meta-analysis of microbial community structures in human microbiome datasets. *PLoS Comput Biol*. 2013.
- [28] Ley RE, et al. Gut microbiota in 2015: Prevotella in the gut: choose carefully. *Nat Rev Gastroenterol Hepatol*. 2016.
- [29] Mobeen F, et al. Enterotype variations of the healthy human gut microbiome in different geographical regions. *Bioinformatics*. 2018.
- [30] Heeney DD, et al. Intestinal Lactobacillus in health and disease, a driver or just along for the ride? *Curr Opin Biotechnol*. 2018.
- [31] Costea PI, et al. Enterotypes in the landscape of gut microbial community composition. *Nat Microbiol*. 2018.
- [32] Naumova N, et al. Human gut microbiome response to short-term Bifidobacterium-based probiotic treatment. *Indian J Microbiol*. 2020.
- [33] Markouliak-Kopce P, et al. The effect of probiotics on the production of short-chain fatty acids by human intestinal microbiome. *Nutrients*. 2020.
- [34] Bulçinç, et al. Absence of enterotypes in the human gut microbiomes reanalyzed with non-linear dimensionality reduction methods. *PeerJ*. 2023.
- [35] Zheng D, et al. Interaction between microbiota and immunity in health and disease. *Cell Research*. 2020.
- [36] Robinson I, et al. Assessing the performance of a novel stool-based microbiome test that predicts response to first line immune checkpoint inhibitors in multiple cancer types. *MDPI Cancers*. 2023.
- [37] Di Lorenzo F, et al. Lipopolysaccharide structure of Gram-negative populations in the gut microbiota and effects on host interactions. *FEMS Microbiol Rev*. 2019.
- [38] Kaczmarczyk M, et al. The gut microbiota is associated with the small intestinal paracellular permeability and the development of the immune system in healthy children during the first two years of life. *J Transl Med*. 2021.
- [39] Si J, et al. Gut microbiome signatures distinguish type 2 diabetes mellitus from non-alcoholic fatty liver disease. *Comput Struct Biotechnol J*. 2021.
- [40] Qin Q, et al. The relationship between osteoporosis and intestinal microbes in the Henan Province of China. *Front Cell Dev Biol*. 2021.
- [41] Ghosh SS, et al. Intestinal barrier dysfunction, LPS translocation, and disease development. *J Endocr Soc*. 2022.
- [42] Khorsand B, et al. Overrepresentation of Enterobacteriaceae and Escherichia coli is the major gut microbiome signature in Crohn's disease and ulcerative colitis: a comprehensive metagenomic analysis of IBDMD datasets. *Front Cell Infect Microbiol*. 2022.
- [43] Nizabarushimana E, et al. Functional profile of host microbiome indicates Clostridiaceae infection. *Gut Microbes*. 2022.
- [44] Peng YC, et al. Gut microbiome dysbiosis in patients with hepatitis B virus-related hepatocellular carcinoma after extended hepatectomy liver failure. *Ann Transl Med*. 2022.
- [45] Markouliak-Kopce P, et al. Metagenomics of Parkinson's disease implicates the gut microbiome in multiple disease mechanisms. *Nat Commun*. 2022.
- [46] Yan H, et al. Gut microbiome alterations in patients with visceral obesity based on quantitative computed tomography. *Front Cell Infect Microbiol*. 2022.
- [47] Zhang W-H, et al. Fecal microbiota transplantation ameliorates active ulcerative colitis by downregulating pro-inflammatory cytokines in mucosa and serum. *Front Microbiol*. 2022.
- [48] Di Vincenzo F, et al. Gut microbiota, intestinal permeability, and systemic inflammation: a narrative review. *Intern Emerg Med*. 2023.
- [49] Mena-Vázquez N, et al. Adiposity is associated with expansion of the genus Dialister in rheumatoid arthritis patients. *Biomed Pharmacother*. 2023.
- [50] Patumcharoenpol P, et al. Exploring longitudinal gut microbiome towards metabolic functional changes associated in atopic dermatitis in early childhood. *Biology (Basel)*. 2023.
- [51] Squillaro M, et al. Gut-microbiota in children and adolescents with obesity: inferred functional analysis and machine-learning algorithms to classify microorganisms. *Sci Rep*. 2023.
- [52] Top J, et al. Global branches and local states of the human gut microbiome define associations with environmental and intrinsic factors. *Nat Commun*. 2023.
- [53] Penders J, et al. Molecular fingerprinting of the intestinal microbiota of infants in whom atopic eczema was or was not developing. *Clin Exp Allergy*. 2006.
- [54] Candela M, et al. Unbalance of intestinal microbiota in atopic children. *BMC Microbiol*. 2012.
- [55] Eppinga H, et al. Similar depletion of protective Faecalibacterium prausnitzii in psoriasis and inflammatory bowel disease, but not in hidradenitis suppurativa. *J Crohn's Colitis*. 2016.
- [56] Tong MF, et al. Eczema susceptibility and composition of fecal microbiota at 4 weeks of age: a pilot study in Chinese infants. *Br J Dermatol*. 2016.
- [57] Zheng H, et al. Altered gut microbiota composition associated with eczema in infants. *PLoS One*. 2016.
- [58] Vaughn AR, et al. Skin-gut axis: the relationship between intestinal bacteria and skin health. *World J Dermatol*. 2017.
- [59] Tan L, et al. The Akkermansia muciniphila is a gut microbiota signature in psoriasis. *Exp Dermatol*. 2018.
- [60] Yan HM, et al. Gut microbiota alterations in moderate to severe acne vulgaris patients. *J Dermatol*. 2018.
- [61] Hidalgo-Cantabrana C, et al. Gut microbiota dysbiosis in a cohort of patients with psoriasis. *Br J Dermatol*. 2019.
- [62] Myers B, et al. The gut microbiome in psoriasis and psoriatic arthritis. *Best Pract Res Clin Rheumatol*. 2019.
- [63] Salem I, et al. The gut microbiome as a major regulator of the gut-skin axis. *Front Microbiol*. 2019.
- [64] Visser M, et al. Bacterial dysbiosis and translocation in psoriasis vulgaris. *Front Cell Infect Microbiol*. 2019.
- [65] Chen L, et al. Skin and gut microbiome in psoriasis: gaining insight into the pathophysiology and finding novel therapeutic strategies. *Front Microbiol*. 2020.
- [66] Chen YJ, et al. An altered fecal microbial profiling in rosacea patients compared to matched controls. *J Formos Med Assoc*. 2020.
- [67] 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 Rep*. 2020.
- [68] Hsu D, et al. Role of skin and gut microbiota in the pathogenesis of psoriasis, an inflammatory skin disease. *Microbiol*. 2020.
- [69] Yegorov S, et al. Psoriasis is associated with elevated gut IL-1a and intestinal microbiome alterations. *Front Immunol*. 2020.
- [70] De Pessemer B, et al. Gut-skin axis: current knowledge of the interrelationship between microbial dysbiosis and skin conditions. *Microorganisms*. 2021.
- [71] Olejniczak-Stauch I, et al. Alterations of the skin and gut microbiome in psoriasis and psoriatic arthritis. *Int J Mol Sci*. 2021.
- [72] Park DH, et al. Comparative analysis of the microbiome across the gut-skin axis in atopic dermatitis. *Int J Mol Sci*. 2021.
- [73] Mahmud MR, et al. Impact of gut microbiome on skin health: gut-skin axis observed through the lenses of therapeutics and skin diseases. *Gut Microbes*. 2022.
- [74] Lee MJ, et al. Disordered development of gut microbiome interferes with the establishment of the gut ecosystem during early childhood with atopic dermatitis. *Gut Microbes*. 2022.
- [75] Liu C, et al. Correlation analysis between gut microbiota characteristics and melasma. *Front Microbiol*. 2022.
- [76] Thyé AY-K, et al. Gut-skin axis: unravelling the connection between the gut microbiome and psoriasis. *Biomedicines*. 2022.
- [77] Ley RE, et al. Microbial ecology: human gut microbes associated with obesity. *Nature*. 2006.
- [78] Turnbaugh PJ, et al. A core gut microbiome in obese and lean twins. *Nature*. 2009.
- [79] Schwiertz A, et al. Microbiota and SCFA in lean and overweight healthy subjects. *Obesity*. 2010.
- [80] Clarke SF, et al. The gut microbiota and its relationship to diet and obesity. *Gut Microbes*. 2012.
- [81] Ahmad R, et al. Gut permeability and mucosal inflammation: bad, good or context dependent. *Mucosal Immunol*. 2017.
- [82] Menni C, et al. Gut microbiome diversity and high-fiber intake are related to lower long-term weight gain. *Int. Journal of Obesity*. 2017.
- [83] Del Chierico F, et al. Gut microbiota markers in obese adolescent and adult patients: age-dependent differential patterns. *Front Microbiol*. 2018.
- [84] Gao X, et al. Body mass index differences in the gut microbiota are gender-specific. *Frontiers in Microbiology*. 2018.

- [85] Hjorth MF, et al. Prevotella to Bacteroides ratio predicts body weight and fat loss success on 24-week diets varying in macronutrient composition and dietary fiber: results from a post-hoc analysis. *Int. Journal of Obesity*. 2018.
- [86] Heianza Y, et al. Changes in gut microbiota-related metabolites and long-term successful weight loss in response to weight-loss diets: The POUNDS Lost Trial. *Diabetes Care*. 2018.
- [87] Frost F, et al. A structured weight loss program increases gut microbiota phylogenetic diversity and reduces levels of Collinsella in obese type 2 diabetics: a pilot study. *PLoS ONE*. 2019.
- [88] de Clercq NC, et al. Weight gain after fecal microbiota transplantation in a patient with recurrent underweight following clinical recovery from anorexia nervosa. *Psychother Psychosom*. 2019.
- [89] Comody RN, et al. Roles of the gut microbiome in weight management. *Nature Reviews Microbiology*. 2023.
- [90] van Hul M, et al. The gut microbiota in obesity and weight management: microbes as friends or foe? *Nat Rev Endocrinol*. 2023.
- [91] Martel J, et al. Gut barrier disruption and chronic disease. *Cell Trends Endocrinol Metab*. 2024.
- [92] Quévrain E, et al. Identification of an anti-inflammatory protein from *Faecalibacterium prausnitzii*, a commensal bacterium deficient in Crohn's disease. *Gut*. 2016.
- [93] Hippala K, et al. The potential of gut commensals in reinforcing intestinal barrier function and alleviating inflammation. *Nutrients*. 2018.
- [94] Ghosh S, et al. Regulation of intestinal barrier function by microbial metabolites. *Cell Mol Gastroenterol Hepatol*. 2021.
- [95] Kinashi T, et al. Partners in leaky gut syndrome: intestinal dysbiosis and autoimmunity. *Front Immunol*. 2021.
- [96] Suidinski A, et al. Spatial organization and composition of the mucosal flora in patients with inflammatory bowel disease. *J Clin Microbiol*. 2005.
- [97] Malinen E, et al. Analysis of the fecal microbiota of irritable bowel syndrome patients and healthy controls with real-time PCR. *Am J Gastroenterol*. 2005.
- [98] Kassinen A, et al. The fecal microbiota of irritable bowel syndrome patients differs significantly from that of healthy subjects. *Gastroenterology*. 2007.
- [99] Lyra A, et al. Diarrhea-predominant irritable bowel syndrome distinguishable by 16S rRNA gene phylotype quantification. *World J Gastroenterol*. 2009.
- [100] Rajić-Stojanović M, et al. Global and deep molecular analysis of microbiota signatures in fecal samples from patients with irritable bowel syndrome. *Gastroenterology*. 2011.
- [101] Jeffery IB, et al. An irritable bowel syndrome subtype defined by species-specific alterations in fecal microbiota. *Gut*. 2012.
- [102] Jalanka-Tuovinen J, et al. Faecal microbiota composition and host-microbe cross-talk following gastroenteritis and in post-infectious irritable bowel syndrome. *BMJ Gut*. 2014.
- [103] Rajić-Stojanović M, et al. Intestinal microbiota and diet in IBS: causes, consequences, or epiphenomena? *Am J Gastroenterol*. 2015.
- [104] Lopetuso LR, et al. Gut microbiota in healthy, diverticular disease, irritable bowel syndrome, and inflammatory bowel diseases: time for microbial markers of gastrointestinal disorders. *Dig Dis*. 2017.
- [105] Vich Vila A, et al. Gut microbiota composition and functional changes in inflammatory bowel disease and irritable bowel syndrome. *Sci Transl Med*. 2018.
- [106] Enck P, et al. Dysbiosis in functional bowel disorders. *Ann Nutr Metab*. 2018.
- [107] Rizzello F. Dietary granular ameliorates intestinal dysbiosis and relieves symptoms in irritable bowel syndrome patients: a pilot study. *BMC Complement Altern Med*. 2018.
- [108] Hod 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*. 2018.
- [109] 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*. 2019.
- [110] Pittayanon R, et al. Gut microbiota in patients with irritable bowel syndrome—A systematic review. *Gastroenterology*. 2019.
- [111] Agnello M, et al. Gut microbiome composition and risk factors in a large cross-sectional IBS cohort. *BMJ Open Gastroenterol*. 2020.
- [112] Masoodi I, et al. Microbial dysbiosis in irritable bowel syndrome: a single-center metagenomic study in Saudi Arabia. *JGH Open*. 2020.
- [113] Yang M, et al. Mucosal-associated microbiota other than luminal microbiota has a close relationship with diarrhea-predominant irritable bowel syndrome. 2020.
- [114] Barandouzi Z, et al. Altered gut microbiota in irritable bowel syndrome and its association with food components. *J Pers Med*. 2021.
- [115] Baldelli V, et al. The role of Enterobacteriaceae in gut microbiota dysbiosis in inflammatory bowel diseases. *Microorganisms*. 2021.
- [116] Ghosh S, et al. Regulation of intestinal barrier function by microbial metabolites. *Cell Mol Gastroenterol Hepatol*. 2021.
- [117] Kinashi, et al. Partners in leaky gut syndrome: intestinal dysbiosis and autoimmunity. *Front Immunol*. 2021.
- [118] Solavillo P, et al. Gut microbiota profiles and characterization of cultivable fungal isolates in IBS patients. *Applied Microbiology and Biotechnology*. 2021.
- [119] Pimentel M, et al. ACG clinical guideline: Small intestinal bacterial overgrowth. *The American Journal of Gastroenterology*. 2020.
- [120] Ghosal U, et al. Small intestinal bacterial overgrowth in patients with inflammatory bowel disease: A case-control study. *Indian Journal of Gastroenterology*. 2021.
- [121] Banaszak M, et al. Association between gut dysbiosis and the occurrence of SIBO, LBO, SIFO and IMO. *Microorganisms*. 2023.
- [122] Knez E, et al. The importance of food quality, gut motility and microbiome in SIBO development and treatment. *Nutrition*. 2024.
- [123] Lu S, et al. Differences in clinical manifestations and the fecal microbiome between irritable bowel syndrome and small intestinal bacterial overgrowth. *Digestive and Liver Disease*. 2024.
- [124] Hansen LBS, et al. A low-gluten diet induces changes in the intestinal microbiome of healthy Danish adults. *Nature*. 2018.
- [125] Cardoso-Silva D, et al. Intestinal barrier function in gluten-related disorders. *Nutrients*. 2019.
- [126] Volta U, et al. Nonceliac wheat sensitivity: An immune-mediated condition with systemic manifestations. *Gastroenterology Clinics of North America*. 2019.
- [127] Nobel YR, et al. Lack of effect of gluten challenge on fecal microbiome in patients with celiac disease and non-celiac gluten sensitivity. *Clinical and Translational Gastroenterology*. 2021.
- [128] Mariat D, et al. The Firmicutes/Bacteroidetes ratio of the human microbiota changes with age. *BMC Microbiol*. 2009.
- [129] Magne F, et al. The Firmicutes/Bacteroidetes ratio: A relevant marker of gut dysbiosis in obese patients? *Nutrients*. 2020.
- [130] Stojanov S, et al. The influence of probiotics on the Firmicutes/Bacteroidetes ratio in the treatment of obesity and inflammatory bowel disease. *Microorganisms*. 2020.
- [131] Grigoreva IN. Gallstone disease, obesity and the Firmicutes/Bacteroidetes ratio as a possible biomarker of gut dysbiosis. *J Pers Med*. 2021.
- [132] Holzapfel WH, et al. Taxonomy and important features of probiotic microorganisms in food and nutrition. *Am J Clin Nutr*. 2001.
- [133] Masco L, et al. Polyphasic taxonomic analysis of *Bifidobacterium animalis* and *Bifidobacterium lactis* reveals relatedness at the subspecies level: Reclassification of *Bifidobacterium animalis* subsp. *animalis* subsp. nov. and *Bifidobacterium lactis* as *Bifidobacterium animalis* subsp. *lactis* subsp. nov. *Int J Syst Evol Microbiol*. 2004.
- [134] Malinen E, et al. Association of symptoms with gastrointestinal microbiota in irritable bowel syndrome. *World J Gastroenterol*. 2010.
- [135] O'Callaghan A, et al. *Bifidobacteria* and their role as members of the human gut microbiota. *Front Microbiol*. 2016.
- [136] Rivière A, et al. *Bifidobacteria* and *butyrate-producing colon bacteria*: Importance and strategies for their stimulation in the human gut. *Front Microbiol*. 2016.
- [137] Marco ML, et al. Health benefits of fermented foods: Microbiota and beyond. *Curr Opin Biotechnol*. 2017.
- [138] Liu YW, et al. New perspectives of *Lactobacillus plantarum* as a probiotic: The gut-heart-brain axis. *J Microbiol*. 2018.
- [139] Heeney DD, et al. Intestinal *Lactobacillus* in health and disease: A driver or just along for the ride? *Curr Opin Biotechnol*. 2018.
- [140] Mayengbam S, et al. Impact of dietary fiber supplementation on modulating microbiota-host-metabolic axes in obesity. *J Nutr Biochem*. 2018.
- [141] Westeik R, et al. *Lactobacillus rhamnosus* probiotic food as a tool for empowerment across the value chain in Africa. *Front Microbiol*. 2018.
- [142] Capurso L, et al. Thirty years of *Lactobacillus rhamnosus* GG: A review. *J Clin Gastroenterol*. 2019.
- [143] Turroni F, et al. *Bifidobacterium bifidum*: A key member of the early human gut microbiota. *Microorganisms*. 2019.
- [144] Zhang T, et al. *Akkermansia muciniphila* is a promising probiotic. *Microb Biotechnol*. 2019.
- [145] Markouliak-Kopeć L, et al. The effect of probiotics on the production of short-chain fatty acids by the human intestinal microbiome. *Nutrients*. 2020.
- [146] Naumova N, et al. Human gut microbiome response to short-term *Bifidobacterium*-based probiotic treatment. *Indian J Microbiol*. 2020.
- [147] Teame T, et al. Probiotics and postbiotics of probiotic *Lactobacilli*, their positive effects on the host and action mechanisms: A review. *Front Nutr*. 2020.
- [148] Wong H, et al. The potential therapeutic role of *Lactobacillus reuteri* for treatment of inflammatory bowel disease. *Am J Transl Res*. 2020.
- [149] Bengoa AA, et al. Health-promoting properties of *Lactocaseibacillus paracasei*: A focus on kefir isolates and exopolysaccharide-producing strains. *Foods*. 2021.
- [150] Chen J, et al. Recent development of probiotic *Bifidobacteria* for treating human diseases. *Front Bioeng Biotechnol*. 2021.
- [151] Paul AK, et al. Probiotics and amelioration of rheumatoid arthritis: Significant roles of *Lactobacillus casei* and *Lactobacillus acidophilus*. *Microorganisms*. 2021.
- [152] Dempsey E, et al. *Lactobacillus* spp. for gastrointestinal health: Current and future perspectives. *Front Immunol*. 2022.
- [153] Gao H, et al. The functional roles of *Lactobacillus acidophilus* in different physiological and pathological processes. *J Microbiol Biotechnol*. 2022.
- [154] Luo Y, et al. Rational consideration of *Akkermansia muciniphila* targeting intestinal health: Advantages and challenges. *npj Biofilms Microbiomes*. 2022.
- [155] Echegaray N, et al. A novel approach to *Lactiplantibacillus plantarum*: From probiotic properties to the omics insights. *Microbiol Res*. 2023.
- [156] Guo H, et al. The potential therapeutic role of *Lactobacillaceae rhamnosus* for treatment of inflammatory bowel disease. *Foods*. 2023.
- [157] Yu Z, et al. The role of potential probiotic strains *Lactobacillus reuteri* in various intestinal diseases: New roles for an old player. *Front Microbiol*. 2023.
- [158] Huang JY, Lee SM, Mazmanian SK. The human commensal *Bacteroides fragilis* binds intestinal mucin. *Anaerobe*. 2011.
- [159] McDermott AJ, Huffnagle GB. The microbiome and regulation of mucosal immunity. *Immunology*. 2014.
- [160] Cornick S, Towiah A, Chadee K. Roles and regulation of the mucus barrier in the gut. *Tissue Barriers*. 2015.
- [161] King SJ, McCole DF. Epithelial-microbial diplomacy: escalating border tensions drive inflammation in inflammatory bowel disease. *Intest Res*. 2019.
- [162] Qi H, et al. *Lactobacillus* maintains healthy gut mucosa by producing L-Ornithine. *Commun Biol*. 2019.
- [163] Poone P, Coni PD. Mucus barrier, mucins and gut microbiota: the expected slimy partners? *Gut*. 2020.
- [164] Fang J, et al. Slimy partners: the mucus barrier and gut microbiome in ulcerative colitis. *Exp Mol Med*. 2021.
- [165] Glover JS, et al. Characterizing the mucin-degrading capacity of the human gut microbiota. *Sci Rep*. 2022.
- [166] Lee JH, et al. A mucin-responsive hybrid two-component system controls *Bacteroides thetaiotaomicron* colonization and gut homeostasis. *J Microbiol*. 2022.
- [167] Liu MJ, et al. Recent findings in *Akkermansia muciniphila*-regulated metabolism and its role in intestinal diseases. *Clin Nutr*. 2022.
- [168] Rodrigues VF, et al. *Akkermansia muciniphila* and gut immune system: A good friendship that attenuates inflammatory bowel disease, obesity, and diabetes. *Front Immunol*. 2022.
- [169] Qin D, et al. Contribution of *Lactobacilli* on intestinal mucosal barrier and diseases: Perspectives and challenges of *Lactobacillus casei*. *Life (Basel)*. 2022.
- [170] Gutierrez A, et al. *Bifidobacterium* and the intestinal mucus layer. *Microbiome Res Rep*. 2023.
- [171] He Q, et al. Protective effects of a new generation of probiotic *Bacteroides fragilis* against colitis in vivo and in vitro. *Sci Rep*. 2023.
- [172] Luis RS, Hansson GC. Intestinal mucus and their glycans: A habitat for thriving microbiota. *Cell Host Microbe*. 2023.
- [173] Pellegriño A, et al. Role of *Akkermansia* in human diseases: From causation to therapeutic properties. *Nutrients*. 2023.
- [174] Barcenilla A, et al. Phylogenetic relationships of butyrate-producing bacteria from the human gut. *Appl Environ Microbiol*. 2000.
- [175] Duncan SH, et al. Growth requirements and fermentation products of *Fusobacterium prausnitzii*, and a proposal to reclassify it as *Faecalibacterium prausnitzii* gen. nov., comb. nov. *Int J Syst Evol Microbiol*. 2002.

- [176] Schuijert A, et al. *Anaerostipes caccae* gen. nov., sp. nov., a new saccharolytic, acetate-utilising, butyrate-producing bacterium from human faeces. *Syst Appl Microbiol*. 2002.
- [177] Hold GL, et al. Oligonucleotide probes that detect quantitatively significant groups of butyrate-producing bacteria in human faeces. *Appl Environ Microbiol*. 2003.
- [178] Duncan SH, et al. Contribution of acetate to butyrate formation by human faecal bacteria. *Br J Nutr*. 2004.
- [179] Duncan SH, et al. Lactate-utilizing bacteria, isolated from human faeces, that produce butyrate as a major fermentation product. *Appl Environ Microbiol*. 2004.
- [180] Duncan SH, et al. Proposal of *Roseburia faecis* sp. nov., *Roseburia hominis* sp. nov. and *Roseburia inulinivorans* sp. nov., based on isolates from human faeces. *Int J Syst Evol Microbiol*. 2006.
- [181] Louis P, et al. Diversity, metabolism and microbial ecology of butyrate-producing bacteria from the human large intestine. *FEMS Microbiol Lett*. 2009.
- [182] Miquel S, et al. Ecology and metabolism of the beneficial intestinal commensal bacterium *Faecalibacterium prausnitzii*. *Gut Microbes*. 2014.
- [183] Miquel S, et al. Identification of metabolic signatures linked to anti-inflammatory effects of *Faecalibacterium prausnitzii*. *MBio*. 2015.
- [184] Engels C, et al. The common gut microbe *Eubacterium hallii* also contributes to intestinal propionate formation. *Front Microbiol*. 2016.
- [185] Rivière A, et al. Bifidobacteria and butyrate-producing colon bacteria: importance and strategies for their stimulation in the human gut. *Front Microbiol*. 2016.
- [186] Lopez-Siles M, et al. *Faecalibacterium prausnitzii*: from microbiology to diagnostics and prognostics. *ISME J*. 2017.
- [187] Tamani-Shoori Z, et al. *Roseburia* spp.: A marker of health? *Future Microbiol*. 2017.
- [188] Bui TP, et al. Mutual metabolic interactions in co-cultures of the intestinal *Anaerostipes* rhannosivorans with an acetogen, methanogen, or pectin-degrader affecting butyrate production. *Front Microbiol*. 2019.
- [189] Chia LW, et al. *Bacteroides thetaiotaomicron* fosters the growth of butyrate-producing *Anaerostipes caccae* in the presence of lactose and total human milk carbohydrates. *Microorganisms*. 2020.
- [190] Van Hul M, et al. From correlation to causality: the case of *Subdoligranulum*. *Gut Microbes*. 2020.
- [191] Nie K, et al. *Roseburia intestinalis*: A beneficial gut organism from the discoveries in genus and species. *Front Cell Infect Microbiol*. 2021.
- [192] Singh V, et al. Butyrate producers, "The Sentinel of Gut": Their intestinal significance with and beyond butyrate, and prospective use as microbial therapeutics. *Front Microbiol*. 2023.
- [193] Notting F, et al. The butyrate-producing and spore-forming bacterial genus *Coproccoccus* as a potential biomarker for neurological disorders. *Gut Microbiome*. 2023.
- [194] Kadowaki R, et al. Spore-forming properties and enhanced oxygen tolerance of butyrate-producing *Anaerostipes* spp. *Anaerobe*. 2023.
- [195] Sipthoth J, et al. Variation of butyrate production in the gut microbiome in type 2 diabetes patients. *Int J Microbiol*. 2023.
- [196] Gibson G, et al. Sulphate-reducing bacteria and hydrogen metabolism in the human large intestine. *Gut*. 1993.
- [197] Loubinoux J, et al. Sulfate-reducing bacteria in human faeces and their association with inflammatory bowel diseases. *FEMS Microbiol Ecol*. 2002.
- [198] Jia W, et al. Diversity and distribution of sulphate-reducing bacteria in human faeces from healthy subjects and patients with inflammatory bowel disease. *FEMS Immunol Med Microbiol*. 2012.
- [199] Rey FE, et al. Metabolic niche of a prominent sulfate-reducing human gut bacterium. *Proc Natl Acad Sci U S A*. 2013.
- [200] David LA, et al. Diet rapidly and reproducibly alters the human gut microbiome. *Nature*. 2014.
- [201] Feng Y, et al. Enrichment of sulfidogenic bacteria from the human intestinal tract. *FEMS Microbiol Lett*. 2017.
- [202] Chen YR, et al. Isolation of *Desulfovibrio* spp. from human gut microbiota using a next-generation sequencing directed culture method. *Letts Appl Microbiol*. 2019.
- [203] Dostal Webster A, et al. Influence of short-term changes in dietary sulfur on the relative abundances of intestinal sulfate-reducing bacteria. *Gut Microbes*. 2019.
- [204] Kushkevych I, et al. The sulfate-reducing microbial communities and meta-analysis of their occurrence during diseases of small-large intestine axis. *J Clin Med*. 2019.
- [205] Kordović D, et al. Hydrogen sulfide toxicity in the gut environment: Meta-analysis of sulfate-reducing and lactic acid bacteria in inflammatory processes. *J Adv Res*. 2020.
- [206] Kushkevych I, et al. Recent advances in metabolic pathways of sulfate reduction in intestinal bacteria. *Cells*. 2020.
- [207] Burrichter AG, et al. Bacterial microcompartments for isethionate desulfonation in the taurine-degrading human-gut bacterium *Bifidobacterium wadsworthii*. *BMC Microbiol*. 2021.
- [208] Chen YR, et al. *Desulfovibrio* is not always associated with adverse health effects in the Guangdong Gut Microbiome Project. *PeerJ*. 2021.
- [209] Lu G, et al. Diversity and comparison of intestinal *Desulfovibrio* in patients with liver cirrhosis and healthy people. *Microorganisms*. 2023.
- [210] Singh SB, et al. *Desulfovibrio* in the gut: The enemy within? *Microorganisms*. 2023.
- [211] Xie R, et al. *Desulfovibrio vulgaris* interacts with novel gut epithelial immune receptor LRRIC19 and exacerbates colitis. *Microbiome*. 2024.
- [212] Brown C, et al. The monoamine oxidase inhibitor—tyramine interaction. *The Journal of Clinical Pharmacology*. 1989.
- [213] Cummings JH, Macfarlane GT. Dietary fiber and the human gut microbiota. *Nutrients*. 1997.
- [214] Reiter RJ, Tan D. Melatonin: an antioxidant in edible plants. *Annals of the New York Academy of Sciences*. 2002.
- [215] Chebur C, et al. *Racalia* gum is a bifidogenic dietary fibre with high digestive tolerance in healthy humans. *Microbial Ecology in Health and Disease*. 2003.
- [216] Ilti M, Foor F. Grape phytochemicals: A bouquet of old and new nutraceuticals for human health. *Medical Hypotheses*. 2006.
- [217] Kinoshita T, et al. Cold-water face immersion per se elicits cardiac parasympathetic activity. *Circulation Journal*. 2006.
- [218] Reiter M, et al. Melatonin in edible plants (phytomelatonin): identification, concentrations, bioavailability and proposed functions. *World Review of Nutrition and Dietetics*. 2006.
- [219] Osman N, et al. Probiotics and blueberry attenuate the severity of dextran sulfate sodium (DSS)-induced colitis. *Digestive Diseases and Sciences*. 2008.
- [220] Holma R, et al. Constipation is relieved more by rye bread than wheat bread or laxatives without increased adverse gastrointestinal effects. *The Journal of Nutrition*. 2010.
- [221] Pérez-Jiménez J, et al. Identification of the 100 richest dietary sources of polyphenols: an application of the Phenol-Explorer database. *European Journal of Clinical Nutrition*. 2010.
- [222] Block SG, et al. Exacerbation of facial acne vulgaris after consuming pure chocolate. *Journal of the American Academy of Dermatology*. 2011.
- [223] Fairnatti PT, et al. Acute effects of stretching exercise on the heart rate variability in subjects with low flexibility levels. *Journal of Strength and Conditioning Research*. 2011.
- [224] Russell WR, et al. High-protein, reduced-carbohydrate weight-loss diets promote metabolite profiles likely to be detrimental to colonic health. *The American Journal of Clinical Nutrition*. 2011.
- [225] Clemente JC, et al. The impact of the gut microbiota on human health: an integrative view. *Frontiers in Microbiology*. 2012.
- [226] Di Landro A, et al. Family history, body mass index, selected dietary factors, menstrual history, and risk of moderate to severe acne in adolescents and young adults. *Journal of the American Academy of Dermatology*. 2012.
- [227] Kim KA, et al. High-fat diet-induced gut microbiota exacerbates inflammation and obesity in mice via the TLR4 signaling pathway. *PLoS ONE*. 2012.
- [228] Queipo-Ortuño MI, et al. Influence of red wine polyphenols and ethanol on the gut microbiota ecology and biochemical biomarkers. *The American Journal of Clinical Nutrition*. 2012.
- [229] Biedermann L, et al. Bilberry ingestion improves disease activity in mild to moderate ulcerative colitis—an open pilot study. *Journal of Crohn's and Colitis*. 2013.
- [230] Bledgo J, et al. Diets enriched with a Jerte Valley cherry-based nutraceutical product reinforce nocturnal behaviour in young and old animals of nocturnal (*Rattus norvegicus*) and diurnal (*Streptopelia risoria*) chronotypes. *Journal of Animal Physiology and Animal Nutrition*. 2013.
- [231] Dreher ML, Davenport AJ. Horticultural foods and health: the role of phytochemicals in nutrition and health promotion. *Journal of Horticultural Science & Biotechnology*. 2013.
- [232] Fritz JV, et al. The role of gut microbiota in metabolic syndrome: insights from genetic studies. *Nature Reviews Gastroenterology & Hepatology*. 2013.
- [233] Jelinek GA, et al. Association of fish consumption and omega-3 supplementation with quality of life, disability, and disease activity in an international cohort of people with multiple sclerosis. *International Journal of Neuroscience*. 2013.
- [234] Soe-Teau M, et al. Serum melatonin levels and antioxidant capacities after consumption of pineapple, orange, or banana by healthy male volunteers. *Journal of Pineal Research*. 2013.
- [235] Spaeth AM, et al. Effects of experimental sleep restriction on weight gain, caloric intake, and meal timing in healthy adults. *Sleep*. 2013.
- [236] Festi D, et al. Gut microbiota and metabolic syndrome. *World Journal of Gastroenterology*. 2014.
- [237] Hansen AL, et al. Fish consumption, sleep, daily functioning, and heart rate variability. *Journal of Clinical Sleep Medicine*. 2014.
- [238] Jang SE, et al. Doenjang, a fermented Korean soybean paste, inhibits lipopolysaccharide production of gut microbiota in mice. *Journal of Medicinal Food*. 2014.
- [239] Katagiri R, et al. Low intake of vegetables, high intake of confectionary, and unhealthy eating habits are associated with poor sleep quality among middle-aged female Japanese workers. *Journal of Occupational Health*. 2014.
- [240] Panda S, et al. Structure and functions of the gut microbiome. *Endocrine, Metabolic & Immune Disorders-Drug Targets*. 2014.
- [241] Schoenaker DA, et al. The association between dietary factors and gestational hypertension and pre-eclampsia: a systematic review and meta-analysis of observational studies. *BMC Medicine*. 2014.
- [242] Chambers ES, et al. Effects of targeted delivery of propionate to the human colon on appetite regulation, body weight maintenance and adiposity in overweight adults. *Gut*. 2015.
- [243] Guillot N, et al. Diet, pre-pregnancy BMI, and gestational weight gain in Puerto Rican women. *Maternal and Child Health Journal*. 2015.
- [244] Kavuri V, et al. Irritable bowel syndrome: Yoga as remedial therapy. *Evidence-Based Complementary and Alternative Medicine*. 2015.
- [245] Meixk A, et al. Weight gain in healthy pregnant women in relation to pre-pregnancy BMI, diet and physical activity. *Midwifery*. 2015.
- [246] Pagliaro B, et al. Phytochemical compounds and protection from cardiovascular diseases: a state of the art. *BioMed Research International*. 2015.
- [247] Schmidt K, et al. Prebiotic intake reduces the waking cortisol response and alters emotional bias in healthy volunteers. *Psychopharmacology*. 2015.
- [248] Singh CK, et al. Resveratrol and cancer: challenges for clinical translation. *Biochimica et Biophysica Acta (BBA) - Molecular Basis of Disease*. 2015.
- [249] Shin D, et al. Dietary patterns during pregnancy are associated with risk of gestational diabetes mellitus. *Nutrients*. 2015.
- [250] Zulueta A, et al. Resveratrol: A potential challenger against gastric cancer. *World Journal of Gastroenterology*. 2015.
- [251] Braune R, et al. Bacterial species involved in the conversion of dietary flavonoids in the human gut. *Gut Microbes*. 2016.
- [252] Chausse B, et al. Microbiota modulation by dietary fibers: what is known and what needs to be elucidated? *Nutrients*. 2016.
- [253] Delost GR, et al. The impact of chocolate consumption on acne vulgaris in college students: A randomized crossover study. *Journal of the American Academy of Dermatology*. 2016.
- [254] Di Landro A, et al. Adult female acne and associated risk factors: Results of a multicenter case-control study in Italy. *Journal of the American Academy of Dermatology*. 2016.
- [255] Grossi E, et al. The constellation of dietary factors in adolescent acne: A semantic connectivity map approach. *Journal of the European Academy of Dermatology and Venereology*. 2016.
- [256] Konstantinidou, et al. Cardiorespiratory responses and reduced open time to cold-water face immersion after high intensity exercise. *Respiratory Physiology & Neurobiology*. 2016.
- [257] Kuršvietienė L, et al. Multiplicity of effects and health benefits of resveratrol. *Medicina*. 2016.
- [258] Roth S, et al. Bilberry-derived anthocyanins modulate cytokine expression in the intestine of patients with ulcerative colitis. *PLOS ONE*. 2016.
- [259] Turan N and Atabek Ayt T. The effect of abdominal massage on constipation and quality of life. *Gastroenterology Nursing*. 2016.
- [260] Vongravapiop S and Asawanonda P. Dark chocolate exacerbates acne. *International Journal of Dermatology*. 2016.
- [261] Ziegler JJ, 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*. 2016.
- [262] Chekroud AM, et al. Relationship between dietary quality and gut microbiota in humans. *Nutrients*. 2017.
- [263] Fuller C, et al. Bedtime use of technology and associated sleep problems in children. *Global Pediatric Health*. 2017.
- [264] Gomes da Silva MF, et al. Yacon syrup: food applications and impact on satiety in healthy volunteers. *Food Research International*. 2017.

- [265] Garcia-Mazzeo JF, et al. Gut microbiome modulation by fermented foods. *Frontiers in Microbiology*. 2017.
- [266] Gibson GR, et al. Dietary prebiotics: definition and application. *Nature Reviews Gastroenterology & Hepatology*. 2017.
- [267] Hewlings S, Kalman D. Curcumin: A review of its effects on human health. *Foods*. 2017.
- [268] Johnson EL, et al. Microbiome and metabolic disease: revisiting the bacterial phylum Bacteroidetes. *Journal of Molecular Medicine*. 2017.
- [269] Maier TV, et al. Impact of dietary resistant starch on the human gut microbiome, metaproteome, and metabolome. *mBio*. 2017.
- [270] Reynolds AC, et al. The shift work and health research agenda: considering changes in gut microbiota as a pathway linking shift work, sleep loss and circadian misalignment, and metabolic disease. *Sleep Medicine Reviews*. 2017.
- [271] Vandeputte D, et al. Prebiotic inulin-type fructans induce specific changes in the human gut microbiota. *Gut*. 2017.
- [272] Yuen AWC and Sander JW. Can natural ways to stimulate the vagus nerve improve seizure control? *Epilepsy & Behavior*. 2017.
- [273] Adike A, et al. Small intestinal bacterial overgrowth. *Gastroenterology Clinics of North America*. 2018.
- [274] 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*. 2018.
- [275] Durack J, et al. Involvement of the gut microbiome in diabetes and obesity. *International Journal of Molecular Sciences*. 2018.
- [276] Gao Q, et al. The association between vitamin D deficiency and sleep disorders: A systematic review and meta-analysis. *Nutrients*. 2018.
- [277] Ghosh S, Maji S. Dietary approaches to improve gut health. *Journal of Nutritional Science*. 2018.
- [278] González-Sarías A, et al. The endotoxemia marker lipopolysaccharide-binding protein is reduced in overweight-obese subjects consuming pomegranate extract by modulating the gut microbiota: A randomized clinical trial. *Molecular Nutrition & Food Research*. 2018.
- [279] Hershner S, et al. The impact of a randomized sleep education intervention for college students. *Journal of Clinical Sleep Medicine*. 2018.
- [280] Kopf JC, et al. Role of whole grains versus fruits and vegetables in reducing subclinical inflammation and promoting gastrointestinal health in individuals affected by overweight and obesity: a randomized controlled trial. *Nutrition Journal*. 2018.
- [281] Korpela K, et al. Diet, microbiota, and metabolic health: trade-off between saccharolytic and proteolytic fermentation. *Annual Review of Food Science and Technology*. 2018.
- [282] Krebs-Smith SM, et al. Update of the Healthy Eating Index: HEI-2015. *Journal of the Academy of Nutrition and Dietetics*. 2018.
- [283] Niederreiter L, et al. Food, microbiome and colorectal cancer. *Digestive and Liver Disease*. 2018.
- [284] Schink M, et al. Microbial patterns in patients with histamine intolerance. *Journal of Physiology and Pharmacology*. 2018.
- [285] Venancio VP, et al. Polyphenol-rich mango (*Mangifera indica* L.) ameliorates functional constipation symptoms in humans beyond equivalent amount of fiber. *Molecular Nutrition & Food Research*. 2018.
- [286] Vital M, et al. Metagenomic insights into the degradation of resistant starch by human gut microbiota. *Applied and Environmental Microbiology*. 2018.
- [287] Aalemi AK, et al. Dairy consumption and acne: a case control study in Kabul, Afghanistan. *Clinical, Cosmetic and Investigational Dermatology*. 2019.
- [288] Chaix A, et al. Time-restricted eating to prevent and manage chronic metabolic diseases. *Annual Review of Nutrition*. 2019.
- [289] Chung WH, et al. Dietary factors influencing the gut microbiome in children: a systematic review. *Nutrients*. 2019.
- [290] Clos-García M, et al. Gut microbiome and serum metabolome analyses identify molecular biomarkers and altered glutamate metabolism in fibromyalgia. *eBioMedicine*. 2019.
- [291] Covasa M, et al. Intestinal sensing by gut microbiota: Targeting gut peptides. *Frontiers in Endocrinology*. 2019.
- [292] Dalton A, et al. Exercise influence on the microbiome–gut–brain axis. *Gut Microbes*. 2019.
- [293] Donneskiold-Samsøe NB, et al. Interplay between food and gut microbiota in health and disease. *Food Research International*. 2019.
- [294] Erdogan M, et al. The impact of dietary fat on gut microbiome: a systematic review. *Journal of Nutrition and Metabolism*. 2019.
- [295] Hermann J. Drug–nutrient interactions. 2019.
- [296] Hills R, et al. Gut microbiome: Profound implications for diet and disease. *Nutrients*. 2019.
- [297] Hjorth MF, et al. Prevotella-to-Bacteroides ratio predicts body weight and fat loss success on 24-week diets varying in macronutrient composition and dietary fiber: results from a post-hoc analysis. *International Journal of Obesity*. 2019.
- [298] Hinciova L, et al. Human gut microbes are susceptible to antimicrobial food additives in vitro. *Folia Microbiologica*. 2019.
- [299] Kaczmarek JL, et al. Broccoli consumption affects the human gastrointestinal microbiota. *The Journal of Nutritional Biochemistry*. 2019.
- [300] Kanouchi M, et al. A novel dietary inflammatory index reflecting inflammatory ageing: Technical note. *Annals of Medicine and Surgery*. 2019.
- [301] Kårlund A, et al. Protein supplements and their relation with nutrition, microbiota composition, and health: is more protein always better for sportspeople? *Nutrients*. 2019.
- [302] Partula V, et al. Associations between usual diet and gut microbiota composition: results from the Milieu Intérieur cross-sectional study. *The American Journal of Clinical Nutrition*. 2019.
- [303] Rao TP, et al. Role of guar fiber in improving digestive health and function. *Nutrition*. 2019.
- [304] Saaji AA, et al. Effects of yogic breath regulation: A narrative review of scientific evidence. *Journal of Ayurveda and Integrative Medicine*. 2019.
- [305] Zhao J, et al. Dietary protein and gut microbiota composition and function. *Current Protein & Peptide Science*. 2019.
- [306] Ahnen RT, et al. Carbohydrates. Present Knowledge in Nutrition. 2020.
- [307] Atzeni A, et al. Exercise, diet and stress as modulators of gut microbiota: implications for neurodegenerative diseases. *Neurobiology of Disease*. 2020.
- [308] Ahnen RT, et al. Carbohydrates. In: Present Knowledge in Nutrition. Elsevier. 2020.
- [309] Bonci A, et al. Diet strategies for managing chronic diarrhea. *International Foundation for Gastrointestinal Disorders*. 2020.
- [310] Cândido TLN, et al. Effects of dietary fat quality on metabolic endotoxaemia: a systematic review. *British Journal of Nutrition*. 2020.
- [311] Chou SW, et al. Dietary fibers in the treatment of constipation: a review of randomized controlled trials. *Nutrients*. 2020.
- [312] Chung WSF, et al. Relative abundance of the Prevotella genus within the human gut microbiota of elderly volunteers determines the inter-individual responses to dietary supplementation with wheat bran arabinoxylan-oligosaccharides. *BMC Microbiology*. 2020.
- [313] Coombes JR, et al. Influence of dietary fat on gut microbiome composition and microbial metabolites. *Current Opinion in Clinical Nutrition and Metabolic Care*. 2020.
- [314] Davis CD, et al. Prebiotic dietary fiber modulates gut microbiota and metabolite profiles in prediabetic individuals. *Nutrients*. 2020.
- [315] Dionisio AP, et al. Effect of yacon syrup on blood lipid, glucose and metabolic endotoxaemia in healthy subjects: a randomized, double-blind, placebo-controlled pilot trial. *Food Science and Technology*. 2020.
- [316] Gubert C, et al. Exercise, diet and stress as modulators of gut microbiota: implications for neurodegenerative diseases. *Neurobiology of Disease*. 2020.
- [317] Gururua S, et al. Alcohol use alters the colonic mucosa-associated gut microbiota in humans. *Nutrition Research*. 2020.
- [318] Hedström AK, et al. Low fish consumption is associated with a small increased risk of MS. *Neurology Neuroimmunology & Neuroinflammation*. 2020.
- [319] Hjorth MF, et al. Pretreatment Prevotella-to-Bacteroides ratio and salivary amylase gene copy number as prognostic markers for dietary weight loss. *The American Journal of Clinical Nutrition*. 2020.
- [320] Janczyk A, et al. Impact of diet and synbiotics on selected gut bacteria and intestinal permeability in individuals with excess body weight – a prospective, randomized study. *Acta Biochimica Polonica*. 2020.
- [321] Labenz J, et al. Gastroösophageale Refluxkrankheit – update 2021. *Der Internist*. 2020.
- [322] Lee SH, et al. Emotional well-being and gut microbiome profiles by enterotype. *Scientific Reports*. 2020.
- [323] Machate DJ, et al. Fatty acid diets: Regulation of gut microbiota composition and obesity and its related metabolic dysbiosis. *International Journal of Molecular Sciences*. 2020.
- [324] Siminuc R, Turcanu D. Certain aspects of nutritional security of people with gluten-related disorders. *Food and Nutrition Sciences*. 2020.
- [325] Thomsen BJ, et al. The potential uses of omega-3 fatty acids in dermatology: a review. *Journal of Cutaneous Medicine and Surgery*. 2020.
- [326] Yee BE, et al. Serum zinc levels and efficacy of zinc treatment in acne vulgaris: a systematic review and meta-analysis. *Dermatologic Therapy*. 2020.
- [327] Zou H, et al. Effect of caloric restriction on BMI, gut microbiota, and blood amino acid levels in non-obese adults. *Nutrients*. 2020.
- [328] Die besten Hausmittel von A bis Z. *Alternative Heilmittel aus der Hausapotheke der Natur, inklusive der Heilmethoden der Homöopathie, Akupunktur und des Tai Chi*. Bassemann Verlag. 2020.
- [329] Beam A, et al. Effect of diet and dietary components on the composition of the gut microbiota. *Nutrients*. 2021.
- [330] Borsani B, et al. The role of carrageenan in inflammatory bowel diseases and allergic reactions: Where do we stand? *Nutrients*. 2021.
- [331] Clauss M, et al. Interplay between exercise and gut microbiome in the context of human health and performance. *Frontiers in Nutrition*. 2021.
- [332] Decker B, et al. Dietary fibers as prebiotics: mechanisms of action and health benefits. *Nutrients*. 2021.
- [333] Deshpande S, et al. Effect of dietary interventions on gut microbiota and their implications for health. *Molecules*. 2021.
- [334] Duffy M, et al. Gut microbiome, diet, and chronic disease. *Frontiers in Nutrition*. 2021.
- [335] Fachgesellschaft für Ernährungstherapie und Prävention (FET) eV. 2021.
- [336] Fu T, et al. Fermentation of alginate and its derivatives by different enterotypes of human gut microbiota: Towards personalized nutrition using enterotype-specific dietary fibers. *International Journal of Biological Macromolecules*. 2021.
- [337] Hahne D, et al. Dietary fiber and gut health. *Current Gastroenterology Reports*. 2021.
- [338] Hrubisko M, et al. Histamine intolerance—the more we know the less we know: A review. *Nutrients*. 2021.
- [339] Hosseini-Asl MK, et al. The effect of a short-term physical activity after meals on gastrointestinal symptoms in individuals with functional abdominal bloating: a randomized clinical trial. *Gastroenterology and Hepatology from Bed to Bench*. 2021.
- [340] Kolanos R, et al. German chamomile, Nutraceuticals. 2021.
- [341] Larson R, et al. Acacia gum is well tolerated while increasing satiety and lowering peak blood glucose response in healthy human subjects. *Nutrients*. 2021.
- [342] McQuillen SA, et al. Gut motility and its control. *Anaesthesia & Intensive Care Medicine*. 2021.
- [343] O'Brien L, et al. What are the pearls and pitfalls of the dietary management for chronic diarrhoea? *Nutrients*. 2021.
- [344] Pham VT, et al. Vitamins, the gut microbiome and gastrointestinal health in humans. *Nutrition Research*. 2021.
- [345] Podgórska A, et al. Acne vulgaris and intake of selected dietary nutrients—a summary of information. *Healthcare*. 2021.
- [346] Prasodanan PK, et al. Western and non-western gut microbiomes reveal new roles of Prevotella in carbohydrate metabolism and mouth–gut axis. *npj Biofilms and Microbiomes*. 2021.
- [347] Schneidl WJ, et al. Histamine intolerance originates in the gut. *Nutrients*. 2021.
- [348] Seo K, et al. The role of mucosal barriers in human gut health. *Archives of Pharmacological Research*. 2021.
- [349] Shil A, et al. Artificial sweeteners negatively regulate pathogenic characteristics of two model gut bacteria, *E. coli* and *E. faecalis*. *International Journal of Molecular Sciences*. 2021.

- [350] Sisukthaveerat V, et al. Nutrition communication about low FODMAP diet in irritable bowel syndrome (IBS) and small intestinal bacterial overgrowth (SIBO) in Thai healthcare practitioners. *Bioactive Compounds in Health and Disease*. 2021.
- [351] Sullivan VK, et al. Consumption of dried fruits is associated with greater intakes of underconsumed nutrients, higher total energy intakes, and better diet quality in US adults: a cross-sectional analysis of the National Health and Nutrition Examination Survey, 2007–2016. *Journal of the Academy of Nutrition and Dietetics*. 2021.
- [352] Wong A and Figueroa A. Effects of acute stretching exercise and training on heart rate variability: A review. *Journal of Strength and Conditioning Research*. 2021.
- [353] Watanabe-Asaka T, et al. From digestion and absorption to innate immunity and health care: Water and food intake may contribute to IL-22 in ILC3-dependent mucosal immunity in the jejunum. *The Journal of Physiological Sciences*. 2021.
- [354] Atzeni A, et al. Association between ultra-processed food consumption and gut microbiota in senior subjects with overweight/obesity and metabolic syndrome. *Frontiers in Nutrition*. 2022.
- [355] Bartlett A, et al. Dietary protein and the intestinal microbiota: an understudied relationship. *iScience*. 2022.
- [356] Cataldi S, et al. The relationship between physical activity, physical exercise, and human gut microbiota in healthy and unhealthy subjects: A systematic review. *Biology*. 2022.
- [357] Chassaing B, et al. Randomized controlled-feeding study of dietary emulsifier carboxymethylcellulose reveals detrimental impacts on the gut microbiota and metabolome. *Gastroenterology*. 2022.
- [358] Chai Y, et al. A guide to dietary pattern–microbiome data integration. *The Journal of Nutrition*. 2022.
- [359] Conforti C, et al. Aone and diet: a review. *International Journal of Dermatology*. 2022.
- [360] Davis KF, et al. Prebiotics: what they are, health benefits and food sources. *Molecules*. 2022.
- [361] Galle A, et al. Dietary interventions for the management of patients with inflammatory bowel diseases: a systematic review. *Nutrients*. 2022.
- [362] Gaudin L, et al. Gut microbiota is associated with dietary intake and metabolic markers in healthy individuals. *Food & Nutrition Research*. 2022.
- [363] González M, et al. Effects of probiotic and prebiotic interventions on gut microbiota and immune response: a systematic review. *Nutrients*. 2022.
- [364] Gupta CC, et al. A time to rest, a time to dine: Sleep, time-restricted eating, and cardiometabolic health. *Nutrients*. 2022.
- [365] Hur HJ, et al. Beneficial effects of a low-glycemic diet on serum metabolites and gut microbiota in obese women with *Prevotella* and *Bacteroides* enterotypes: a randomized clinical trial. *Frontiers in Nutrition*. 2022.
- [366] Iao SI, et al. Associations between bedtime eating or drinking, sleep duration and wake after sleep onset: findings from the American time use survey. *British Journal of Nutrition*. 2022.
- [367] Kyaw TS, et al. Monosodium glutamate consumption reduces the renal excretion of trimethylamine N-oxide and the abundance of *Alkermansia muciniphila* in the gut. *Biochemical and Biophysical Research Communications*. 2022.
- [368] Lakshmanan AP, et al. Increased relative abundance of *Ruminococcus* is associated with reduced cardiovascular risk in an obese population. *Frontiers in Nutrition*. 2022.
- [369] Marques C, et al. Impact of beer and nonalcoholic beer consumption on the gut microbiota: a randomized, double-blind, controlled trial. *Journal of Agricultural and Food Chemistry*. 2022.
- [370] Moniaga CS, Tominaga M, Takamori K. An altered skin and gut microbiota are involved in the modulation of itch in atopic dermatitis. *Cells*. 2022.
- [371] Pattnaik H, et al. Nutritional elements in sleep. *Cureus*. 2022.
- [372] Phillips Michael M MD, et al. Abdominal bloating. *MedlinePlus Medical Encyclopedia*. 2022.
- [373] Sánchez-Pérez S, et al. Intestinal dysbiosis in patients with histamine intolerance. *Nutrients*. 2022.
- [374] Sanchez J, et al. Gastroesophageal reflux disease. *Interventional Management of Chronic Visceral Pain Syndromes*. 2022.
- [375] Yuanita L, et al. Profile of hemoglobin, glucose, and triglycerides on the use of yucca prebiotic syrup as a natural supplement. *RASAYAN Journal of Chemistry*. 2022.
- [376] Yuan MZ, et al. Research on the impact of regular exercise behavior of college students on academic stress and sleep quality during the COVID-19 pandemic. *Healthcare (Basel)*. 2022.
- [377] Abe R, et al. Partially hydrolyzed guar gum is associated with improvement in gut health, sleep, and motivation among healthy subjects. *Journal of Clinical Biochemistry and Nutrition*. 2023.
- [378] Abdi F, et al. Nutritional considerations in celiac disease and non-celiac gluten/wheat sensitivity. *Nutrients*. 2023.
- [379] Alsalvar C, et al. Dried fruits: bioactives, effects on gut microbiota, and possible health benefits—an update. *Nutrients*. 2023.
- [380] Aleman RS, et al. Leaky gut and the ingredients that help treat it: a review. *Molecules*. 2023.
- [381] AOK. Was sollte man bei Durchfall (Diarhöe) essen und trinken? AOK Gesundheitsmagazin. 2023.
- [382] Atzeni A, et al. Carbohydrate quality, fecal microbiota and cardiometabolic health in older adults: a cohort study. *Gut Microbes*. 2023.
- [383] Barber C, et al. Metabolic response of intestinal microbiota to guar gum consumption. *Frontiers in Nutrition*. 2023.
- [384] Bartsch M, et al. Bridging the gap from enterotypes to personalized dietary recommendations: a metabolomics perspective on microbiome research. *Metabolites*. 2023.
- [385] Benamer T, et al. The effects of curcumin on inflammasome: latest update. *Molecules*. 2023.
- [386] Bielik V, et al. The effect of physical exercise and dairy probiotics (*Lactobacillus casei*) on gut microbiome in childhood cancer survivors. *Neoplasia*. 2023.
- [387] Carvalho RDD, et al. Functional Swiss-type cheeses promote beneficial effects in mice gut microbiome during homeostasis and inflammation. *Food Bioscience*. 2023.
- [388] Conesa MPB, et al. Stabilizing histamine release in gut mast cells mitigates peripheral and central inflammation after stroke. *Journal of Neuroinflammation*. 2023.
- [389] Dicks L MT, et al. Our mental health is determined by an intrinsic interplay between the central nervous system, enteric nerves, and gut microbiota. *International Journal of Molecular Sciences*. 2023.
- [390] Dempsey KW, et al. Wheat-derived fructans as prebiotics. *Food Research International*. 2023.
- [391] De Souza Lopes R, et al. The impact of antimicrobial food additives and sweeteners on the growth and metabolite production of gut bacteria. *Folia Microbiologica*. 2023.
- [392] Dicks LM, et al. Our mental health is determined by an intrinsic interplay between the central nervous system, enteric nerves, and gut microbiota. *International Journal of Molecular Sciences*. 2023.
- [393] Escobar LA, et al. The effect of soluble dietary fibers on gut microbiota: a systematic review and meta-analysis. *Frontiers in Nutrition*. 2023.
- [394] Fischer C, et al. Impact of dietary habits on gut microbiota and health: a systematic review. *Nutrients*. 2023.
- [395] Foshati S, et al. The effects of ginger supplementation on common gastrointestinal symptoms in patients with relapsing–remitting multiple sclerosis: A double-blind randomized placebo-controlled trial. *BMC Complementary Medicine and Therapies*. 2023.
- [396] Ghosh S, et al. Dietary polyphenols and their effects on gut microbiota in obesity: a review. *Food Chemistry*. 2023.
- [397] González-Morales J, et al. Prebiotic dietary fibers: a review of health benefits. *Nutrients*. 2023.
- [398] González-Orozco BD, et al. Metagenomic analysis and antibacterial activity of kefir microorganisms. *Journal of Food Science*. 2023.
- [399] González-Reuvelta I, et al. Fermented foods as potential modulators of the gut microbiota: a review. *Nutrients*. 2023.
- [400] Gostimirovic M, et al. Resveratrol and gut microbiota synergy: Preventive and therapeutic effects. *International Journal of Molecular Sciences*. 2023.
- [401] Griffiths A, et al. Effects of resistant starch on gut microbiota: a systematic review. *Nutrients*. 2023.
- [402] Gudon A, et al. Small intestinal bacterial overgrowth and non-alcoholic fatty liver disease: What do we know in 2023? *Nutrients*. 2023.
- [403] Hold BJ, et al. The role of the gut microbiome in obesity: recent advances. *Nature Reviews Endocrinology*. 2023.
- [404] Harvard MHS, et al. What to eat when you have chronic heartburn. *Harvard Health Publishing*. 2023.
- [405] Herdiana Y, et al. Functional food in relation to gastroesophageal reflux disease (GERD). *Nutrients*. 2023.
- [406] Isakidis A, et al. Is there more to olive oil than healthy lipids? *Nutrients*. 2023.
- [407] Kanwal F, et al. The potential role of nondigestible raffinose family oligosaccharides as prebiotics. *Glycobiology*. 2023.
- [408] Li A, et al. Multi-omics analyses reveal relationships among polyphenol-rich oolong tea consumption, gut microbiota, and metabolic profile: a pilot study. *Food Chemistry*. 2023.
- [409] Li XY, et al. Regulation of gut microbiota by vitamin C, vitamin E and β -carotene. *Food Research International*. 2023.
- [410] Mitro S, et al. Brain modulation by the gut microbiota: from disease to therapy. *Journal of Advanced Research*. 2023.
- [411] Ogulur I, et al. Mechanisms of gut epithelial barrier impairment caused by food emulsifiers polysorbate 20 and polysorbate 80. *Allergy*. 2023.
- [412] Pang S, et al. Longevity of centenarians is reflected by the gut microbiome with youth-associated signatures. *Nature Aging*. 2023.
- [413] Pato R, et al. The role of gut microbiota and leaky gut in the pathogenesis of food allergy. *Nutrients*. 2023.
- [414] Rodziszewska M, et al. Nutrition, physical activity and supplementation in irritable bowel syndrome. *Nutrients*. 2023.
- [415] Sánchez-Terrón G, et al. Impact of sustained fructose consumption on gastrointestinal function and health in Wistar rats: glycoxidative stress, impaired protein digestion, and shifted fecal microbiota. *Journal of Agricultural and Food Chemistry*. 2023.
- [416] Scapellini E, et al. The use of peppermint oil in gastroenterology. *Current Pharmaceutical Design*. 2023.
- [417] Schnedl WJ, et al. A personalized management approach in disorders of the irritable bowel syndrome spectrum. *Clinical Nutrition ESPEN*. 2023.
- [418] Sharifan P, et al. Association of dietary and blood inflammatory indicators with depression, anxiety, and stress in adults with vitamin D deficiency. *International Journal of Geriatric Psychiatry*. 2023.
- [419] Shevchenko A, et al. Post-stress changes in the gut microbiome composition in rats with different levels of nervous system excitability. *PLOS ONE*. 2023.
- [420] Simão DO, et al. Lipids, gut microbiota, and the complex relationship with Alzheimer's disease: a narrative review. *Nutrients*. 2023.
- [421] Stolz R, et al. Evidenzbasierte naturheilkundliche Pflegeinterventionen in der Schmerztherapie. *Der Schmerz*. 2023.
- [422] Tivedt G, et al. Humming (simple bhramari pranayama) as a stress buster: A hotter-based study to analyze heart rate variability (HRV) parameters during bhramari, physical activity, emotional stress, and sleep. *Cureus*. 2023.
- [423] Wang, Y, et al. Effect of two-week red beetroot juice consumption on modulation of gut microbiota in healthy human volunteers – A pilot study. *Food Chemistry*. 2023.
- [424] Zhang X, et al. Modulating a prebiotic food source influences inflammation and immune-regulating gut microbes and metabolites: insights from the BE GONE trial. *eBioMedicine*. 2023.
- [425] Zhao Q, et al. The relationship between the dietary inflammatory index (DII) and metabolic syndrome (MetS) in middle-aged and elderly individuals in the United States. *Nutrients*. 2023.
- [426] Zhong HJ, et al. Supplementation with high-GABA-producing *Lactobacillus plantarum* L5 ameliorates essential tremor triggered by decreased gut bacteria-derived GABA. *Translational Neurodegeneration*. 2023.
- [427] Aguayo-Guerrero JA, et al. Sucralose: from sweet success to metabolic controversies—unraveling the global health implications of a pervasive non-caloric artificial sweetener. *Life*. 2024.
- [428] Ardlsson Korat AV, et al. Dietary protein intake in midlife in relation to healthy aging – results from the prospective Nurses' Health Study cohort. *The American Journal of Clinical Nutrition*. 2024.
- [429] Bez NS, et al. Development of a diet quality score and adherence to the Swiss dietary recommendations for vegans. *Journal of Health, Population and Nutrition*. 2024.
- [430] Can G, et al. Unraveling the potential therapeutic effect of synbiotics in inflammatory bowel disease. *Journal of the Academy of Nutrition and Dietetics*. 2024.
- [431] Chatelan A, et al. Substituting low-calorie sweetened beverages for sugar-sweetened beverages to prevent obesity and cardiometabolic diseases: still a good idea? *Current Developments in Nutrition*. 2024.
- [432] Chen C, et al. *Lactobacillus paracasei* AH2 isolated from Chinese sourdough alleviated gluten-induced food allergy through modulating gut microbiota and promoting short-chain fatty acid accumulation in a BALB/c mouse model. *Journal of the Science of Food and Agriculture*. 2024.

- [433] Del Rosso J, et al. New insights into systemic drivers of inflammation and their contributions to the pathophysiology of acne. *Journal of Drugs in Dermatology*. 2024.
- [434] Hayer SS, et al. Antibiotic-induced gut dysbiosis elicits gut-brain axis relevant multi-omic signatures and behavioral and neuroendocrine changes in a nonhuman primate model. *Gut Microbes*. 2024.
- [435] Huang Y, et al. The adjuvant treatment role of ω -3 fatty acids by regulating gut microbiota positively in acne vulgaris. *Journal of Dermatological Treatment*. 2024.
- [436] Jamieson PE, et al. Gut enterotype-dependent modulation of gut microbiota and their metabolism in response to xanthohumol supplementation in healthy adults. *Gut Microbes*. 2024.
- [437] Konstanti P, et al. Physiology of γ -aminobutyric acid production by *Akkermansia muciniphila*. *Applied and Environmental Microbiology*. 2024.
- [438] Malta FAP, et al. A triple-masked, two-center, randomized parallel clinical trial to assess the superiority of eight weeks of grape seed flour supplementation against placebo for weight loss attenuation during perioperative period in patients with cachexia associated with colorectal cancer: a study protocol. *Frontiers in Endocrinology*. 2024.
- [439] Min L, et al. Effects of exercise on gut microbiota of adults: a systematic review and meta-analysis. *Nutrients*. 2024.
- [440] Mutoh N, et al. *Bifidobacterium breve* M-16V regulates the autonomic nervous system via the intestinal environment: A double-blind, placebo-controlled study. *Behavioural Brain Research*. 2024.
- [441] Palma-Oldehdez JF, et al. Implication of intestinal microbiota in the etiopathogenesis of fibromyalgia: a systematic review. *International Journal of Rheumatic Diseases*. 2024.
- [442] Pérez-Castillo IM, et al. The athlete gut microbiota: state of the art and practical guidance. *Beneficial Microbes*. 2024.
- [443] Pierdomenico M, et al. Anti-inflammatory effect of a pomegranate extract on LPS-stimulated HepG2 cells. *Natural Product Research*. 2024.
- [444] Prescott SL, et al. Nutritional criminology: Why the emerging research on ultra-processed food matters to health and justice. *International Journal of Environmental Research and Public Health*. 2024.
- [445] Weng J, et al. Gender differences in the association between healthy eating index-2015 and hypertension in the US population: evidence from NHANES 1999–2018. *BMC Public Health*. 2024.
- [446] WHO. Diarrhoea, WHO health topics. 2024.
- [447] Yadav SS, et al. Effect of yoga-based breathing practices on depression, anxiety, stress, and fear of COVID-19 positive hospitalized patients: A randomized controlled trial. *Journal of Ayurveda and Integrative Medicine*. 2024.

MENTA