

Proben ID
49239700**Labor**
Medizinische Universität
Wien**Entnahme**
Norgen Biotek Corp.**Eingelangt**
16. November 2021**Material**
Stuhl**Probennahme**
9. November 2021**Analysiert**
15. Dezember 2021

Dein persönlicher Mikrobiombericht

Ziel der myBioma Mikrobiom-Analyse ist es, alle Bakterien in deinem Stuhl mittels Next-Generation Gen-Analyse zu untersuchen. Dabei wird nur das 16S Gen der Bakterien bestimmt. Es ist so möglich alle Bakterien im Darm zu klassifizieren und mit der Hilfe der myBioma Wissensdatenbank Rückschlüsse auf deine Gesundheit zu ziehen.

Mikrobielle
Zusammensetzung



Hervorragend!

Ernährung



Hervorragend!

Gesundheit



Verbesserbar!

Deine mikrobielle Zusammensetzung ist vielfältig und gut ausgeglichen. Du scheinst dich ausgewogen zu ernähren und kannst die aufgenommene Nahrung gut verwerten. Bei deiner Gesundheit gibt es Verbesserungsbedarf, insbesondere bei folgenden Gesundheitszuständen: Insulinhaushalt, Reizdarmsyndrom, Darm-Hirn-Achse, Darm-Leber-Achse, Darm-Herz-Achse, Gelenksgesundheit, Entzündung.

Deine persönlichen Empfehlungen findest du im Kapitel "Verbesserungsvorschläge" auf Seite 22.

Bitte beachte: Der Nachweis eines Mikroorganismus durch diesen Test bedeutet nicht, dass es sich um eine Krankheit handelt. In ähnlicher Weise schließt ein Nichtnachweis eines Mikroorganismus durch diesen Test das Vorhandensein eines krankheitsverursachenden Mikroorganismus nicht aus. Auch können andere Organismen vorhanden sein, die durch diesen Test nicht nachgewiesen werden. Dieser Test ist kein Ersatz für etablierte Methoden zur Identifizierung von Mikroorganismen oder ihres antimikrobiellen Empfindlichkeitsprofils.

Zusammenfassung

Dein persönlicher Mikrobiombericht ist umfangreich und enthält viel Wissen über die Wirkung der Bakterien auf deine Gesundheit. Im Folgenden werden die relevantesten Ergebnisse zusammengefasst, um einen schnellen Überblick zu schaffen.

Weitere Informationen zu den Ergebnissen finden sich auf den Detailseiten - bitte nutze hierfür das Inhaltsverzeichnis.

Mikrobielle Zusammensetzung

Index	Wert	Durchschnitt	Beurteilung
✓ Diversität	6,38	5,62 - 6,42	Hervorragend!
✓ Artenreichtum	325	202 - 320	Hervorragend!
✓ Artengleichheit	0,76	0,72 - 0,78	Hervorragend!

Ernährung

Parameter	Ergebnis	Durchschnitt	Beurteilung
 Enterotyp		-	Enterotyp 1 (Bacteroides)
✓ Kalorienaufnahme	1,6	1,1 - 1,8	Hervorragend!
✓ Gewicht			Hervorragend!
⊖ Zuckerstoffwechsel	95	100	Gut!
✓ Fettstoffwechsel	103	100	Überdurchschnittlich gut!
✓ Vitaminstoffwechsel	115	100	Überdurchschnittlich gut!
✓ Proteinstoffwechsel	151	100	Überdurchschnittlich gut!

Gesundheit

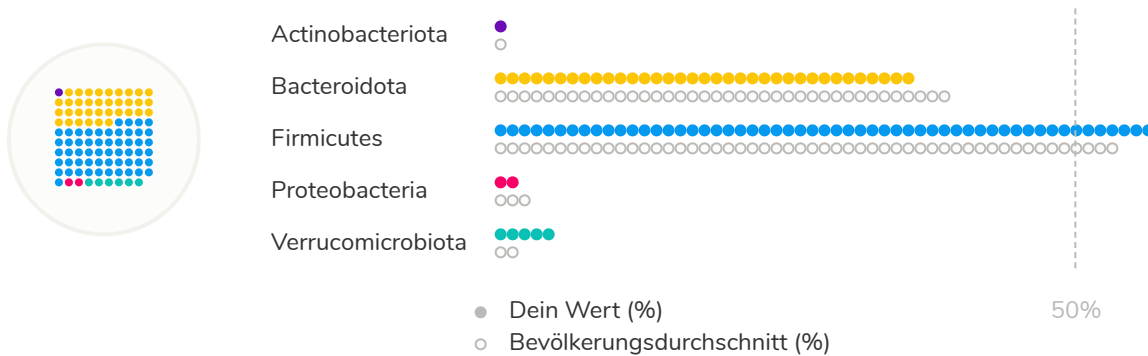
⊖ Entzündung	⊖ Darm-Leber-Achse
✓ Darmschleimhaut	✓ Darm-Haut-Achse
⊖ Reizdarmsyndrom	⊖ Insulinhaushalt
⊖ Darm-Hirn-Achse	⊖ Gelenksgesundheit
⊖ Darm-Herz-Achse	

Inhaltsverzeichnis

	Mikrobielle Zusammensetzung	4
Finde heraus, wie	Übersicht aller Bakterien	4
unterschiedlich und	Diversität	5
einzigartig dein Mikrobiom	Artenreichtum und Artengleichheit	6
ist.	Probiotische Bakterien	7
	Ernährung	8
Finde heraus, welche	Enterotyp	8
Auswirkungen deine	Kalorienaufnahme	9
Darmbakterien auf deine	Gewicht	10
Nahrungsaufnahme haben.	Vitamin- und Proteinstoffwechsel	11
	Zucker- und Fettstoffwechsel	12
	Gesundheit	13
Finde heraus, mit welchen	Entzündung	13
Gesundheitszuständen deine	Darmschleimhaut	14
Bakterien assoziiert werden	Reizdarmsyndrom	15
können.	Darm-Hirn-Achse	16
	Darm-Herz-Achse	17
	Darm-Leber-Achse	18
	Darm-Haut-Achse	19
	Insulinhaushalt	20
	Gelenkgesundheit	21
	Verbesserungsvorschläge	22
	Bakterienliste	29
	Über den Test	32
	Literaturverzeichnis	33

Mikrobielle Zusammensetzung

Übersicht aller Bakterien



Dein Mikrobiom ist einzigartig. Daher unterscheidet sich die Zusammensetzung der Bakterien in deinem Darm-Mikrobiom auch in einigen Bereichen von dem des Bevölkerungsdurchschnitts!

Erklärung

Im menschlichen Darm dominieren fünf Bakterienstämme (Phylum) - Actinobacteriota (Actinobacteria), Bacteroidota (Bacteroidetes), Firmicutes, Proteobacteria, Verrucomicrobiota (Verrucomicrobia). Diese komplizierten Namen beschreiben die Taxonomie (Einteilung) der Bakterienstämme.

Je weiter du deinen persönlichen Bericht durchstöberst, umso besser wird dein Verständnis dafür am Ende sein. Hier haben wir die Zusammensetzung deiner Darmbakterien den Durchschnittswerten der Bevölkerung gegenübergestellt. Da dein Mikrobiom einzigartig ist, ist es normal, wenn deine Werte vom Bevölkerungsdurchschnitt abweichen.

Im Kapitel Bakterienliste sind alle gefundenen Bakterienarten genau aufgelistet.

Die angegebenen Referenz- und Durchschnittswerte basieren hauptsächlich auf unseren Erhebungen, den gesammelten Daten, sowie Studien, die wir analysiert haben oder auch daran beteiligt waren. Aufgrund der Daten, wie z.B. Alter, Geschlecht, Herkunft, Vorerkrankungen, die wir durch Fragebögen sammeln, errechnen wir Modelle und kategorisieren Proben.^{36,37,38,61}

Detailinformationen

Abteilung	Du (%)	Bevölkerung (%)
Actinobacteriota	0,48 %	0,80 %
Bacteroidota	35,28 %	37,87 %
Firmicutes	55,47 %	51,80 %
Proteobacteria	2,35 %	2,77 %
Verrucomicrobiota	4,96 %	1,69 %

Diversität



Hervorragend!

Shannon Index (Verschiedenheit deines Mikrobioms)



Die Diversität deines Mikrobioms ist hervorragend. Das bedeutet, dass dich dein Mikrobiom gut bei den täglichen Herausforderungen unterstützt.

Erklärung

Die Diversität beschreibt die Verschiedenheit des Mikrobioms und setzt sich aus Artenreichtum und Artengleichheit zusammen.

Der Shannon-Index ist die am häufigsten verwendete numerische Kennzahl, um diese biologische Vielfalt darzustellen. Je mehr unterschiedliche Bakterienarten in deinem Darm gleichmäßig vorkommen, desto höher ist die Diversität (Verschiedenheit) in deinem Darm und desto widerstandsfähiger ist dein Mikrobiom. Gegenteilig dazu konnte in vielen Studien nachgewiesen werden, dass eine geringe Diversität mit Erkrankungen in Zusammenhang steht.^{36,37,60}

Risikofaktoren

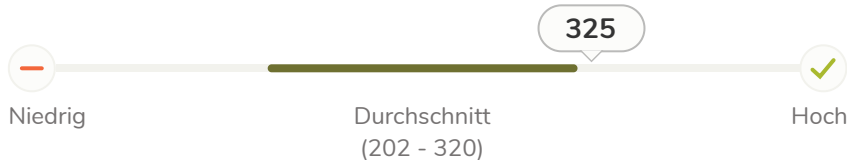
Das persönliche Mikrobiom ist durch verschiedene Umwelteinflüsse, wie z.B. durch Antibiotikaeinnahme, Infektionen, Auslandsaufenthalte, einseitige Ernährung, zunehmendes Alter oder Rauchen, individuell geprägt.

Artenreichtum



Hervorragend!

Anzahl an unterschiedlichen Bakterienarten



Die Anzahl an unterschiedlichen Bakterienarten in deinem Darm beträgt **325**. Damit ist die mikrobielle Artenvielfalt in deinem Darm in Ordnung. Das bedeutet, dass dich dein Mikrobiom sehr gut darin unterstützt, das Risiko für Krankheiten zu senken. Je ausgewogener du dich ernährst, desto mehr Bakterienarten kannst du füttern.

Erklärung

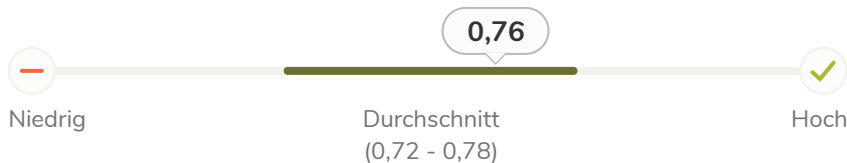
Das Artenreichtum beschreibt die Anzahl aller unterschiedlichen Bakterienarten in deinem Darm. In einem diversen Mikrobiom kann die hohe Anzahl an verschiedenen Bakterienarten dazu beitragen, dass auch viele unterschiedliche Funktionen von Bakterien ausgeführt werden. So kann dein Körper die aufgenommene Nahrung und die darin enthaltenen Nährstoffe optimaler verwerten, sowie mit Stress und Fehlernährung leichter umgehen.^{39,40}

Artengleichheit



Hervorragend!

Pielou Index (Ausgewogenheit deines Mikrobioms)



Dein Mikrobiom ist ausgewogen. Das bedeutet, dass deine Bakterien gleichmäßig verteilt sind.

Erklärung

Die Artengleichheit (Äquität) drückt aus, wie häufig eine Bakterienart im Vergleich zu den anderen Bakterien in deinem Darm vorkommt. Je höher die Äquität, desto ausgewogener sind die unterschiedlichen Bakterien zwischen den Arten verteilt.

Zum Beispiel würden 2% Lactobacilli, 98% Enterococci eine geringe Äquität und 50% Lactobacilli, 50% Enterococci eine hohe Äquität bedeuten.^{36,37}

Probiotische Bakterien



Gut, leicht besserbar!

✓ sehr gut
– besserbar

Du hast viele probiotische Bakterien. Ein paar Bakterien sind jedoch unterrepräsentiert.

Erklärung

Die Weltgesundheitsorganisation (WHO) definiert Probiotika als lebende Mikroorganismen, die für dich, in ausreichender Menge verabreicht, von positivem gesundheitlichen Nutzen sind. Die hier aufgelisteten probiotischen Bakterien findest du typischerweise in probiotischen Nahrungsergänzungsmitteln.

Detailinformationen

Bakterium	Dein Ergebnis	Nahrungsmittel, die das probiotische Bakterium enthalten
 Bifidobacterium 46 47 48 49 50 51 52 65 66 67 68 69	Niedrig	Joghurt, Kefir
 Akkermansia muciniphila 68	Normal	Johannesbeeren
 Lactobacillus 53 54 55	Normal	Joghurt, Kefir, Kombucha, Käse, Salami, Sauerkraut , Oliven, Gewürzgurken, Sauerteigbrot

Ernährung

Enterotyp



Enterotyp 1 (Bacteroides)

Dieser Enterotyp kommt besonders häufig bei westlichen Fleischesser:innen vor. Es dominiert die Bakteriengattung Bacteroides. Bei Obst und Gemüseliebhaber:innen dominieren Bacteroides eher selten. Bacteroides haben sich auf die Energiegewinnung aus Mehrfachzuckern, tierischen Eiweißen und gesättigten Fettsäuren spezialisiert. Zusätzlich produzieren diese Bakterien vor allem die Vitamine B2 (Riboflavin), B5 (Pantothensäure), B7 (Biotin), B9 (Folsäure) und Vitamin C. Daher gewinnt der Körper seine Energie hauptsächlich von Kohlenhydraten und Proteinen. Jedoch kann beim Enterotyp 1 die Nährstoffresorption manches Mal ein wenig schlechter sein, deshalb ist hier besonders auf die Mikronährstoffversorgung zu achten. Dazu mehr in deinen persönlichen Verbesserungsvorschlägen.

Erklärung

Obwohl dein Mikrobiom so individuell wie dein Fingerabdruck ist, lässt es sich dennoch grob in ein Basis-Mikrobiom, den sogenannten Enterotypen, einteilen. Der Enterotyp entwickelt sich während der ersten Lebensjahre. Er ist unabhängig von Geschlecht, fortschreitendem Alter oder geographischer Herkunft. Dein Enterotyp hängt vor allem mit deiner Genetik und deinen Essgewohnheiten zusammen. In jedem Enterotyp dominiert eine andere Bakteriengattung. Der Enterotyp hat Auswirkungen auf die Energiegewinnung aus der Nahrung und auch auf die Produktion von Vitaminen.^{70,71,72}

Man unterscheidet zwischen drei Enterotypen:



Enterotyp 1

= Vor allem bei Menschen, die oft Fleisch essen: Bacteroides^{49,50,51}



Enterotyp 2

= Vor allem bei Menschen, die sich vegan oder vegetarisch ernähren: Prevotella^{49,50,53,96}



Enterotyp 3

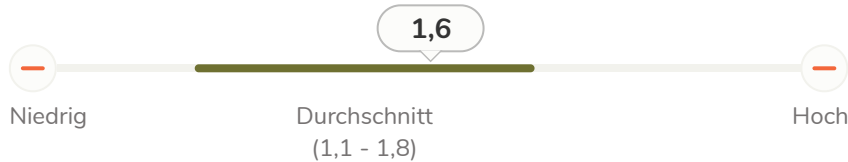
= Vor allem bei Menschen, die sich gerne ausgewogen ernähren: Ruminococcus^{49,51}

Kalorienaufnahme



Hervorragend!

Verhältnis Firmicutes zu Bacteroidetes



Das Verhältnis zwischen Firmicutes und Bacteroidetes in deinem Darm ist sehr gut. Deine Bakterien können ausreichend Kalorien aus der aufgenommenen Nahrung verwerten und sind im Gleichgewicht. Weil diese Bakterien in einem guten Verhältnis stehen, ist die Wahrscheinlichkeit von Übergewicht geringer.

Erklärung

Bacteroidetes und Firmicutes sind die häufigsten Vertreter der Dickdarmbakterien. Firmicutes können nicht verdauliche Ballaststoffe spalten und speichern jene für "schlechte Zeiten". Dadurch steht dem Körper mehr Energie zur Verfügung, was wiederum in einer Gewichtszunahme resultieren kann. Die Anzahl an Bacteroidetes steigt sobald das Gewicht wieder reduziert wird. Daher kann man von dieser Kennzahl Rückschlüsse ziehen, wie gut die Kalorienverwertung in deinem Körper ist. Bei einer Gewichtsabnahme durch kalorienreduzierte Kost, verringert sich dieses Verhältnis normalerweise.

Gewicht



Hervorragend!



Weiter so!

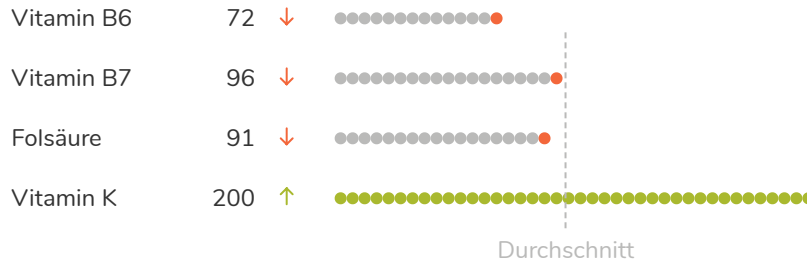
Erklärung

Einige Bakterien können beeinflussen, wie leicht du zunimmst oder auch abnimmst. Hier siehst du jene Bakterien, die dich vor Übergewicht schützen. Deine Darmbakterien sind wesentlich bei der Verwertung deiner Nahrung beteiligt. So können sie beeinflussen, wie viele Kalorien aus der Nahrung gewonnen werden. Es heißt jedoch nicht, dass Menschen, denen bestimmte Bakterien fehlen, übergewichtig sein müssen. Lediglich können einige Bakterien stärker unterstützen, Gewicht zu reduzieren bzw. das Gewicht zu halten.^{9,104,114,115,116}

Assoziationen

Davor schützende Bakterien	Dein Ergebnis
✓ Bacteroides 104 107 108	Normal
✓ Barnesiella 106	Normal
✓ Butyricimonas 113	Hoch
✓ Parabacteroides distasonis 107 108 110 114	Normal
✓ Lachnospiraceae 103	Normal
✓ Coprococcus catus 112	Normal
✓ Lachnospira 52 76	Normal
✓ Oscillospira 103 104	Normal
✓ Dialister 105	Hoch
✓ Akkermansia muciniphila 76 99 100 101 102	Normal

Vitaminstoffwechsel

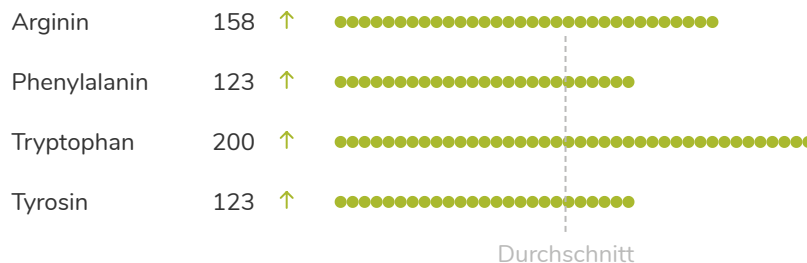


Erklärung

Vitamine sind lebensnotwendige Substanzen und für die Energieproduktion, Immunfunktion, Blutgerinnung und andere Funktionen notwendig. Mineralien, die gemeinsam mit Vitaminen zu den Mikronährstoffen gehören, spielen eine wichtige Rolle für das Wachstum, die Knochengesundheit, den Flüssigkeitshaushalt und verschiedene andere Prozesse.

Einige Bakterien können selbst Vitamine herstellen. Sie produzieren unter anderem Vitamin B6, Vitamin B7, Folsäure und Vitamin K.

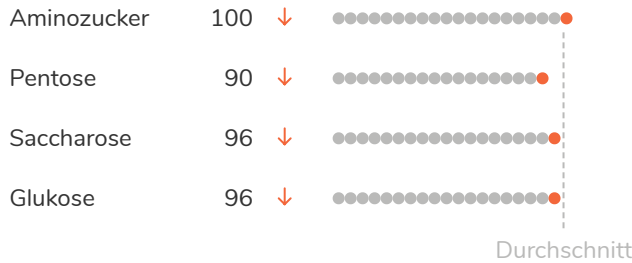
Proteinstoffwechsel



Erklärung

Proteine (Eiweiße) erledigen die meiste Arbeit in der Zelle, wie z.B. Wachstum und Aufrechterhaltung von Gewebe, Bildung von Enzymen und Hormonen, Regulierung der Konzentration von Säuren und Basen in deinem Blut und anderen Körperflüssigkeiten, sowie die Bildung von Antikörpern in deinem Immunsystem, um Infektionen zu bekämpfen. Ebenso besitzen Proteine eine Speicherfunktion (z.B. Ferritin, das Eisen speichert) und können deinen Körper mit Energie versorgen. Wichtige Proteinbausteine (Aminosäuren) sind Arginin, Phenylalanin, Tryptophan und Tyrosin.

Zuckerstoffwechsel

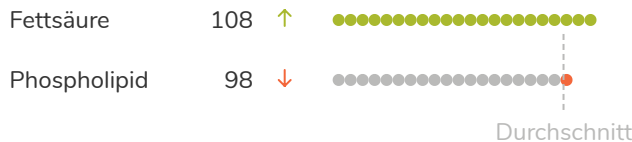


Erklärung

Der Körper bezieht ungefähr die Hälfte der benötigten Energie aus Kohlenhydraten. Diätetische Kohlenhydrate lassen sich in drei Hauptkategorien einteilen:

1. Zucker, welcher z.B. in Kristallzucker und Fruchtsäften enthalten ist.
2. Stärke, welche z.B. in Reis und Getreide enthalten ist.
3. Ballaststoffe, welche z.B. in Gemüse und Nüssen enthalten sind. Eigentlich können wir Menschen keine Ballaststoffe verdauen, jedoch füttern sie deine Darmbakterien.

Fettstoffwechsel



Erklärung

Fettsäuren und Phospholipide sind wichtige Vertreter von Fetten und werden von Darmbakterien verarbeitet und weiterverwertet. Phospholipide gehören zu Hauptvertretern der Membran. Fettsäuren dienen als Energielieferanten, sind wichtig für dein Gehirn und Nervensystem, Zellbausteine und Grundlage für die Herstellung von Hormonen.

Der Fettstoffwechsel umfasst alle Prozesse, die am Abbau von Nahrungsfetten und am Aufbau von Fettsäuren im Darm beteiligt sind. Wichtige Bestandteile wie Fettsäuren und Phospholipide werden von deinem Verdauungstrakt über deine Nahrung aufgenommen.

Gesundheit

Entzündung


Verbesserbar!


Unterstütze deine Bakterien mit ein paar kleinen Tricks. Diese findest du bei deinen Verbesserungsvorschlägen.

Erklärung

Die Darmbakterien können deinen Körper vor Entzündungen schützen bzw. Entzündungsprozesse hervorrufen. Diese Entzündungsprozesse können sogar außerhalb des Darms auftreten. Wenn deine Darmbakterien nicht im Gleichgewicht oder zu viele entzündungsfördernde Bakterien in deinem Darm sind, kann es sogar zu einem „Leaky-Gut“ Syndrom kommen. Dabei dringen Giftstoffe (schädliche Stoffwechselprodukte) von Bakterien oder Krankheitserreger über die Darmbarriere in den Körper ein und verursachen dort Entzündungen.

Antiinflammatorische, also entzündungshemmende, Bakterien wirken sich schützend auf dein Mikrobiom aus.

160,161,162,163

Risikofaktoren

Entzündungen können verschiedenste Ursachen haben. Natürlich spielt das Mikrobiom-Gleichgewicht eine wichtige Rolle. Jedoch können auch Infektionen, Medikamente, Rauchen, Alkohol, zuckerreiches Essen, sowie die veränderte Zusammensetzung der Gallensäuren, zu Entzündungen beitragen.

Assoziationen

Damit assoziierte Bakterien	Dein Ergebnis	Davor schützende Bakterien	Dein Ergebnis
✓ Prevotella 122	Normal	– Bifidobacterium 123 141	Niedrig
✓ Erysipelotrichaceae 124 135	Niedrig	✓ Clostridia 123 131	Normal
✓ Streptococcus 122 127 129	Normal	– Ruminococcaceae 122	Niedrig
– Intestinibacter 122	Hoch	✓ Akkermansia 132 133 137 138 139	Hoch
✓ Sutterella 130	Normal		
✓ Enterobacteriaceae 136 143	Normal		

Darmschleimhaut



Hervorragend!

✓ sehr gut
– verbesserbar

Weiter so!

Erklärung

Die Darmschleimhaut gilt als Barriere und Schutzschicht vor Schadstoffen. Zusätzlich dient sie zur Aufnahme von Flüssigkeiten und Nährstoffen. Deine Bakterien bestimmen wie viel vom Schleim angeregt oder zersetzt wird. Der Schleim sorgt dafür, dass deine Darmbakterien genügend Abstand zur Schleimhaut halten, um die ansässigen Immunzellen nicht permanent zu reizen und so einen entzündlichen Prozess auszulösen.

Regenerierende Bakterien helfen die Darmschleimwand intakt zu halten und Darmentzündungen zu vermindern. Wenn deine Bakterien in einem Ungleichgewicht sind, kann es zu einem vermehrten Abbau des Schleims kommen, was eine Reduktion dieser wichtigen Schutzschicht zur Folge hat. Eine Störungsart dieser Darmbarriere nennt sich "Leaky Gut". Bei einem "löchrigen Darm" werden die Verbindungen, sogenannte "tight junctions", zwischen den Schleimhautzellen gelockert. Dadurch entstehen ungewollte Zwischenräume, die es erlauben, dass Giftstoffe die Darmbarriere überwinden und somit in den Blutkreislauf eindringen können.

Beachte bitte, dass auch eine erniedrigte Diversität und ein erhöhtes Verhältnis von Firmicutes zu Bacteroidetes ausschlaggebend für eine gesunde Darmschleimhaut sind. Diese Werte sind in den vorigen Kapiteln beschrieben. ^{181,182,187,190}

Risikofaktoren

Zu den Auslösern von Leaky Gut zählen Infektionen, Medikamente, chronische Entzündungen oder der Verzehr von Giftstoffen.

Assoziationen

Damit assoziierte Bakterien	Dein Ergebnis	Davor schützende Bakterien	Dein Ergebnis
✓ Collinsella 192 227	Normal	✓ Lactobacillus 193 194 195	Normal
✓ Bilophila 205 214 230	Normal	✓ Oscillibacter 214	Normal
✓ Sutterella 130 204 205	Normal	– Faecalibacterium prausnitzii 70 203 206 218 219 222 223	Niedrig
		✓ Ruminococcus 207 207 213 213 224 225	Normal
		✓ Akkermansia muciniphila 100 137 209 210 211 212 213 214 217	Normal

Reizdarmsyndrom


Verbesserbar!


Unterstütze deine Bakterien mit ein paar kleinen Tricks. Diese findest du bei deinen Verbesserungsvorschlägen.

Erklärung

Das Reizdarmsyndrom ist eine funktionelle Störung des Verdauungssystems. Auch wenn diese Störung nicht lebensgefährlich ist, mindert sie oft die Lebensqualität. Ein Reizdarmsyndrom äußert sich oft durch Verstopfung, Durchfall, Blähungen oder Schmerzen. Daher kann sich auch oft die Konsistenz des Stuhls verändern.^{271,272}

Risikofaktoren

Es gibt meist viele Faktoren, die zu einem Reizdarmsyndrom führen können. Oft werden Stress und Emotionen damit in Verbindung gebracht. Weitere Auslöser, welche die Symptomatik und die oben gelisteten Gründe verstärken können, sind Fehlernährung und Nährstoffmangel, andere Erkrankungen, Giftstoffe, zu wenig Magensäure, Medikation, Infektionen und ein bakterielles Ungleichgewicht.

Assoziationen

Damit assoziierte Bakterien	Dein Ergebnis	Davor schützende Bakterien	Dein Ergebnis
✓ Blautia 233 242 244 246 249	Normal	– Bifidobacterium 236 250 254 255 258 259 260 261	Niedrig
✓ Dorea 235 236 242 244	Normal	✓ Bacteroides 238 242 244	Normal
✓ Ruminococcus 242 252 254 255 256 257	Normal	✓ Odoribacter 241 242 244 265	Hoch
– Dialister 242 252	Hoch	– Faecalibacterium prausnitzii 234 235 238 240 241 244 264 265 266 267	Niedrig
✓ Veillonella 205 239 240 241 258	Normal	✓ Akkermansia muciniphila 212 236 238 266	Normal
✓ Gammaproteobacteria 244 259	Normal		
✓ Enterobacteriaceae 242 247 248 253 253 267	Normal		

Darm-Hirn-Achse


Verbesserbar!


Unterstütze deine Bakterien mit ein paar kleinen Tricks. Diese findest du bei deinen Verbesserungsvorschlägen.

Erklärung

Darm über Kopf! Deinen Darm verbinden mit deinem Gehirn über 100 Millionen Nervenzellen. Daher steht dein Darm mit deinem Gehirn in einem ständigen Informationsaustausch. Das Nervensystem deines Darms verwendet die gleichen Neurotransmitter (Informationsüberträger zwischen Zellen) wie dein Gehirn. Diese Informationsüberträger sind auch bei psychischen Erkrankungen, wie etwa Depressionen, wichtig. Der Stoffwechsel deiner Bakterien im Verdauungstrakt kann die Balance von diesen Informationsüberträgern, wie Noradrenalin, GABA, Dopamin oder Serotonin, stören und somit deinen Gemütszustand beeinflussen. ^{117,310,311}

Risikofaktoren

Es gibt meist viele Faktoren, die zu Antriebslosigkeit oder Niedergeschlagenheit beitragen können. Oft sind es körperliche oder situationsabhängige Ursachen wie chronische Erkrankungen, Störungen im Hormonhaushalt oder auch dauerhafter Stress und Konflikte, Einsamkeit oder Schicksalsschläge.

Assoziationen

Damit assoziierte Bakterien	Dein Ergebnis	Davor schützende Bakterien	Dein Ergebnis
✓ Eggerthella 292 299 316 317	Normal	– Bifidobacterium 301 303 305 316 318 319	Niedrig
✓ Bacteroidaceae 250 309	Normal	✓ Coprococcus 295 298 307 308	Normal
✓ Paraprevotella 205 292 300	Normal	– Faecalibacterium 295 297 299 311 315	Niedrig
✓ Alistipes 250 306 309 314 315	Normal	✓ Ruminococcus 296 297 311 312 315	Normal
✓ Turicibacter 205 292 316 317	Normal	✓ Dialister 43 307 311	Hoch
✓ Lachnospiraceae 250 287 288 289 290 308	Normal		
✓ Anaerostipes 287 292 299 312	Normal		

Darm-Herz-Achse


Verbesserbar!


Unterstütze deine Bakterien mit ein paar kleinen Tricks. Diese findest du bei deinen Verbesserungsvorschlägen.

Erklärung

Erkrankungen des Gefäßsystems und/oder des Herzens (kardiovaskuläre Erkrankungen) betreffen ungefähr ein Drittel der Bevölkerung. Erst unlängst wurde gezeigt, dass das Darm-Mikrobiom bei der Entstehung solcher Krankheiten beteiligt ist.

Risikofaktoren

Bakterien verstoffwechseln bestimmte Substanzen wie Choline und L-Carnitin, die z.B. in Eiern und Milch vorhanden sind, zu Trimethylamin. Diese werden im Anschluss in der Leber zu Trimethylamine N-oxide (TMAO) umgewandelt. TMAO fördert die Cholesterolaufnahme und kann so zur Entstehung von Herz-Kreislauferkrankungen beitragen. Zusätzlich kann eine gestörte Barrierefunktion der Darmschleimhaut (siehe Leaky Gut) eine Entzündungskaskade auslösen. Hierbei können Stoffwechselprodukte von Bakterien in das Blutkreislaufsystem eindringen und bei der Entwicklung von Atherosklerose (Ablagerung von Fett, Blutgerinnseln, Bindegewebe und Kalk in den Blutgefäßen) und Herzinsuffizienz (Schwäche des Herzmuskels) mitwirken.^{271,347,348}

Assoziationen

Damit assoziierte Bakterien	Dein Ergebnis	Davor schützende Bakterien	Dein Ergebnis
✓ Alistipes 327 338 343 352	Normal	✓ Bacteroides 343 345 352	Normal
✓ Parabacteroides 327 338 343	Normal	✓ Odoribacter splanchnicus 326	Normal
✓ Desulfovibrio 327 338	Normal	✓ Prevotella 338 352	Normal
✓ Enterococcus 327 330	Normal	✓ Roseburia 113 330 340 352 354 355	Normal
✓ Hungatella 341 342 353	Normal	– Faecalibacterium 330 352 354	Niedrig
✓ Enterobacteriaceae 337 352	Normal	✓ Subdoligranulum 330	Normal
– Escherichia-Shigella 330 342	Hoch		

Darm-Leber-Achse


Verbesserbar!


Unterstütze deine Bakterien mit ein paar kleinen Tricks. Diese findest du bei deinen Verbesserungsvorschlägen.

Erklärung

Deine Leber ist das wichtigste Stoffwechselorgan. Sie ist die Entgiftungszentrale des Körpers und produziert Gerinnungsfaktoren und Gallenflüssigkeit. Wie stark sie tagtäglich in Anspruch genommen wird, hängt unter anderem von deiner intakten Darmfunktion ab. Dein Darm und deine Leber stehen im konstanten Kontakt und sind über den Blutkreislauf (Pfortader) verbunden. Über dieses große Blutgefäß gelangen nicht nur Nährstoffe, sondern auch bakterielle Bestandteile in die Leber. Bei der Analyse konzentrieren wir uns auf die Assoziation zwischen Darmbakterien und der nicht-alkoholischer Fettleber. Bitte achte auf das Firmicutes:Bacteroidetes-Verhältnis. Jener Wert ist im vorherigen Kapitel beschrieben.^{376,379,380,381}

Risikofaktoren

Risikofaktoren für eine Dysbalance der Darm-Leber-Achse sind oft ein ungesunder Lebensstil und Medikamente. Oft tritt eine Dysbalance der Darm-Leber-Achse auch als Begleiterscheinung von chronischen Erkrankungen auf.

Assoziationen

Damit assoziierte Bakterien	Dein Ergebnis	Davor schützende Bakterien	Dein Ergebnis
✓ Prevotella 372 373 376 387	Normal	✓ Odoribacter 366 367 385	Hoch
✓ Enterococcus 373 382 383	Normal	✓ Coprococcus 103 366 366 387	Normal
✓ Streptococcus 363 373 384 385 386	Normal	✓ Oscillibacter 103 366 377 385 387 389	Normal
✓ Blautia 387 388	Normal	✓ Oscillospira 376 386 392	Normal
– Veillonellaceae 365 367 373 375 382 383	Hoch	– Ruminococcaceae 103 364 365 369 372 375 382 383 385 387 391	Niedrig
✓ Enterobacteriaceae 373 382 383	Normal	– Faecalibacterium 363 374	Niedrig
✓ Haemophilus 373	Normal		

Darm-Haut-Achse



Hervorragend!



Weiter so!

Erklärung

Deine Haut und dein Darm sind beides Organe mit dichten Gefäßstrukturen und reich an Nervenfasern. Insgesamt setzt sich deine Darm-Haut-Achse aus einem komplexen Kommunikationsnetzwerk zusammen, welches das Immunsystem, das Hormonsystem (endokrines System), das metabolische System (Stoffwechsel) und das Nervensystem beinhaltet. Ein Ungleichgewicht der Darmbakterien konnte in jüngsten Studien mit Psoriasis und atopischer Dermatitis in Verbindung gebracht werden.^{421,422,423}

Risikofaktoren

Bei Stress können bestimmte Darmbakterien Neurotransmitter produzieren, die einen negativen Effekt auf Hautfunktionen haben können. Ernährung und Medikamente können deine Haut über Nährstoff-Signalübertragung und langkettige Fettsäuren beeinflussen. Hierbei wird ein spezifisches Protein (SREBP-1) sowie der Aufbau von Fettsäuren aktiviert, was wiederum die Beschaffenheit der Haut beeinflusst. Beachte auch, dass Leaky Gut Einfluss auf die Entstehung von Psoriasis haben kann.^{405,406,407,408}

Assoziationen

Damit assoziierte Bakterien	Dein Ergebnis	Davor schützende Bakterien	Dein Ergebnis
✓ Collinsella 411 412	Normal	✓ Bacteroidaceae 409 411	Normal
✓ Bacteroides 401 410 411 415 417	Normal	✓ Prevotellaceae 409 411	Normal
✓ Parabacteroides 401 411 417	Normal	✓ Prevotella 409 415	Normal
✓ Lachnospiraceae 401 409 411	Normal	✓ Rikenellaceae 411	Normal
✓ Blautia 411 412 413 416 417	Normal	✓ Tannerellaceae 411	Normal
✓ Ruminococcaceae 411 416	Niedrig		

Insulinhaushalt


Verbesserbar!


Unterstütze deine Bakterien mit ein paar kleinen Tricks. Diese findest du bei deinen Verbesserungsvorschlägen.

Erklärung

Das Hormon Insulin wird von der Bauchspeicheldrüse produziert und regelt den Blutzuckerspiegel, indem es den vom Körper aufgenommenen Zucker in deine Zellen befördert. Je nachdem ob und wie schnell der Glukosespiegel im Blut nach dem Essen sinkt, sieht man wie gut Körperzellen auf Insulin ansprechen. Sinken die Werte nicht in einem gewissen Zeitraum, das heißt der Zucker staut sich in den Gefäßen, kann dies auf eine Zuckerstörung hindeuten. Deine Darmbakterien beeinflussen die Aufnahme und Verwertung des Zuckers und somit deine Blutzuckerwerte. ^{392,444,445,446}

Risikofaktoren

Oft begünstigen Bewegungsmangel, Übergewicht und Stress eine Störung des Insulinhaushaltes.

Assoziationen

Damit assoziierte Bakterien	Dein Ergebnis	Davor schützende Bakterien	Dein Ergebnis
✓ Collinsella 430 431 435 447	Normal	– Erysipelotrichaceae 448 452	Niedrig
✓ Eggerthella 109 428 447 448	Normal	✓ Lachnospiraceae 439 448 452 453	Normal
✓ Alistipes 448	Normal	✓ Roseburia 440 441 443 448 453	Normal
✓ Parabacteroides 432 448 450	Normal	– Faecalibacterium 432 436 442 443	Niedrig
✓ Coprococcus 429	Normal		
✓ Ruminococcus 432 443 452 453	Normal		
✓ Veillonella 109 443 451 454	Normal		

Gelenksgesundheit


Verbesserbar!


Unterstütze deine Bakterien mit ein paar kleinen Tricks. Diese findest du bei deinen Verbesserungsvorschlägen.

Erklärung

Die rheumatoide Arthritis ist eine Autoimmunerkrankung, die hauptsächlich die Gelenke betrifft. Hierbei kommt es zu ständigen Entzündungen und Zerstörungen der Gelenke und Knochen, weil sich der Körper gegen seine eigenen Zellstrukturen richtet. Der Mechanismus ist sehr komplex und abhängig von angeborenen und erworbenen Immunantworten. Hierbei spielen die Durchlässigkeit der Darmschleimhaut und Mikrobiomdysbalancen eine Rolle, weil sie das Immunsystem aus dem Gleichgewicht bringen.⁴⁹⁰

Risikofaktoren

Rheumatoide Arthritis ist das Ergebnis aus genetischen, umweltbedingten und hormonellen Faktoren. Bakterielle und virale Erreger wurden ebenso bereits als Verursacher für eine schlechte Gelenksgesundheit festgestellt.

Assoziationen

Damit assoziierte Bakterien	Dein Ergebnis	Davor schützende Bakterien	Dein Ergebnis
✓ Collinsella 192 464 474 480	Normal	– Bifidobacterium 468 470 471 472 482 483	Niedrig
✓ Eggerthella 192 459 476 481	Normal	✓ Bacteroidaceae 462 470	Normal
✓ Prevotella 458 461 466 478 479 488	Normal	✓ Bacteroides 458 460 462 463 465	Normal
✓ Bacilli 475 477	Normal	✓ Roseburia 463 484	Normal
✓ Lactobacillus 478	Normal	– Faecalibacterium prausnitzii 192 460 468 469 477	Niedrig

Verbesserungsvorschläge

Über die Empfehlungen

Wir haben hier Verbesserungsempfehlungen für dich aufgelistet. Nicht alle werden auf dich zutreffen. Nahrungsunverträglichkeiten und persönliche Vorlieben haben wir bei den Empfehlungen nicht in Betracht gezogen. Versuche herauszufinden, welche dir am besten tun und du auch leicht in deinen Alltag integrieren kannst.

Persönliche Empfehlungen

Enterotyp 1 — Enterotyp

Laut deines Enterotypen isst du viel tierisches Eiweiß. Eine ballaststoffreiche Ernährung würde dir gut tun. Ballaststoffe erhöhen sowohl die Vielfalt als auch die Stabilität des Mikrobioms. Was den Fettkonsum betrifft, so wäre eine Ernährung mit mehr ungesättigten Fettsäuren (Nüsse, Leinöl, Avocado) als gesättigten Fettsäuren, wie sie in Fertigprodukten, tierischen Lebensmitteln und gehärteten Fetten vorkommen, gut für deine Darmbakterien. Die Qualität des Eiweißes ist entscheidend, deshalb solltest du auf die biologische Wertigkeit achten und viele Eiweißquellen miteinander kombinieren. Falls du täglich Fleisch isst, könntest du mehr pflanzliche Eiweißquellen, wie eine Kombinationen aus Hülsenfrüchten, integrieren. Dein täglicher Eiweißbedarf liegt bei 0,8 g Eiweiß/ kg Körpergewicht.

Falls du dich vegetarisch/vegan ernährst bist du möglicherweise genetisch bedingt Enterotyp 1. Wenn du spürst, dass du Schwierigkeiten hast Kohlenhydrate zu verwerten, versuche mehr Tofu anstelle von Kohlenhydraten in deine Ernährung aufzunehmen, um zu sehen, ob sich deine Symptome verbessern.

Ernährungstipp:

für mehr pflanzliches Eiweiß: Chili non carne (Tofu mit Bohnen und Mais), Kartoffeln mit Ei, Salate mit Erbsen, Linsen, Bohnen und Kichererbsen.

für mehr Mikronährstoffe: integriere eine der folgenden Vitamin-E-Quellen in dein tägliches Müsli: Sonnenblumenkerne, Weizenkeime, Haselnüsse oder Mandeln. Wähle täglich eine Vitamin-A-Quelle und begleite eine Mahlzeit mit Karotten, Tomaten, Spinat, Grünkohl, grünen Bohnen oder Brokkoli. Brokkoli ist auch eine gute Quelle für Kalzium. Indem du Vollkornreis oder Vollkornnudeln wählst, nimmst du automatisch Folsäure zu dir. Blattsalat als Beilage wäre ein guter Vitamin K Lieferant.

Trinke Grüntee — Probiotische Bakterien

Grüntee kann helfen probiotische Bakterien wie Bifidobakterien zu fördern, was sich positiv auf deine Diversität auswirken kann.

Ernährungstipp: trinke täglich eine Tasse Grüntee. ⁶⁹

Fett und Zucker-reduzierte Mandel/Soja-Produkte — *Insulinhaushalt*

Bevorzuge zuckerfreie Mandelmilch anstatt fettreiche Kokosmilch um das Diabetes-Risiko zu senken.

Ernährungstipp: greife zu fettarmen Sojajoghurt. Meide Vollfett Kokosmilch (-produkte).

Achte auf deinen Vitamin D Spiegel — *Reizdarmsyndrom*

Studien haben gezeigt, dass Personen, die an Reizdarm leiden, häufiger einen niedrigen Vitamin-D-Spiegel aufweisen. Umgekehrt könnte eine Behandlung des Mangels zur Linderung der Symptome führen. Achte darauf genug Vitamin D zu konsumieren.

Ernährungstipp: gehe im Sommer mindestens 10 Minuten am Morgen ohne Sonnencreme in die Sonne. Alternativ kannst du auch Vitamin D-Tropfen nehmen, jedoch bitte konsultiere deine Ärztin/Arzt davor! ²⁷⁰

Nasche Datteln und Kürbiskerne (Tryptophan). — *Darm-Hirn-Achse*

Das aus der Nahrung aufgenommene Serotonin kann die Hirn-Blut-Schranke nicht passieren. Daher sollte man genügend Tryptophan konsumieren. Tryptophan ist eine essenzielle Aminosäure und wird im Körper zu Serotonin (Neurotransmitter) umgewandelt. Tryptophan kann so helfen depressive Stimmungen, Angstzustände und Stress zu mindern und die Leistungsfähigkeit zu steigern. Beachte, dass ein einzelnes tryptophanhaltiges Lebensmittel nicht ausreicht, um die Stimmung zu beeinflussen.

Ernährungstipp: snacke einen Mix aus Datteln, Feigen und Kürbiskernen zwischendurch. Frühstücke 2x die Woche mit Kürbiskernbrot und Avocado-Aufstrich. ^{323,324,325}

Perillaöl/Chiasamen/Fischöl helfen — *Darm-Leber-Achse*

Die in Chiasamen, Perillaöl und Fischöl enthaltenen Fettsäuren unterstützen deine Leber und tragen zu gesunden Blutfetten bei.

Ernährungstipp: täglich einen Esslöffel Chiasamen in Wasser aufweichen und trinken. ^{283,356,360,398,399}

Trauben, Auberginen, Rotkraut — *Darm-Herz-Achse*

Anthocyane sind kraftvolle Antioxidantien, die mit sogenannten freien Radikalen reagieren, bevor diese wichtige Strukturen im Körper zerstören oder verändern können. Diese verhindern verfrühte Zellalterung und unterstützen das Herz dabei, die Formation von Blutgerinnseln zu vermeiden. Um arteriosklerotischen Veränderungen entgegenzuwirken, sollte auf eine ausreichende Versorgung mit Antioxidantien geachtet werden.

Ernährungstipp: iss jeden Tag ein blaues oder violettes Obst/Gemüse: Rotkraut, Melanzani/Aubergine, Blaubeeren, Brombeeren, Holunderbeeren, Trauben, Pflaumen, Feigen.^{350,351}

Walnussöl tut gut — Gelenksgesundheit

Walnussöl wirkt entzündungshemmend.

Ernährungstipp: nimm jeden Tag einen Esslöffel Walnussöl zu dir.⁴⁹²

Setze auf Knoblauch! — Entzündung

Wenn du dein Essen mit Knoblauch würzt, kann dies entzündungshemmend wirken und dein Mikrobiom positiv beeinflussen. Knoblauch senkt das OXLD (=oxidierte low density lipoprotein), welches pro-inflammatorische Eigenschaften besitzt.

Ernährungstipp: nutze täglich Knoblauch als Gewürz. Ein Tipp ist das selbstgemachte Knoblauch-Olivenöl: Olivenöl mit frisch gepresstem Knoblauch in ein luftdichtes Gefäß in den Kühlschrank stellen (länger haltbar) und täglich einen Teelöffel verzehren. Jedoch bitte Vorsicht: Knoblauch wirkt gerinnungshemmend und blutdrucksenkend!^{6,19,20,164}

Bevorzuge dunkle Schokolade. — Zuckerstoffwechsel

Flavonoide sind sekundäre Pflanzenstoffe die auch in dunkler Schokolade enthalten sind. Sie besitzen sowohl stoffwechselunterstützende als auch antioxidative Wirkungen.

Ernährungstipp: wenn du Lust auf Süßes hast, bevorzuge die dunkle (>70%) Schokolade.^{83,84}

Allgemeine Empfehlungen

Mikrobielle Gesundheit

Die folgenden Tipps helfen dir deine mikrobielle Gesundheit zu verbessern:

Probiotische Lebensmittel unterstützen.

Probiotische Lebensmittel enthalten unterschiedliche Bakterienstämme, welche die Regeneration des Darms unterstützen. Beispiele für probiotische Lebensmittel sind Sauerkraut (naturbelassen), Kombucha und (Soja)joghurt.

Präbiotische Lebensmittel helfen.

Präbiotische Lebensmittel unterstützen deine Bakterien durch die enthaltenen Fasern und Nährstoffe, da diese eine essenzielle Rolle in der Regeneration deiner Darmschleimhaut spielen und deine Darmbakterien füttern. Als präbiotische Lebensmittel gelten z.B. Spargel, Artischocken, Bananen, Chicorée, Auberginen, Honig, Lauch, Zwiebel und Topinambur. Versuche jene in deine tägliche Nahrungsaufnahme einzubauen (natürlich nur jene, die du auch verträgst!).

Iss mehr fermentierte Lebensmittel.

Bakterien in fermentierten Lebensmitteln unterstützen die Verschiedenheit und den Artenreichtum in deinem Darm: frisches Sauerkraut, Miso, Tempeh (fermentierter Tofu), Apfelessig (zuckerfrei, naturbelassen), Essiggurken (naturbelassen) und Kimchi.

Iss mindestens 5 Portionen Obst/Gemüse täglich!

Durch den Konsum von reichlich Gemüse und Früchten, wird das Mikrobiom diverser (=unterschiedlicher). Es gilt hier je bunter desto besser.

Ernährungstipp für mehr Gemüse/Obst: frühstücke Müsli mit 1 Apfel/Banane. Als Zwischensnack iss eine Handvoll Beeren. Nimm mittags Fleisch/Fisch/Tofu mit Nudeln und gekochtem Gemüse (Brokkoli, Karotten, Karfiol) zu dir. Integriere Gemüse, wie Tomaten, Zwiebel und Essiggurken, zum Abendbrot. ^{5,6,7,8,9,10,11,12}

Bauchschmerzen

Bei Bauchschmerzen können die folgenden Empfehlungen Linderung verschaffen:

Menthol (Pfefferminze) hilft bei Krämpfen.

Menthol hilft bei Muskelkrämpfen im Darm und kann Schmerzen reduzieren. Menthol stimuliert das Einströmen von Kalzium in die Zellen der glatten Muskulatur und führt so zu einer Entspannung. Zusätzlich aktiviert Menthol einen „Anti-Schmerz-Kanal“ in den Wänden des Dickdarms. Dadurch kann bei einer Übersensibilisierung die Schmerzwahrnehmung gedämpft werden. Menthol kommt in natürlicher Weise in Pfefferminze vor. Probiere es daher mal mit frischem Pfefferminztee. Sei aber vorsichtig mit der Dosierung, solltest du anfällig für Reflux sein!

Thymol und Carvacrol (Thymian) wirken unterstützend.

Thymol und Carvacrol sind ätherische Öle, die vor allem im Thymian vorkommen. Thymian hat zusätzlich einen hohen Gehalt an Lamiaceengerbstoffen und Flavonoiden. Thymian hat eine beruhigende Wirkung auf die Verdauung und unterstützt zusätzlich die Reinigung deines Darms.

Alliin (Knoblauch) lindert.

Knoblauch, ein Präbiotikum mit dem Hauptwirkstoff Alliin, enthält ätherische Öle und Flavonoide, sowie Vitamine und Mineralstoffe. Das Lauchgewächs fördert unser Immunsystem und sorgt zusätzlich für den Aufbau von Bakterien im Darm. Knoblauch bringt nachgewiesene antibiotische, antivirale und entzündungshemmende Wirkungseigenschaften mit sich. Auch Bauchschmerzen können dadurch vermindert werden. Aber Achtung! Knoblauch enthält ebenso Phenprocoumon und Warfarin. Diese Stoffe wirken gerinnungshemmend!

Fenchel hilft!

Fenchel enthält Anethole, welche dem Dopamin ähneln. Somit kann eine Tasse Fencheltee bei Bauchschmerzen Abhilfe leisten. ^{1,6,13,14,17,19,20}

Blähungen und Blähbauch

Wenn du regelmäßig unter Blähungen leidest versuche es mit diesen Tipps:

Bitterstoffe und ätherische Öle (Ingwer) wirken unterstützend.

Bitterstoffe und ätherische Öle sind beispielsweise in Ingwer enthalten. Sie aktivieren die Darmperistaltik und können so Blähungen lindern. Zusätzlich unterstützt Ingwer deinen Stoffwechsel. Versuche mal einen Ingwer-Tee oder frischen Ingwer in deine Mahlzeiten einzubauen.

Vermeide kohlenstoffhaltige Getränke.

Versuche Soft Drinks und kohlenstoffhaltige Getränke zu reduzieren. Jene begünstigen Blähungen und einen Blähbauch.

Cuminaldehyde (Kümmel, Fenchel) tut gut.

Cuminaldehyde unterstützen die Bildung von Verdauungssäften, wie Speichel, Magensaft, Gallensekret und Bauchspeichel, was sich positiv auf deine Verdauungsprozesse auswirkt und diese somit verbessern kann. Cuminaldehyde lindern so vor allem Blähungen und sind z.B. in Kümmel, Kreuzkümmelsamen (Cumin) oder Fenchel enthalten. Ballaststoffe, wie z.B. Hülsenfrüchte, werden durch die Zugabe von Kreuzkümmel leichter verdaulich.

Verringere Süßungsmittel

Einige Menschen reagieren auf Süßungsmittel mit Flatulenzen. Versuche Süßungsmittel zu reduzieren um deine Symptome zu lindern. Des Weiteren stehen Süßungsmittel im Verdacht die Kommunikationssignale einzelner Bakterienarten zu hemmen und somit das Wachstum der verschiedenen Bakterien unterschiedlich zu beeinflussen. ^{2,21,22,23,24,35}

Verstopfung

Die folgenden Tipps helfen Verstopfung in den Griff zu bekommen:

Versuche eine Bauch-Massage.

Massiere deinen Bauch für mindestens 5 Minuten. Lege dich hierfür auf den Rücken und führe leichte trommelnde Bewegungen mit deinen Fingerkuppen auf deiner Bauchdecke aus. Dieser Reiz überträgt sich auf die Bauchorgane und regt die Darmtätigkeit an.

Oleuropein (Olivenblattextrakt) tut gut.

Oleuropein ist ein Wirkstoff, der z.B. in Olivenblattextrakten vorkommt. Er hilft, den Magen und Darm zu beruhigen, fördert regelmäßigen Stuhlgang und das Ausscheiden von Giftstoffen.

Sanddorn ist ein Wundermittel.

Sanddorn ist ein wahres Wundermittel. Er enthält größere Mengen an Vitamin B1 und B6, welche für ein funktionierendes Nervensystem benötigt werden. Eine Unterversorgung der Vitamine kann Verdauungsprobleme mit sich ziehen. Sanddorn hat eine stark abführende Wirkung, da er die Darmbewegung anregt. Zusätzlich entgiftet er die Schleimhaut und beruhigt diese. Probiere doch mal leckeren Sanddorn-Tee oder auch Saft!

Nimm Flohsamenschalen zu dir.

Flohsamenschalen enthalten Schleimstoffe (löslichen Ballaststoffen). Sie quellen im Darm auf, regen die Verdauung an und erleichtern die Darmentleerung.

Ernährungstipp: löse 1 EL Flohsamenschalen in einem Glas Wasser auf und trinke ein Glas Wasser nach.

Dörripflaumen regen die Verdauung an.

In Dörripflaumen sind Laxantien enthalten, welche bei Verstopfungen helfen.

Ernährungstipp: iss drei Dörripflaumen und trinke anschließend ein Glas Wasser. ^{3,4,25,26,27,28,29,30,31}

Durchfall

Durchfall kann den Alltag erheblich beeinträchtigen, die folgenden Empfehlungen verschaffen Abhilfe:

Versuche Wasser-bindende Schleimstoffe (Flohsamenschalen, Reis, Hafer).

Wasser-bindende Schleimstoffe helfen, den Stuhl zu festigen. Diese binden sich z.B. in gekochtem Reis, Zwieback, Haferflocken oder auch in Flohsamenschalen. Vermeide eine Kombination mit blähenden Lebensmitteln, wie Bohnen oder Kohl.

Ernährungstipp: frühstücke mit einem Haferflockenbrei und mische getrocknete Heidelbeeren unter. Mische 1 EL Flohsamenschalen in dein Essen.

Iss mehr stärkehaltige Nahrungsmittel (Bananen, geriebene Äpfel).

Stärkehaltige Nahrungsmittel begünstigen die Produktion festeren Stuhls und können die Anzahl an

Toilettengängen reduzieren. Achte auf stärkehaltige Lebensmittel, die frei von Substanzen sind, die deinen Magen oder deinen Darm weiter irritieren könnten. Stärkehaltige Lebensmittel sind beispielsweise Bananen und geriebene Äpfel. Warte am besten bis der Apfel braun geworden ist, bevor du ihn verzehrst.

Gerbstoffe (Johanniskraut, getrocknete Heidel-/Blaubeeren) unterstützen.

Gerbstoffe bewirken ein Zusammenziehen der Schleimhäute, indem sie Eiweiße binden. Dadurch gelangen Durchfallerreger nicht so einfach in den Darm und weniger Elektrolyte gehen verloren. Getrocknete Heidel-/Blaubeeren (und -Blätter), getrocknete Brombeeren (und -Blätter), Johanniskraut und Gänsengerkraut enthalten viele Gerbstoffe. Daraus lassen sich herrliche Tees brauen. Blätter zur Teeherstellung findest du in jeder Apotheke. Wichtig ist jedoch die getrocknete Variante zu konsumieren, denn frische Beeren können eine gegenteilige Wirkung bezwecken und abführend wirken.^{32,33}

Bakterienliste

Diese Bakterienliste zählt alle gefundenen Bakteriengattungen in dieser Probe auf. Die Abundanz beschreibt mit welcher Häufigkeit (%) ein Bakterium in der Probe vorkommt.

Phylum	Gattung	Abundanz (%)	Referenz (%)
Euryarchaeota	Methanobrevibacter	0,03 ↑	0,00 - 0,00
Actinobacteriota	Bifidobacterium	0,02 ↓	0,04 - 0,76
Actinobacteriota	Collinsella	0,06	0,00 - 0,26
Actinobacteriota	Gordonibacter	0,02 ↑	0,00 - 0,00
Actinobacteriota	Senegalimassilia	0,05 ↑	0,00 - 0,02
Bacteroidota	Bacteroides	17,45	12,44 - 31,36
Bacteroidota	Barnesiella	1,06	0,16 - 2,08
Bacteroidota	Coprobacter	0,08	0,00 - 0,28
Bacteroidota	Butyricimonas	0,46 ↑	0,00 - 0,24
Bacteroidota	Odoribacter	1,26 ↑	0,12 - 0,44
Bacteroidota	Prevotella	8,53	0,00 - 10,44
Bacteroidota	Alistipes	4,44	1,56 - 5,46
Bacteroidota	Parabacteroides	1,37	1,02 - 3,48
Desulfobacterota	Bilophila	0,15	0,02 - 0,36
Firmicutes	Erysipelotrichaceae UCG-003	0,02	0,02 - 0,36
Firmicutes	UCG-004	0,01 ↑	0,00 - 0,00
Firmicutes	Turicibacter	0,02	0,00 - 0,06
Firmicutes	Streptococcus	0,13	0,02 - 0,24
Firmicutes	Christensenellaceae R-7 group	0,70	0,04 - 1,60
Firmicutes	Clostridium sensu stricto 1	0,09 ↑	0,00 - 0,06
Firmicutes	Defluviitaleaceae UCG-011	0,03 ↑	0,00 - 0,02
Firmicutes	Anaerostipes	0,06	0,02 - 0,30
Firmicutes	Blautia	0,11	0,00 - 0,12
Firmicutes	CAG-56	0,02 ↑	0,00 - 0,00
Firmicutes	Coprococcus	0,35	0,06 - 1,70
Firmicutes	Lachnoclostridium	0,45	0,14 - 0,70
Firmicutes	Lachnospira	1,27	0,00 - 1,90
Firmicutes	Lachnospiraceae FCS020 group	0,10	0,02 - 0,30
Firmicutes	Lachnospiraceae NC2004 group	0,22	0,00 - 0,36

Phylum	Gattung	Abundanz (%)	Referenz (%)
Firmicutes	Lachnospiraceae ND3007 group	1,20	0,20 - 2,32
Firmicutes	Lachnospiraceae NK4A136 group	0,08 ↑	0,00 - 0,00
Firmicutes	Lachnospiraceae NK4B4 group	0,08 ↑	0,00 - 0,00
Firmicutes	Lachnospiraceae UCG-001	0,18	0,00 - 0,44
Firmicutes	Lachnospiraceae UCG-004	0,49 ↑	0,00 - 0,30
Firmicutes	Lachnospiraceae UCG-008	0,01	0,00 - 0,02
Firmicutes	Lachnospiraceae UCG-010	0,18	0,02 - 0,24
Firmicutes	Marvinbryantia	0,01 ↑	0,00 - 0,00
Firmicutes	Moryella	0,01	0,00 - 0,04
Firmicutes	Roseburia	0,10	0,00 - 0,14
Firmicutes	[Bacteroides] pectinophilus group	0,10 ↑	0,00 - 0,00
Firmicutes	[Eubacterium] eligens group	0,26	0,18 - 2,54
Firmicutes	[Eubacterium] hallii group	0,07	0,00 - 0,08
Firmicutes	[Eubacterium] ventriosum group	0,26 ↑	0,00 - 0,14
Firmicutes	Monoglobus	0,89 ↑	0,06 - 0,38
Firmicutes	Butyricoccus	0,03 ↓	0,10 - 0,48
Firmicutes	Colidextribacter	0,07	0,02 - 0,18
Firmicutes	Intestinimonas	0,03	0,00 - 0,06
Firmicutes	NK4A214 group	2,66 ↑	0,00 - 0,86
Firmicutes	Oscillibacter	0,01	0,00 - 0,08
Firmicutes	Oscillospira	0,06	0,00 - 0,10
Firmicutes	UCG-002	0,68 ↑	0,02 - 0,56
Firmicutes	UCG-003	0,16 ↑	0,00 - 0,12
Firmicutes	UCG-005	0,04	0,00 - 0,34
Firmicutes	Anaerotruncus	0,03 ↑	0,00 - 0,00
Firmicutes	DTU089	0,01	0,00 - 0,02
Firmicutes	Faecalibacterium	2,63 ↓	4,44 - 12,86
Firmicutes	Ruminococcus	0,65	0,12 - 1,60
Firmicutes	Subdoligranulum	0,71	0,20 - 2,20
Firmicutes	[Eubacterium] siraeum group	0,14	0,00 - 1,40
Firmicutes	Hydrogenoanaerobacterium	0,15 ↑	0,00 - 0,00

Phylum	Gattung	Abundanz (%)	Referenz (%)
Firmicutes	Family XIII AD3011 group	0,05	0,00 - 0,06
Firmicutes	Family XIII UCG-001	0,03	0,00 - 0,04
Firmicutes	Intestinibacter	0,02 ↑	0,00 - 0,00
Firmicutes	Ruminiclostridium	0,01 ↑	0,00 - 0,00
Firmicutes	Phascolarctobacterium	0,10	0,00 - 1,84
Firmicutes	Dialister	7,40 ↑	0,00 - 2,60
Firmicutes	Veillonella	0,06	0,00 - 0,10
Patescibacteria	TM7x	0,01	0,00 - 0,02
Proteobacteria	Parasutterella	0,80	0,00 - 0,96
Proteobacteria	Sutterella	1,36	0,02 - 2,96
Proteobacteria	Escherichia-Shigella	0,01 ↑	0,00 - 0,00
Proteobacteria	Haemophilus	0,01	0,00 - 0,14
Verrucomicrobiota	Akkermansia	4,96 ↑	0,00 - 2,32

Über den Test

Über myBioma

Das Darm-Mikrobiom besteht zu 95% aus Darmbakterien. Diese Bakterien sind entscheidend wie man sich fühlt und auch wie gesund man ist. Sie trainieren unser Immunsystem von Geburt an und beeinflussen tiefgreifend die Entstehung vieler ernstzunehmender Erkrankungen wie Reizdarmsyndrom, Leaky gut Syndrom, Diabetes, Übergewicht, Parkinson oder sogar auch Darmkrebs.

Die myBioma Darm-Mikrobiom-Analyse ist das Lifestyle Produkt der Firma Biome Diagnostics GmbH, welche mittels modernster Methoden, intelligenter Algorithmen und den neuesten wissenschaftlichen Publikationen den myBioma Mikrobiombericht erstellt. Die myBioma Analyse ist weltweit das einzig doppelt zertifizierte Produkt nach ISO 13485 und ISO 9001 im Mikrobiombereich, was für die Qualität der Analyse spricht. Um die Sicherheit des Produktes zu bewerkstelligen, besitzt Biome Diagnostics GmbH ein

Qualitätsmanagementsystem, welches die relevanten Anforderungen erfüllt und Prozesse so weit optimiert, dass Risiken und Fehler vermieden bzw. so gut wie möglich minimiert werden. Die ISO 13485 regelt die Anforderungen an Qualitätsmanagementsysteme für Produzenten von Medizinprodukten, somit werden die hohen Standards an Entwicklung, Herstellung und Inverkehrbringen von Medizinprodukten sichergestellt. Die ISO 9001 gewährleistet zusätzlich, dass kontinuierliche Verbesserungen der Produkte sowie Maßnahmen zur Produktsicherung vorgenommen werden.

Die Innovation der myBioma Analyse steckt in der einzigartigen Verknüpfung von Next-Generation-DNA-Sequenzierung (NGS) mit einer wachsenden Wissensdatenbank über die Interaktionen des Mikrobioms mit dem menschlichen Organismus.

Methoden & Einschränkungen

Bei der myBioma Mikrobiom-Analyse wird aus der Stuhlprobe die bakterielle DNA extrahiert, ein Marker (16S), das in allen Bakterien vorhanden ist, durch Polymerase-Kettenreaktion (PCR) amplifiziert und anschließend mittels Next-Generation-DNA-Sequenzierung (NGS) analysiert. NGS ist eine Methode zur genauen Bestimmung von einzelnen DNA-Basenpaaren. Biome Diagnostics analysiert die einzelnen DNA-Basenpaare von Darmbakterien, was die Identifizierung von kultivierbaren als auch nicht-kultivierbare Bakterien ermöglicht. Die Sequenzdaten werden unter Verwendung eines eigenen phylogenetischen Analysealgorithmus verarbeitet. Diese Analyse führt zur Identifizierung deines bakteriellen Darm-Mikrobioms.

Die Entwicklung des Analysetests sowie die bioinformatische Analytik und Interpretation der Daten nach der Sequenzierung wird von Biome Diagnostics durchgeführt. So gewährleistet das Unternehmen eine Standardisierung der Verfahrensschritte, welche für die Mikrobiom-Untersuchung essenziell ist und den Vergleich zu Folgeuntersuchungen ermöglicht.

Literaturverzeichnis

- [1] Portincasa P, et al. Curcumin and Fennel Essential Oil Improve Symptoms and Quality of Life in Patients with Irritable Bowel Syndrome. *J Gastrointest Liver Dis*;25(2):151-7. (2016).
- [2] Markus V, et al. Anti-Quorum Sensing Activity of Stevia Extract, Stevioside, Rebudioside A and Their Aglycon Steviol. *Molecules*. 25(22):5480. (2020).
- [3] Lever E, et al. Systematic review: the effect of prunes on gastrointestinal function. *Aliment Pharmacol Ther*. (2014).
- [4] Jalanka J, et al. The Effect of Psyllium Husk on Intestinal Microbiota in Constipated Patients and Healthy Controls. *International Journal of Molecular Sciences*. (2019).
- [5] Maier TV, et al. Impact of Dietary Resistant Starch on the Human Gut Microbiome, Metaproteome, and Metabolome. *American Soc. Microbiology mBio* 8:e01343-17. (2017).
- [6] Pallister T, et al. Food: a new form of personalised (gut microbiome) medicine for chronic diseases? *J R Soc Med*. 109(9):331-6. (2016).
- [7] Tillisch K, et al. Consumption of Fermented Milk Product With Probiotic Modulates Brain Activity. *Gastroenterology*. 144(7):10.1053/j.gastro.2013.02.043. (2013).
- [8] Schmidt K, et al. Prebiotic intake reduces the waking cortisol response and alters emotional bias in healthy volunteers. *Psychopharmacology* 232(10): 1793–1801. (2015).
- [9] Clarke SF, et al. Exercise and associated dietary extremes impact on gut microbial diversity. *Gut* 63, 1913. (2014).
- [10] Allen JM, et al. Exercise alters gut microbiota composition and function in lean and obese humans. *Med Sci Sports Exerc*. 50(4):747– 57. (2018).
- [11] Mitchell CM, et al. Does Exercise Alter Gut Microbial Composition? A Systematic Review. *Med Sci Sports Exerc*. 51(1):160-167. (2019).
- [12] Othaim A, et al. Amounts and Botanical Diversity of Dietary Fruits and Vegetables Affect Distinctly the Human Gut Microbiome, *Current Developments in Nutrition*, Volume 4, Issue Supplement_2 Page 1545. (2020).
- [13] Cappello G, et al. Peppermint oil (Mintoil) in the treatment of irritable bowel syndrome: a prospective double blind placebo-controlled randomized trial. *Dig Liver Dis*. 39(6):530-6. (2007).
- [14] Khanna R, et al. Peppermint oil for the treatment of irritable bowel syndrome: a systematic review and meta-analysis. *J Clin Gastroenterol*. 48(6):505-12. (2014).
- [15] Beißner F, et al. Therapeutische Empfehlungen, *Akupunkt* 61: 2. (2018).
- [16] Schmid CM, et al. Characterization of agonistic (aroma-active and physiologically active) compounds in thyme, oregano and marjoram, *Techn Univ München*. (2018).
- [17] Martín-Peláez S, et al. Effect of virgin olive oil and thyme phenolic compounds on blood lipid profile: implications of human gut microbiota. *Eur J Nutr* 56: 119. (2017).
- [18] Europäisches Arzneibuch (<http://www.edqm.eu>)
- [19] Ried K, et al. Potential of garlic (*Allium sativum*) in lowering high blood pressure: mechanisms of action and clinical relevance. *Integr Blood Press Control*. 7:71-82. (2014).
- [20] Sahebkar A, et al. Effect of garlic on plasma lipoprotein(a) concentrations: A systematic review and meta-analysis of randomized controlled clinical trials. *Nutrition*. 32(1):33-40. (2016).
- [21] Capili B, et al. Addressing the Role of Food in Irritable Bowel Syndrome Symptom Management. *J Nurse Pract*. 12(5):324-329. (2016).
- [22] Rowland I, et al. Gut microbiota functions: metabolism of nutrients and other food components. *Eur J Nutr* 57: 1. (2018).
- [23] Tianthong W, et al. A randomized, double-blind, placebo-controlled trial on the efficacy of ginger in the prevention of abdominal distention in post cesarean section patients. *Sci Rep*. 8(1):6835. (2018).
- [24] Singh RP, et al. Cuminum cyminum – A Popular Spice: An Updated Review. *Pharmacogn J*. 9(3):292-301. (2017).
- [25] Gentile L, et al. Oleuropein: Molecular Dynamics and Computation. 24(39):4315-4328. (2017).
- [26] Gavahian M, et al. Health benefits of olive oil and its components: Impacts on gut microbiota antioxidant activities, and prevention of noncommunicable diseases *Trends in Food Sc. & Tech*. 88:220-227. (2019).
- [27] Pacheco C, et al. Retention and pre-colon bioaccessibility of oleuropein in starchy food matrices, and the effect of microencapsulation by using inulin. *J. Funct. Foods* 41:112-117. (2018).
- [28] López de las Hazas MC, et al. Differential absorption and metabolism of hydroxytyrosol and its precursors oleuropein and secoiridoids. *J Funct Foods* 22: 52-63. (2016).
- [29] Zielińska A, et al. Abundance of active ingredients in sea-buckthorn oil. *Lipids Health Dis*. 16: 95. (2017).
- [30] Olas B, et al. The beneficial health aspects of sea buckthorn (*Elaeagnus rhamnoides* (L.) A.Nelson) oil. *J Ethnopharmacol*.;213:183-190. (2018).
- [31] Yang B, et al. Clinical evidence on potential health benefits of berries. *Curr Op Food Science* 2:36-42. (2015).
- [32] Dreher ML, et al. Starch digestibility of foods: a nutritional perspective. *Crit Rev Food Sci Nutr*. 20(1):47-71.(1984)
- [33] Lin AH, et al. Structure and Digestion of Common Complementary Food Starches. *J Pediatr Gastroenterol Nutr*. 66 Suppl 3:S35-S38. (2018).
- [34] Stargrove M, et al. Herb, Nutrient and Drug Interactions: Clinical Implications and Therapeutic Strategies, 1. Auflage. St. Louis, Missouri: Elsevier Health Sciences. (2008).
- [35] Markus V, et al. Inhibitory Effects of Artificial Sweeteners on Bacterial Quorum Sensing. *Int. J. Mol. Sci*. (2021).
- [36] Donaldson GP, et al. Gut biogeography of the bacterial microbiota. *Nat Rev Microbiol* 14, 20–32 (2015).
- [37] Li J, et al. An integrated catalog of reference genes in the human gut microbiome. *Nat Biotechnol* 32, 834–841 (2014).
- [38] De Angelis M, et al. Diet influences the functions of the human intestinal microbiome. *Sci Rep* 10, 4247 (2020).
- [39] Chatelier E, et al. Richness of human gut microbiome correlates with metabolic markers. *Nature* 500, 541 (2013).
- [40] Cotillard A, et al. Dietary intervention impact on gut microbial gene richness. *Nature* 500, 585 (2013).
- [41] Human Microbiome Project Consortium, A framework for human microbiome research, *Nature* 486(7402):215-221. (2012)
- [42] Lozupone CA, et al. Diversity, stability and resilience of the human gut microbiota. *Nature* 489, 220 (2012).
- [43] Yatsunenko T, et al. Human gut microbiome viewed across age and geography. *Nature* 486, 222 (2012).
- [44] Human Microbiome Project Consortium, Structure, function and diversity of the healthy human microbiome, *Nature* 486:207-214 (2012).
- [45] Martinez-Guryn M, et al. Regional diversity of the gastrointestinal microbiome, *Cell Host & Microbe* 26:314-324 (2019).
- [46] Masco L, et al. Polyphasic taxonomic analysis of *Bidobacterium animalis* and *Bidobacterium lactis* reveals relatedness at the subspecies level: reclassification of *Bidobacterium animalis* as *Bidobacterium animalis* subsp. nov. and *Bidobacterium lactis* as *Bidobacterium animalis* subsp. nov., *Int J Syst Evol Microbiol*. 54(4):1137-43 (2004).
- [47] O'Callaghan A, et al. Bifidobacteria and Their Role as Members of the Human Gut Microbiota. *Front Microbiol*. 7: 925 (2016).
- [48] Rivière A, et al. Bifidobacteria and Butyrate-Producing Colon Bacteria: Importance and Strategies for Their Stimulation in the Human Gut. *Front Microbiol*. 7: 979 (2016).
- [49] Naumova N, et al. Human Gut Microbiome Response to Short-Term Bifidobacterium-Based Probiotic Treatment. *Indian J Microbiol* 60, 451–457 (2020).
- [50] Malinen E, et al. Association of symptoms with gastrointestinal microbiota in irritable bowel syndrome. *World J Gastroenterol* 16, 4532–4540 (2010).
- [51] Markowiak-Kopeć, et al. The Effect of Probiotics on the Production of Short-Chain Fatty Acids by Human Intestinal Microbiome. *Nutrients* 12:1107 (2020).
- [52] Mayengbam S, et al. Impact of dietary fiber supplementation on modulating microbiota-host-metabolic axes in obesity. *J Nutritional Biochem* (2018).
- [53] Heeney DD, et al. Intestinal Lactobacillus in health and disease, a driver or just along for the ride? *Curr Opin Biotechnol*. 49:140-147 (2018).
- [54] Marco ML, et al. Health benefits of fermented foods: microbiota and beyond, *Curr Opin Biotechnol*. 44:94-102. (2017).
- [55] Holzapfel WH, et al. Taxonomy and important features of probiotic microorganisms in food and nutrition, *American J Clinical Nutrition*,73(2):365S–373 (2001).
- [56] Tingirikari JMR, Microbiota-accessible pectic poly- and oligosaccharides in gut health. *Food Funct*. 9(10):5059-5073 (2018).
- [57] Ndeh D, et al. Complex pectin metabolism by gut bacteria reveals novel catalytic functions. *Nature* 544(7648):65-70 (2017).
- [58] Tomas-Barberan FA, et al. Advances in Health-Promoting Food Ingredients. *J. Agric. Food Chem.*, 67, 33, 9121-9123 (2019).
- [59] Duda-Chodak A, et al. Interaction of dietary compounds, especially polyphenols, with the intestinal microbiota: a review, *Eur J Nutr*, 54(3):325-41 (2015).
- [60] Pasolli E, et al., Extensive Unexplored Human Microbiome Diversity Revealed by Over 150,000 Genomes from Metagenomes Spanning Age, Geography, and Lifestyle, *Cell*, 176(3):649-664 (2019).
- [61] King CH, et al. Baseline human gut microbiota profile in healthy people and standard reporting template. *PLoS ONE* 14(9): e0206484. (2019).
- [62] Ranjan R, et al. Multiomic Strategies Reveal Diversity and Important Functional Aspects of Human Gut Microbiome. *Biomed Res Int*.;6074918. (2018).
- [63] Massot-Cladera, et al. Gut Health-Promoting Benefits of a Dietary Supplement of Vitamins with Inulin and Acacia Fibers in Rats. *Nutrients*.12(8):2196.(2020).
- [64] Cronin P, et al. Dietary Fibre Modulates the Gut Microbiota. *Nutrients*.13, 1655.(2021).
- [65] Yang, et al. The effects of psyllium husk on gut microbiota composition and function in chronically constipated women of reproductive age using 16S rRNA gene sequencing analysis. *Aging (Albany NY)*.;13(11):15366-15383.(2021).
- [66] Fu, et al. Associations among Dietary Omega-3 Polyunsaturated Fatty Acids, the Gut Microbiota, and Intestinal Immunity. *Mediators of Inflammation* (2021).
- [67] Wawrzyniak P, et al. Nutritional Lipids and Mucosal Inflammation. *Mol. Nutr. Food Res*, 65, 1901269.(2021).
- [68] Tu, et al. Characterization of the Functional Changes in Mouse Gut Microbiome Associated with Increased Akkermansia muciniphila Population Modulated by Dietary Black Raspberries. *American Chemical Society* (2018).
- [69] Jin, et al. Effects of green tea consumption on human fecal microbiota with special reference to Bifidobacterium species. *Microbiology and Immunology*, 56: 729-739 (2012).
- [70] Arumugam M, et al. Enterotypes of the human gut microbiome. *Nature* 473, 174 (2011).
- [71] Wu GD, et al. Linking Long-Term Dietary Patterns with Gut Microbial Enterotypes. *Science* 334, 105–108 (2011).
- [72] Costea PI, et al. Enterotypes in the landscape of gut microbial community composition. *Nat Microbiol* 3, 8–16 (2018).
- [73] Ley RE, et al. Gut microbiota in 2015: Prevotella in the gut: choose carefully. *Nat Rev Gastroenterology Hepatology* 13, 69–70 (2016).

- [74] Ley RE, et al. Microbial ecology: Human gut microbes associated with obesity. *Nature* 444, 1022 (2006).
- [75] Schwirtz A, et al. Microbiota and SCFA in Lean and Overweight Healthy Subjects. *Obesity* 18, 190–195 (2010).
- [76] Whisner CM, et al. Diet, physical activity and screen time but not body mass index are associated with the gut microbiome of a diverse cohort of college students living in university housing: a cross-sectional study. *BMC Microbiol.*;18(1):210 (2018).
- [77] Langille MG, et al. Predictive functional proling of microbial communities using 16S rRNA marker gene sequences. *Nature Biotechnology* 31:814–821 (2013).
- [78] Gao J, et al. Predictive functional proling using marker gene sequences and community diversity analyses of microbes in full-scale anaerobic sludge digesters. *Bioprocess Biosyst Eng.* 39(7):1115–27 (2016).
- [79] Chen L, et al. Assessment of Bacterial Communities and Predictive Functional Proling in Soils Subjected to Short-Term Fumigation- Incubation. *Microb Ecol.* 72(1):240–251 (2016).
- [80] Hjorth MR, et al. Pre-treatment microbial Prevotella-to-Bacteroides ratio, determines body fat loss success during a 6-month randomized controlled diet intervention. *Int J Obes (Lond).* 42(3):580–583 (2018).
- [81] Vital M, et al. Metagenomic Insights into the Degradation of Resistant Starch by Human Gut Microbiota. *Appl Environ Microbiol.* 84(23) (2018).
- [82] Alfa MJ, et al. A randomized trial to determine the impact of a digestion resistant starch composition on the gut microbiome in older and mid-age adults, *Clinical Nutrition* 37, 797e807 (2018) .
- [83] Braune A, et al. Bacterial species involved in the conversion of dietary avonoids in the human gut, *Gut Microbes.* 7(3):216–34 (2016).
- [84] Aherne SA, et al. Dietary avonols: chemistry, food content, and metabolism, *Nutrition*;18(1):75–81 (2002) .
- [85] Xu Y, et al. Coenzyme Q10 Improves Lipid Metabolism and Ameliorates Obesity by Regulating CaMKII-Mediated PDE4 Inhibition, *Sci Rep.*;7(1):8253 (2017).
- [86] Samiento A, et al. Coenzyme Q10 Supplementation and Exercise in Healthy Humans: A Systematic Review, *Curr Drug Metab.*;17(4):345–58 (2016).
- [87] Merra G, et al. Influence of Mediterranean Diet on Human Gut Microbiota. *Nutrients.* (2020).
- [88] Machate DJ, et al. Fatty Acid Diets: Regulation of Gut Microbiota Composition and Obesity and Its Related Metabolic Dysbiosis. *International Journal of Molecular Sciences.* 21(11):4093 (2020).
- [89] Boschmann M, et al. Water Drinking Induces Thermogenesis through Osmosensitive Mechanisms, *The Journal of Clinical Endocrinology & Metabolism*, Volume 92, Issue 8, Pages 3334–3337 (2007).
- [90] Vij VA, et al. Effect of 'water induced thermogenesis' on body weight, body mass index and body composition of overweight subjects. *J Clin Diagn Res.*;7(9):1894–6. (2013).
- [91] Dinh, et al. The effects of green tea on lipid metabolism and its potential applications for obesity and related metabolic disorders - An existing update. *Diabetes & Metabolic Syndrome: Clinical Research & Reviews* 13. (2019).
- [92] Moon, et al. Clinical Evidence and Mechanisms of High-Protein Diet-Induced Weight Loss. *JOMES*;29:166–173. (2020).
- [93] Dietger M, et al. Energieverbrauch – Grundumsatz im Fit und gesund von 1 bis Hundert: Ernährung und Bewegung - Aktuelles medizinisches Wissen zur Gesundheit. Springer Berlin Heidelberg. (2018).
- [94] Elmadfa. Ernährungswissenschaft. (2015).
- [95] Lassen P, et al. Protein supplementation during an energy-restricted diet induces visceral fat loss and gut microbiota amino acid metabolism activation: a randomized trial. *Sci Rep* 11, 15620 (2021).
- [96] Hjorth MF, et al. Pretreatment Prevotella-to-Bacteroides ratio and markers of glucose metabolism as prognostic markers for dietary weight loss maintenance. *Eur J Clin Nutr* 74, 338–347 (2020).
- [97] Covasa M, et al. Intestinal Sensing by Gut Microbiota: Targeting Gut Peptides. *Front. Endocrinol.* (2019).
- [98] Fachgesellschaft für Ernährungstherapie und Prävention (FET) eV (Zugriff 12.08.2021).
- [99] Forslund K, et al. Disentangling type 2 diabetes and metformin treatment signatures in the human gut microbiota. *Nature* 528, 262 (2015).
- [100] Everard A, et al. Cross-talk between Akkermansia muciniphila and intestinal epithelium controls diet-induced obesity. *Proc National Acad Sci* 110, 9066–9071 (2013).
- [101] Dao M, et al. Akkermansia muciniphila and improved metabolic health during a dietary intervention in obesity: relationship with gut microbiome richness and ecology. *Gut* 65, 426 (2016).
- [102] Schneeberger M, et al. Akkermansia muciniphila inversely correlates with the onset of inflammation, altered adipose tissue metabolism and metabolic disorders during obesity in mice. *Sci Rep-uk* 5, srep16643 (2015).
- [103] Raman M, et al. Fecal Microbiome and Volatile Organic Compound Metabolome in Obese Humans With Nonalcoholic Fatty Liver Disease. *Clin Gastroenterol H* 11, 868–875.e3 (2013).
- [104] Del Chierico F, et al. Gut Microbiota Markers in Obese Adolescent and Adult Patients: Age-Dependent Differential Patterns. *Front Microbiol.* 9:1210 (2018).
- [105] Haro C, et al. Intestinal Microbiota Is Influenced by Gender and Body Mass Index. *Plos One* 11, e0154090 (2016).
- [106] Zherakova A, et al. Population-based metagenomics analysis reveals markers for gut microbiome composition and diversity. *Science* 352, 565–569 (2016).
- [107] Haro C, et al. The gut microbial community in metabolic syndrome patients is modied by diet. *J Nutr Biochem.* 27:27–31 (2016).
- [108] Verdum FJ, et al. Human intestinal microbiota composition is associated with local and systemic inflammation in obesity. *Obesity* 21, E607–E615 (2013).
- [109] Murri M, et al. Gut microbiota in children with type 1 diabetes differs from that in healthy children: a case-control study. *Bmc Med* 11, 46 (2013).
- [110] Xu J, et al. Evolution of symbiotic bacteria in the distal human intestine. *PLoS Biol.* 5(7):e156 (2007).
- [111] Medina-Vera I, et al. A dietary intervention with functional foods reduces metabolic endotoxaemia and attenuates biochemical abnormalities by modifying faecal microbiota in people with type 2 diabetes. *Diabetes Metab.*; S1262–3636(18)30175–7 (2018).
- [112] Zupancic ML, et al. Analysis of the Gut Microbiota in the Old Order Amish and Its Relation to the Metabolic Syndrome. *Plos One* 7, e43052 (2012).
- [113] Maslowski KM, et al. Regulation of inflammatory responses by gut microbiota and chemoattractant receptor GPR43. *Nature* 461, 1282 (2009).
- [114] Wang K, et al. Parabacteroides distansis Alleviates Obesity and Metabolic Dysfunctions via Production of Succinate and Secondary Bile Acids. *Cell Rep.*26(1):222–235 (2019).
- [115] Clarke SF, et al. The gut microbiota and its relationship to diet and obesity. *Gut Microbes* 3, 186–202 (2012).
- [116] Santacruz A, et al. Gut microbiota composition is associated with body weight, weight gain and biochemical parameters in pregnant women. *Brit J Nutr* 104, 83–92 (2010).
- [117] Nicolai E, et al. The Gut–Brain Axis in the Neuropsychological Disease Model of Obesity: A Classical Movie Revised by the Emerging Director “Microbiome”. *Nutrients* 11:156 (2019).
- [118] 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.* 41(3):413–419 (2018).
- [119] Bortolin RC, et al. Guarana supplementation attenuated obesity, insulin resistance, and adipokines dysregulation induced by a standardized human Western diet via brown adipose tissue activation. *Phytother Res.* 33(5):1394–1403 (2019).
- [120] De Filippo C, et al. Impact of diet in shaping gut microbiota revealed by a comparative study in children from European rural Africa. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA*, 107, 14691–14696 (2010).
- [121] Yeoh YK, et al. Gut microbiota composition reflects disease severity and dysfunctional immune responses in patients with COVID-19. *Gut*;70(4):698 (2021).
- [122] Gu S, et al. Alterations of the Gut Microbiota in Patients With Coronavirus Disease 2019 or H1N1 Influenza. *Clinical Infectious Diseases*;71(10):2669–78 (2020).
- [123] Atarashi K, et al. Induction of colonic regulatory T cells by indigenous Clostridium species. *Science* (2011).
- [124] Zuo T, et al. Alterations in Gut Microbiota of Patients With COVID-19 During Time of Hospitalization. *Gastroenterology*;159(3):944–55.e8 (2020).
- [125] Tao W, et al. Analysis of the intestinal microbiota in COVID-19 patients and its correlation with the inflammatory factor IL-18. *Medicine in Microecology*;5:100023 (2020).
- [126] Alameddine J, et al. Faecalibacterium prausnitzii Skews Human DC to Prime IL10-Producing T Cells Through TLR2/6/JNK Signaling and IL-10, IL-27, CD39, and IDO-1 Induction. *Frontiers in immunology*;10:143 (2019).
- [127] Chattopadhyay I, et al. SARS-CoV-2-Indigenous Microbiota Nexus: Does Gut Microbiota Contribute to Inflammation and Disease Severity in COVID-19? *Front Cell Infect Microbiol*;11:590874 (2021).
- [128] Hiippala K, et al. Isolation of Anti-Inflammatory and Epithelium Reinforcing Bacteroides and Parabacteroides Spp. from A Healthy Fecal Donor. *Nutrients*;12(4):935 (2020).
- [129] Sánchez-Alcoholado L, et al. Gut Microbiota-Mediated Inflammation and Gut Permeability in Patients with Obesity and Colorectal Cancer. *International journal of molecular sciences*;21(18) (2020).
- [130] Kaakoush NO, et al. Sutterella Species, IgA-degrading Bacteria in Ulcerative Colitis. *Trends in Microbiology*;28(7):519–22 (2020).
- [131] Wang J, et al. The Relationship Between Gut Microbiota and Inflammatory Diseases: The Role of Macrophages;11(1065) (2020).
- [132] Zhai R, et al. Strain-Specific Anti-inflammatory Properties of Two Akkermansia muciniphila Strains on Chronic Colitis in Mice. *Front Cell Infect Microbiol*;9:239 (2019).
- [133] Liu JH, et al. Akkermansia muciniphila promotes type H vessel formation and bone fracture healing by reducing gut permeability and inflammation. *Disease Models & Mechanisms*;13(11) (2020).
- [134] Charlet R, et al. Bacteroides thetaiotaomicron and Lactobacillus johnsonii modulate intestinal inflammation and eliminate fungi via enzymatic hydrolysis of the fungal cell wall. *Scientific Reports*;10(1):11510 (2020).
- [135] Sun J, et al. Anti-inflammatory properties and gut microbiota modulation of an alkali-soluble polysaccharide from purple sweet potato in DSS-induced colitis mice. *International Journal of Biological Macromolecules*;153:708–22 (2020).
- [136] Baldelli V, et al. The Role of Enterobacteriaceae in Gut Microbiota Dysbiosis in Inflammatory Bowel Diseases. *Microorganisms*;9(4) (2021).
- [137] Derrien M, et al. Akkermansia muciniphila and its role in regulating host functions. *Microbial Pathogenesis*;106:171–81 (2017).

- [138] Hiippala K, et al. The Potential of Gut Commensals in Reinforcing Intestinal Barrier Function and Alleviating Inflammation. *Nutrients*;10(8) (2018).
- [139] Zhang L, et al. Akkermansia muciniphila can reduce the damage of gluco/lipototoxicity, oxidative stress and inflammation, and normalize intestine microbiota in streptozotocin-induced diabetic rats. *Pathogens and disease*;76(4) (2018).
- [140] Delday M, et al. Bacteroides thetaiotaomicron Ameliorates Colon Inflammation in Preclinical Models of Crohn's Disease. *Inflammatory bowel diseases*;25(1):85-9 (2019).
- [141] Zhaoyan L, et al. Antioxidant and Anti-Inflammatory Properties of Recombinant Bifidobacterium bifidum BGN4 Expressing Antioxidant Enzymes. *Microorganisms*.Volume 9 (2021).
- [142] Tang L, et al. Clinical Significance of the Correlation between Changes in the Major Intestinal Bacteria Species and COVID-19 Severity. *Engineering*;6(10):1178-84 (2020).
- [143] Menezes-Garcia Z, et al. Colonization by Enterobacteriaceae is crucial for acute inflammatory responses in murine small intestine via regulation of corticosterone production. *Gut Microbes*.(2020) 11:6, 1531-1546 (2020).
- [144] Henke, et al. Capsular polysaccharide correlates with immune response to the human gut microbe Ruminococcus gnavus. *Proceedings of the National Academy of Sciences* May (2021).
- [145] Körner U, et al. Nahrungsmittelallergien und -unverträglichkeiten: Diagnostik, Therapie und Beratung: Georg Thieme Verlag KG (2020).
- [146] Mullin GE, et al. Integrative gastroenterology. New York: Oxford University Press (2011).
- [147] Mitchell AE, et al. Ten-year comparison of the influence of organic and conventional crop management practices on the content of flavonoids in tomatoes. *J Agric Food Chem*;55(15):6154-9 (2007).
- [148] Schmiedel, et al. Europäisches Arzneibuch 8. Ausgabe, 8. Nachtrag (Ph. Eur. 8.8): Amtliche deutsche Ausgabe: Deutscher Apotheker Verlag;(2016).
- [149] Wong C, et al. Potential Benefits of Dietary Fibre Intervention in Inflammatory Bowel Disease. *International journal of molecular sciences*;17(6) (2016).
- [150] Felson DT, et al. Dietary fatty acids for the treatment of OA, including fish oil. *Ann Rheum Dis*;75(1):1-2 (2016).
- [151] Biesalski HK, et al. Ernährungsmedizin: nach dem neuen Curriculum Ernährungsmedizin der Bundesärztekammer;276 Tabellen: Thieme;(2010).
- [152] Zhao Y, et al. Intestinal microbiota and chronic constipation. *SpringerPlus*;5(1):1130 (2016).
- [153] Höfler E, et al. Praktische Diätetik: Grundlagen, Ziele und Umsetzung der Ernährungstherapie;mit 205 Tabellen sowie 141 Übungsaufgaben: Wiss. Verlag-Ges.;(2012).
- [154] Österreichische Gesellschaft für Ernährung. Vitamine, Mineralstoffe, Spurenelemente. (2019).
- [155] Puchner R, et al. Rheumatologie aus der Praxis: Entzündliche Gelenkerkrankungen – mit Fallbeispielen: Springer Berlin Heidelberg;(2017).
- [156] Innes JK, et al. Omega-6 fatty acids and inflammation. Prostaglandins, leukotrienes, and essential fatty acids;132:41-8 (2018).
- [157] Valacchi G, et al. The dual action of ozone on the skin. *The British journal of dermatology*;153(6):1096-100 (2005).
- [158] Magnani ND, et al. Skin Damage Mechanisms Related to Airborne Particulate Matter Exposure. *Toxicological Sciences*;149(1):227-36 (2015).
- [159] Riccio P, et al. Undigested Food and Gut Microbiota May Cooperate in the Pathogenesis of Neuroinflammatory Diseases: A Matter of Barriers and a Proposal on the Origin of Organ Specificity. *Nutrients* 11, 2714 (2019).
- [160] Calder PC, et al. Feeding the immune system. *The Proceedings of the Nutrition Society*;72(3):299-309.(2013).
- [161] Dosch SF, et al. SARS coronavirus spike protein-induced innate immune response occurs via activation of the NF-kappaB pathway in human monocyte macrophages in vitro. *Virus Res*;142(1-2):19-27. (2009).
- [162] Wang Y, et al. The Membrane Protein of Severe Acute Respiratory Syndrome Coronavirus Functions as a Novel Cytosolic Pathogen-Associated Molecular Pattern To Promote Beta Interferon Induction via a Toll-Like-Receptor-Related TRAF3-Independent Mechanism. *mBio*;7(1):e01872-15.(2016).
- [163] Al-Qahtani AA, et al. Middle east respiratory syndrome corona virus spike glycoprotein suppresses macrophage responses via DPP4-mediated induction of IRAK-M and PPARγ. *Oncotarget*;8(6):9053-66.(2017).
- [164] Hsieh, et al. Association between dietary flavonoid intakes and C-reactive protein levels: A cross-sectional study in Taiwan. *Journal of Nutritional Science*, 10, E15. (2021).
- [165] Asgharpour, et al. Efficacy of Oral Administration of Allium sativum Powder "Garlic Extract" on Lipid Profile, Inflammation, and Cardiovascular Indices among Hemodialysis Patients. *Evidence-Based Complementary and Alternative Medicine* (2021).
- [166] Azeez, et al. 6 - Antiinflammatory effects of turmeric (Curcuma longa) and ginger (Zingiber officinale). *Inflammation and Natural Products*, Academic Press, Pages 127-146 (2021).
- [167] Zhang, et al. Butyrate in Energy Metabolism: There Is Still More to Learn. *Trends in Endocrinology & Metabolism*, Volume 32, Issue 3. (2021).
- [168] Mattiuzzo E, et al. In Vitro Effects of Low Doses of β-Caryophyllene, Ascorbic Acid and d-Glucosamine on Human Chondrocyte Viability and Inflammation. *Pharmaceuticals*. (2021).
- [169] Demirel-Yalciner, et al. alpha-Tocopherol supplementation reduces inflammation and apoptosis in high cholesterol mediated nonalcoholic steatohepatitis. *BioFactors*., 47: 403– 413. (2021).
- [170] Fu, et al. Low Vitamin D Status Is Associated with Inflammation in Patients with Chronic Obstructive Pulmonary Disease. *The Journal of Immunology* February 1, 206 (3) 515-523 (2021).
- [171] Serrano D, et al. Microbiome as Mediator of Diet on Colorectal Cancer Risk: The Role of Vitamin D, Markers of Inflammation and Adipokines. *Nutrients*. 13(2):363. (2021).
- [172] Shibabaw T, et al. Omega-3 polyunsaturated fatty acids: anti-inflammatory and anti-hypertriglyceridemia mechanisms in cardiovascular disease. *Mol Cell Biochem* 476, 993–1003 (2021).
- [173] Mariamnatu, et al. Overconsumption of Omega-6 Polyunsaturated Fatty Acids (PUFAs) versus Deficiency of Omega-3 PUFAs in Modern-Day Diets: The Disturbing Factor for Their "Balanced Antagonistic Metabolic Functions" in the Human Body. *Hindawi*. (2021).
- [174] Cox S, et al. Food Matters Food-additive emulsifiers: the worst thing since sliced bread? *The Lancet Gastroenterology & Hepatology*, Volume 6, Issue 7, 532 (2021).
- [175] Li K, et al. Bacteroides thetaiotaomicron relieves colon inflammation by activating aryl hydrocarbon receptor and modulating CD4+T cell homeostasis, *International Immunopharmacology*, Volume 90, (2021).
- [176] Pang W, et al. Bacteroides thetaiotaomicron Ameliorates Experimental Allergic Airway Inflammation via Activation of ICOS+Tregs and Inhibition of Th2 Response. *Frontiers in Immunology*. VOLUME 12. (2021).
- [177] Quévrain E, et al. Identification of an anti-inflammatory protein from Faecalibacterium prausnitzii, a commensal bacterium deficient in Crohn's disease. *Gut*;65:415-(2016).
- [178] Ghosh S, et al. Regulation of Intestinal Barrier Function by Microbial Metabolites. *Cellular and Molecular Gastroenterology and Hepatology*;11(5):1463-82 (2021).
- [179] Lenoir M, et al. Butyrate mediates anti-inflammatory effects of Faecalibacterium prausnitzii in intestinal epithelial cells through Dact3. *Gut microbes*;12(1):1826748 (2020).
- [180] Deutsche Gesellschaft für Ernährung. Referenzwerte für die Nährstoffzufuhr D-A-CH: Deutsche Gesellschaft für Ernährung;(2018).
- [181] Groschwitz KR, et al. Intestinal barrier function: molecular regulation and disease pathogenesis. *J Allergy Clin Immunol* 124(1):3–22. <https://doi.org/10.1016/j.jaci.2009.10.1016> (2009).
- [182] Mu Q, et al. Leaky Gut As a Danger Signal for Autoimmune Diseases. *Front Immunol*;8:598 (2017).
- [183] Zielińska A, et al. Nowak I. Abundance of active ingredients in sea-buckthorn oil. *Lipids in Health and Disease*;16 (2017).
- [184] Macia L, et al. Microbial influences on epithelial integrity and immune function as a basis for inflammatory diseases. *Immunological reviews*;245(1):164-76. (2012).
- [185] Kelly CJ, et al. Crosstalk between Microbiota-Derived Short-Chain Fatty Acids and Intestinal Epithelial HIF Augments Tissue Barrier Function. *Cell host & microbe*;17(5):662-71 (2015).
- [186] Viennois E, et al. First victim, later aggressor: How the intestinal microbiota drives the pro-inflammatory effects of dietary emulsifiers? *Gut microbes*.9(3):1-4 (2018).
- [187] Sicard JF, et al. Interactions of Intestinal Bacteria with Components of the Intestinal Mucus. *Front Cell Infect Microbiol*;7:387 (2017).
- [188] Mullin GE, et al. Integrative gastroenterology. New York: Oxford University Press;(2011).
- [189] Patrick RP, et al. Vitamin D and the omega-3 fatty acids control serotonin synthesis and action, part 2: relevance for ADHD, bipolar disorder, schizophrenia, and impulsive behavior. *FASEB journal : official publication of the Federation of American Societies for Experimental Biology*;29(6):2207-22 (2015).
- [190] Barreau F, et al. Hugot J, Intestinal barrier dysfunction triggered by invasive bacteria. *Curr Opin Microbiol* 17, 91–98 (2014).
- [191] Wang L, et al. Intestinal REG3 lectins protect against alcoholic steatohepatitis by reducing mucosa-associated microbiota and preventing bacterial translocation. *Cell Host Microbe*, 19, 227–239 (2016).
- [192] Chen, et al. An expansion of rare lineage intestinal microbes characterizes rheumatoid arthritis. *Genome Medicine* 8:43 (2016).
- [193] Von Ossowski I, et al. Mucosal Adhesion Properties of the Probiotic Lactobacillus rhamnosus GG SpA CBA and SpAFED Pilin Subunits. *Appl Environ Microb* 76, 2049–2057 (2010).
- [194] Kinashi, et al. Partners in Leaky Gut Syndrome: Intestinal Dysbiosis and Autoimmunity. *Front. Immunol.* 12:673708 (2021).
- [195] Kishino S, et al. Polyunsaturated fatty acid saturation by gut lactic acid bacteria affecting host lipid composition. *Proc Natl Acad Sci USA*;110(44):17808-13 (2013).
- [196] He C, et al. Vitamin A inhibits the action of LPS on the intestinal epithelial barrier function and tight junction proteins. *Food Funct*.10, 1235–1242 (2019).
- [197] Riccio P, et al. Diet, gut microbiota, and vitamins A+D, in multiple sclerosis. *Review. Neurotherapeutics* 15, 75-91 (2018).
- [198] Zhu W, et al. 1,25(OH)2D3 deficiency-induced gut microbial dysbiosis degrades the colonic mucus barrier in Cyp27b1 knockout mouse model. *Gut Pathog.* 11 8 (2019).
- [199] Cantorna MT, et al. Vitamin A and vitamin D regulate the microbial complexity, barrier function, and the mucosal immune responses to ensure intestinal homeostasis. *Crit. Rev. Biochem. Mol. Biol.* 54, 184–192 (2019).
- [200] Madeo, et al. Spermidine in health and disease. *Science* (2018).
- [201] Ma, et al. Spermidine improves gut barrier integrity and gut microbiota function in diet-induced obese mice. *Gut Microbes*, 12:1, 1832857 (2020).
- [202] Balakrishnan, et al. Autoimmunity-Associated Gut Commensals Modulate Gut Permeability and Immunity in Humanized Mice, *Military Medicine*, Volume 184, Issue Supplement_1, Pages 529–536 (2019).
- [203] Yamada T, et al. Mucin O-glycans facilitate symbiosynthesis to maintain gut immune homeostasis. *EBioMedicine*. 48:513-525. (2019).

- [204] Hiippala K, et al. Mucosal Prevalence and Interactions with the Epithelium Indicate Commensalism of *Sutterella* spp. *Front Microbiol* 7, 1706 (2016).
- [205] Tana C, et al. Altered profiles of intestinal microbiota and organic acids may be the origin of symptoms in irritable bowel syndrome. *Neurogastroenterol Motil.* May;22(5):512-9, e114-5 (2010).
- [206] Zhang et al. Primary Human Colonic Mucosal Barrier Crosstalk with Super Oxygen-Sensitive *Faecalibacterium prausnitzii* in Continuous Culture (2021).
- [207] Crost EH, et al. Utilisation of mucin glycans by the human gut symbiont *Ruminococcus gnavus* is strain-dependent. *PLoS ONE* 8:e76341. (2013)
- [208] Roberts JL, et al. *Bifidobacterium adolescentis* supplementation attenuates fracture-induced systemic sequelae. *Biomed Pharmacother* (2020).
- [209] Van der Lugt, et al. *Akkermansia muciniphila* ameliorates the age-related decline in colonic mucus thickness and attenuates immune activation in accelerated aging *Ercc1-Δ7* mice. *Immun Ageing* 16, 6 (2019).
- [210] Ouyang J, et al. The Bacterium *Akkermansia muciniphila*: A Sentinel for Gut Permeability and Its Relevance to HIV-Related Inflammation. *Front. Immunol.* 11:645 (2020).
- [211] Huck O, et al. *Akkermansia muciniphila* reduces *Porphyromonas gingivalis*-induced inflammation and periodontal bone destruction. *J Clin Periodontol.* 47: 202– 212 (2020).
- [212] Cruz-Aguilar RM, et al. An Open-Labeled Study on Fecal Microbiota Transfer in Irritable Bowel Syndrome Patients Reveals Improvement in Abdominal Pain Associated with the Relative Abundance of *Akkermansia muciniphila*. *Digestion* 1–12 (2018).
- [213] Png CW, et al. Mucolytic bacteria with increased prevalence in IBD mucosa augment in vitro utilization of mucin by other bacteria. *Am J Gastroenterol.*, 105(11):2420-8 (2010).
- [214] Liu Y, et al. Dietary quality and the colonic mucosa-associated gut microbiome in humans. *Am J Clin Nutr.*;110(3):701-712 (2019)
- [215] Fanning S, et al. *Bifidobacterium* surface-exopolysaccharide facilitates commensal-host interaction through immune modulation and pathogen protection. *Proc Natl Acad Sci U S A.* (2012).
- [216] Coyne MJ, et al. Human Symbionts Use a Host-Like Pathway for Surface Fucosylation. *Science* 307, 1778–1781 (2005).
- [217] Grandier C, et al.. Recovery of ethanol-induced *Akkermansia muciniphila* depletion ameliorates alcoholic liver disease. *Gut.* 2018 May;67(5):891-901 (2017).
- [218] Lapiere, et al. Prophylactic *Faecalibacterium prausnitzii* treatment prevents the acute breakdown of colonic epithelial barrier in a preclinical model of pelvic radiation disease, *Gut Microbes*, 12:1 (2020).
- [219] Xu J, et al. *Faecalibacterium prausnitzii*-derived microbial anti-inflammatory molecule regulates intestinal integrity in diabetes mellitus mice via modulating tight junction protein expression. *Journal of Diabetes* (2020).
- [220] Duncan SH, et al. Proposal of *Roseburia faecis* sp. nov., *Roseburia hominis* sp. nov. and *Roseburia inulinivorans* sp. nov., based on isolates from human faeces. *Int. J. Syst. Evol. Microbiol.* 56, 2437–2441 (2006).
- [221] Louis P, et al. Formation of propionate and butyrate by the human colonic microbiota. *Environ. Microbiol.* 19, 29–41 (2017).
- [222] Lopez-Siles M, et al. Mucosa-associated *Faecalibacterium prausnitzii* phylotype richness is reduced in patients with inflammatory bowel disease. *Appl Environ Microbiol.*(2015).
- [223] Miquel S, et al. Identification of Metabolic Signatures Linked to Anti-Inflammatory Effects of *Faecalibacterium prausnitzii* (2015).
- [224] Graziani F, et al. *Ruminococcus gnavus* E1 modulates mucin expression and intestinal glycosylation. *J Appl Microbiol*, 120: 1403-1417. (2016).
- [225] Qin P, et al. Characterization of a Novel Butyric Acid-Producing Bacterium *Collinsella aerofaciens* Subsp. *Shenzhenensis* Subsp. Nov. *Microorganisms* (2019).
- [226] Marietta EV, et al. Suppression of inflammatory arthritis by human gut-derived *Prevotella histicola* in humanized mice *Arthritis Rheumatol.*, 68 (2016)
- [227] Astbury, et al. Lower gut microbiome diversity and higher abundance of proinflammatory genus *Collinsella* are associated with biopsy-proven nonalcoholic steatohepatitis, *Gut Microbes*, 11:3, 569-580 (2020).
- [228] Achamrah N, et al. Glutamine and the regulation of intestinal permeability: from bench to bedside. *Curr Opin Clin Nutr Metab Care.* 20(1):86-91. (2017).
- [229] Burrin DG, et al. Metabolic fate and function of dietary glutamate in the gut. *Am J Clin Nutr.* 90(3):850S-856S (2009).
- [230] David LA, et al. Diet rapidly and reproducibly alters the human gut microbiome. *Nature* 505, 559 (2014).
- [231] Huang JY, et al. The human commensal *Bacteroides fragilis* binds intestinal mucin. *Anaerobe*.17(4):137-41 (2011).
- [232] Swidsinski A, et al. Spatial organization and composition of the mucosal flora in patients with inflammatory bowel disease. *J Clin Microbiol.* 43(7):3380-9. (2005).
- [233] Brunkwall L, et al. Self-reported bowel symptoms are associated with differences in overall gut microbiota composition and enrichment of *Blautia* in a population-based cohort. *Journal of gastroenterology and hepatology*;36(1):174-80 (2021).
- [234] Xu C, et al. Multiomics Study of Gut Bacteria and Host Metabolism in Irritable Bowel Syndrome and Depression Patients.;10(660) (2020).
- [235] Matsumoto H, et al. Mucosa-Associated Microbiota in Patients with Irritable Bowel Syndrome: A Comparison of Subtypes. *Digestion*;102(suppl 1)(1):49-56 (2021).
- [236] Lopetuso LR, et al. Towards a disease-associated common trait of gut microbiota dysbiosis: The pivotal role of *Akkermansia muciniphila*. *Digestive and Liver Disease*;52(9):1002-10 (2020).
- [237] Paulina P, et al. Qualitative Identification of *Roseburia hominis* in Faeces Samples Obtained from Patients with Irritable Bowel Syndrome and Healthy Individuals. *Proceedings*;66(1) (2020).
- [238] O'Toole PW, et al. Next-generation probiotics: The spectrum from probiotics to live biotherapeutics. *Nat. Microbiol.*2:17057 (2017).
- [239] Masoodi I, et al. Microbial dysbiosis in irritable bowel syndrome: A single-center metagenomic study in Saudi Arabia. *JGH Open*;4(4):649-55 (2020).
- [240] Agnello M, et al. Gut microbiome composition and risk factors in a large cross-sectional IBS cohort. *BMJ Open Gastroenterology*;7(1):e000345 (2020).
- [241] Scivilla P, et al. Gut microbiota profiles and characterization of cultivable fungal isolates in IBS patients. *Applied Microbiology and Biotechnology*;105(8):3277-88 (2021).
- [242] Rajilić-Stojanović M, et al. Intestinal Microbiota And Diet in IBS: Causes, Consequences, or Epiphenomena? *Am J Gastroenterology* 110, 278 (2015).
- [243] Yang M, et al. Mucosal-Associated Microbiota Other Than Luminal Microbiota Has a Close Relationship With Diarrhea-Predominant Irritable Bowel Syndrome.;10(606) (2020).
- [244] Enck P, et al. Dysbiosis in Functional Bowel Disorders. *Ann Nutr Metab.*72(4):296-306 (2018).
- [245] Pittayanon R, et al. Gut Microbiota in Patients With Irritable Bowel Syndrome—A Systematic Review. *Gastroenterology*, Volume 157, Issue 1, 97 - 108 (2019).
- [246] Barandouzi Z, et al. Altered Gut Microbiota in Irritable Bowel Syndrome and Its Association with Food Components. *J. Pers. Med.*, 11, 35 (2021).
- [247] Mei L, et al. Gut microbiota composition and functional prediction in diarrhea-predominant irritable bowel syndrome. *BMC Gastroenterol* 21,105 (2021).
- [248] Fodor A, et al. Rifaximin is associated with modest, transient decreases in multiple taxa in the gut microbiota of patients with diarrhea-predominant irritable bowel syndrome, *Gut Microbes* 10:1, 22-33 (2019).
- [249] Vich Vila A, et al. Gut microbiota composition and functional changes in inflammatory bowel disease and irritable bowel syndrome. *Soc. Transl. Med.* 10, eaap8914 (2018).
- [250] Peter J, et al. A Microbial Signature of Psychological Distress in Irritable Bowel Syndrome, *Psychosom Med.*, 80(8): 698–709 (2018).
- [251] Labus JS, et al. Evidence for an association of gut microbial *Clostridia* with brain functional connectivity and gastrointestinal sensorimotor function in patients with irritable bowel syndrome, based on tripartite network analysis. *Microbiome*, 7:45 (2019).
- [252] Lopetuso LR, et al. Gut Microbiota in Health, Diverticular Disease, Irritable Bowel Syndrome, and Inflammatory Bowel Diseases: Time for Microbial Marker of Gastrointestinal Disorders. *Dig Dis.* 36(1):56-65 (2018).
- [253] Frank DN, et al. Disease phenotype and genotype are associated with shifts in intestinal-associated microbiota in inflammatory bowel diseases *Jan*;17(1):179-84 (2011).
- [254] Kassinen A, et al. The fecal microbiota of irritable bowel syndrome patients differs significantly from that of healthy subjects. *Gastroenterology*. Jul;133(1):24-33 (2007).
- [255] Lyra A, et al. Diarrhoea-predominant irritable bowel syndrome distinguishable by 16S rRNA gene phylotype quantification. *World J Gastroenterol.* Dec 21;15(47):5936-45 (2009).
- [256] Hynönen U, et al. Isolation and whole genome sequencing of a *Ruminococcus*-like bacterium, associated with irritable bowel syndrome. *Anaerobe*, 39, 60-67 (2016).
- [257] Salonen A, et al. Gastrointestinal microbiota in irritable bowel syndrome: present state and perspectives. *Microbiology*, 156(11), 3205–3215 (2010).
- [258] Malinen E, et al. Analysis of the Fecal Microbiota of Irritable Bowel Syndrome Patients and Healthy Controls with Real-Time PCR. *Am J Gastroenterology* 100, ajg200561 (2005).
- [259] Rajilić-Stojanović M, et al. Global and Deep Molecular Analysis of Microbiota Signatures in Fecal Samples From Patients With Irritable Bowel Syndrome. *Gastroenterology* 141, 1792–1801 (2011).
- [260] Kerckhoffs AP, Samsom M, van der Rest ME, de Vogel J, Knol J, Ben-Amor K, Akkermans LM. Lower *Bifidobacteria* counts in both duodenal mucosa-associated and fecal microbiota in irritable bowel syndrome patients. *World J Gastroenterol.* Jun 21;15(23):2887-92 (2009).
- [261] Mazzawi T, et al. The kinetics of gut microbial community composition in patients with irritable bowel syndrome following fecal microbiota transplantation. *PLoS ONE* 13(11): e0194904 (2018).
- [262] Jalanka-Tuovinen J, et al. Faecal microbiota composition and host-microbe cross-talk following gastroenteritis and in postinfectious irritable bowel syndrome. *Gut* 63, 1737 (2014).
- [263] Rizzello F, Dietary geraniol ameliorates intestinal dysbiosis and relieves symptoms in irritable bowel syndrome patients: a pilot study. *BMC Complement Altern Med.* 18: 338 (2018).
- [264] Sokol H, et al. *Faecalibacterium prausnitzii* is an anti-inflammatory commensal bacterium identified by gut microbiota analysis of Crohn disease patients. *Proc Natl Acad Sci U S A.* Oct 28;105(43):16731-6 (2008).
- [265] 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.* 30(12):e13456 (2018).
- [266] Lopes-Siles M, et al. Iterations in the Abundance and Co-occurrence of *Akkermansia muciniphila* and *Faecalibacterium prausnitzii* in the Colonic Mucosa of Inflammatory Bowel Disease Subjects. *Frontiers in Cellular and Infection Microbiology*;8:281 (2018).
- [267] Carroll IM, et al. Alterations in composition and diversity of the intestinal microbiota in patients with diarrhea-predominant irritable bowel syndrome. *Neurogastroenterol Motil.* 24(6):521-30, e248 (2012).
- [268] Costabile A, et al. Effect of Breading Process on In Vitro Gut Microbiota Parameters in Irritable Bowel Syndrome. *PLOS ONE*;9(10):e111225 (2014).

- [269] Ziegler JU, et al. Wheat and the irritable bowel syndrome – FODMAP levels of modern and ancient species and their retention during bread making. *Journal of Functional Foods*;25:257–66 (2016).
- [270] Williams CE, et al. Vitamin D status in irritable bowel syndrome and the impact of supplementation on symptoms: what do we know and what do we need to know? *European journal of clinical nutrition*;72(10):1358–63 (2008).
- [271] Jonsson AL, et al. Role of gut microbiota in atherosclerosis. *Nat Rev Cardiol*. 14(2):79–87 (2017).
- [272] Luedde M, et al. Heart failure is associated with depletion of core intestinal microbiota. *ESC Heart Fail*. 4, 282–290 (2017).
- [273] Pedersen N, et al. Ehealth: Low FODMAP diet vs Lactobacillus rhamnosus GG in irritable bowel syndrome. *Gastroenterology* 20:43 16215 (2014).
- [274] Reddel S, et al. The Impact of Low-FODMAPs, Gluten-Free, and Ketogenic Diets on Gut Microbiota Modulation in Pathological Conditions. *Nutrients*. 11(2) (2019).
- [275] Altobelli E, et al. Low-FODMAP Diet Improves Irritable Bowel Syndrome Symptoms: A Meta-Analysis. *Nutrients* 9(9) (2017).
- [276] Schmidt T, et al. The Human Gut Microbiome: From Association to Modulation. *Cell* 172, 1198–1215 (2018).
- [277] Jeffery IB, et al. An irritable bowel syndrome subtype defined by species-specific alterations in faecal microbiota. *Gut* 61, 997 (2012).
- [278] Donner, et al. Serotonin: Zum Glück gibt's was zum Essen. *UGB-FORUM* 5/05.S. 245–8.(2005).
- [279] Wilkins CH, et al. Vitamin D deficiency is associated with low mood and worse cognitive performance in older adults. *Am J Geriatr Psychiatry*;14(12):1032–40. (2006).
- [280] Glabska, et al. The Influence of Vitamin D Intake and Status on Mental Health in Children: A Systematic Review. *Nutrients* , 13, 952. (2021).
- [281] Tillich K, et al. Consumption of fermented milk product with probiotic modulates brain activity. *Gastroenterology*. (2013).
- [282] Van de Wouw, et al. Distinct actions of the fermented beverage kefir on host behaviour, immunity and microbiome gut-brain modules in the mouse Microbiome (2020)
- [283] Mocking, et al. Meta-analysis and meta-regression of omega-3 polyunsaturated fatty acid supplementation for major depressive disorder. *Translational psychiatry* (2016).
- [284] Trebatcká J, et al. Omega-3 fatty-acids modulate symptoms of depressive disorder, serum levels of omega-3 fatty acids and omega-6/omega-3 ratio in children. A randomized, double-blind and controlled trial. *Psychiatry Research*, Volume 287 (2020).
- [285] Stengler M, et al. The Role of Folate and MTHFR Polymorphisms in the Treatment of Depression. *Altern Ther Health Med*;27(2):53–57. PMID: 32827402. (2021).
- [286] Mansoori A, et al. The Effects of Bariatric Surgery on Vitamin B Status and Mental Health. *Nutrients* 20;13(4):1383. (2021).
- [287] Zheng P, et al. Gut microbiome remodeling induces depressive-like behaviors through a pathway mediated by the host's metabolism. *Mol. Psychiatr*. 21, 786 (2016).
- [288] Vacca M, et al. The Controversial Role of Human Gut Lachnospiraceae. *Microorganisms*;8(4):573. (2020).
- [289] Chen Z, et al. Comparative metaproteomics analysis shows altered fecal microbiota signatures in patients with major depressive disorder. *Neuroreport*.(2018).
- [290] Cheng, et al. Identifying psychiatric disorder-associated gut microbiota using microbiota-related gene set enrichment analysis (2019).
- [291] Yang, et al. Landscapes of bacterial and metabolic signatures and their interaction in major depressive disorders. *SCIENCE ADVANCES*. (2020).
- [292] Barandouzi, et al. Altered Composition of Gut Microbiota in Depression: A Systematic Review. *Frontiers in Psychiatry*.(2020).
- [293] Jianguo L, et al. Altered gut metabolome contributes to depression-like behaviors in rats exposed to chronic unpredictable mild stress. *Transl Psychiatry* 9, 40 (2019).
- [294] Martin del Campo, et al. P1144 ODORIBACTER AND ANAEROTRUNCUS: GUT MICROBIOME SIGNATURE MIGHT BE RELATED TO COGNITIVE IMPAIRMENT IN PATIENTS ON PERITONEAL DIALYSIS, *Nephrology Dialysis Transplantation*, Volume 35, Issue Supplement_3 (2020).
- [295] Rong H, et al. Similarly in depression, nuances of gut microbiota: Evidences from a shotgun metagenomics sequencing study on major depressive disorder versus bipolar disorder with current major depressive episode patients. *Journal of Psychiatric Research* (2019).
- [296] Ma W, et al. Chronic paradoxical sleep deprivation-induced depression-like behavior, energy metabolism and microbial changes in rats. *Life Sci*. (2019).
- [297] Liu, et al. Reductions in anti-inflammatory gut bacteria are associated with depression in a sample of young adults. *Brain, Behavior, and Immunity* (2020).
- [298] Madan, et al. The gut microbiota is associated with psychiatric symptom severity and treatment outcome among individuals with serious mental illness. *J. Affect. Disord*. 264, 98–106. (2020).
- [299] Chen JJ, et al. Age-specific differential changes on gut microbiota composition in patients with major depressive disorder. *Aging* 12, 2764–2776. (2020).
- [300] Liśkiewicz P, et al. Analysis of gut microbiota and intestinal integrity markers of inpatients with major depressive disorder. *Prog Neuropsychopharmacol Biol Psychiatry* (2021).
- [301] Tian, et al. Towards a psychobiotic therapy for depression: Bifidobacterium breve CCFM1025 reverses chronic stress-induced depressive symptoms and gut microbial abnormalities in mice. *Neurobiology of Stress*, Volume 12 (2020).
- [302] Xie, et al. Oral treatment with Lactobacillus reuteri attenuates depressive-like behaviors and serotonin metabolism alterations induced by chronic social defeat stress. *Journal of Psychiatric Research*, Volume 122, (2019).
- [303] Kosuge, et al. Heat-sterilized Bifidobacterium breve prevents depression-like behavior and interleukin-1 β expression in mice exposed to chronic social defeat stress. *Brain, Behavior, and Immunity*, Volume 96, (2021).
- [304] Han SK, et al. Lactobacillus reuteri NK33 and Bifidobacterium adolescentis NK98 Alleviate Escherichia coli-Induced depression and Gut Dysbiosis in Mice. *J Microbiol Biotechnol*. PMID: 32347078. (2020).
- [305] Tian, et al. Unraveling the Microbial Mechanisms Underlying the Psychobiotic Potential of a Bifidobacterium breve Strain. *Molecular Nutrition & Food Research*. (2021).
- [306] Simpson, et al. Bugs and Brains: The Gut and Mental Health Study Characterising the gut microbiota in anxiety, depression, irritable bowel syndrome, and their comorbidity. (2021).
- [307] Valles-Colomer M, et al. The neuroactive potential of the human gut microbiota in quality of life and depression. *Nature Microbiology*, 4(4): p. 623–632. (2019).
- [308] Stevens BR, et al. Depressive hypertension: A proposed human endotype of brain/gut microbiome dysbiosis. *Am Heart J*. 39:27–37. (2021).
- [309] Zhang Q, et al. Gut Microbiome Composition Associated With Major Depressive Disorder and Sleep Quality. *Frontiers in psychiatry*, 12, 645045 (2021).
- [310] Khlevner J, et al. Brain-Gut Axis: Clinical Implications. *Gastroenterol Clin North Am*. 47(4):727–739 (2018).
- [311] Cheung SG, et al. Systematic Review of Gut Microbiota and Major Depression. *Front Psychiatry*. 10:34 (2019).
- [312] Andrew M, et al. Associations among diet, the gastrointestinal microbiota, and negative emotional states in adults. *Nutr Neurosci*. 22:1–10 (2019).
- [313] McGaughey KD, et al. Relative abundance of Akkermansia spp. and other bacterial phylotypes correlates with anxiety- and depressive-like behavior following social defeat in mice. *Nature Sci Rep*. 9(1):3281 (2019).
- [314] Mangiola F, et al. Gut microbiota in autism and mood disorders. *World J Gastroentero* 22, 361–368 (2016).
- [315] Jiang H, et al. Altered fecal microbiota composition in patients with major depressive disorder. *Brain Behav. Immun*. 48, 186–194 (2015).
- [316] Aizawa E, et al. Possible association of Bifidobacterium and Lactobacillus in the gut microbiota of patients with major depressive disorder. *Journal of Affective Disorders* (2016).
- [317] Kelly J R, et al. Transferring the blues: depression-associated gut microbiota induces neurobehavioural changes in the rat. *J. Psychiatr. Res*. 82, 109–118. (2016).
- [318] Messaoudi M, et al. Assessment of psychotropic-like properties of a probiotic formulation (Lactobacillus helveticus R0052 and Bifidobacterium longum R0175) in rats and human subjects. (2010).
- [319] Allen AP, et al. Bifidobacterium longum 1714 as a transnaltion psychobiotic: Modulation of stress electrophysiology and neurocognition in healthy volunteers. *Translation Psychiatry* 6:111 e393 (2016).
- [320] Hayek N, et al. Chocolate, gut microbiota, and human health. *Front Pharmacol*. 4:11 (2013).
- [321] Brickman AM, et al. Enhancing dentate gyrus function with dietary avianol improves cognition in older adults. *Nat Neurosci*. 17(12):1798–1803 (2014).
- [322] Fraga CG, et al. The effects of polyphenols and other bioactives on human health. *Food Funct*. 10(2):514–528 (2019).
- [323] Wacławiková B, et al. Role of Microbiota and Tryptophan Metabolites in the Remote Effect of Intestinal Inflammation on Brain and Depression. *Pharmaceuticals (Basel)*. 11(3): 63 (2018).
- [324] O'Mahony SM, et al. Serotonin, tryptophan metabolism and the brain-gut-microbiome axis. *Behav Brain Res*. 277:32–48 (2015).
- [325] Lindseth G, et al. The Effects of Dietary Tryptophan on Affective Disorders. *Arch Psychiatr Nurs*. 29(2):102–107 (2015).
- [326] Liu S, et al. Metagenomic analysis of the gut microbiome in atherosclerosis patients identify cross-cohort microbial signatures and potential therapeutic target. *The FASEB Journal*. (2020).
- [327] Xu, et al. Compositional and Functional Alterations of Gut Microbiota in Patients with Stroke, Nutrition, Metabolism and Cardiovascular Diseases (2021).
- [328] Companys J, et al. Gut Microbiota Profile and Its Association with Clinical Variables and Dietary Intake in Overweight/Obese and Lean Subjects: A Cross-Sectional Study. *Nutrients*;13(6):2032.(2021).
- [329] Ozato N, et al. Blautia genus associated with visceral fat accumulation in adults 20–76 years of age. *npj Biofilms Microbiomes* 5, 28 (2019).
- [330] Zhu, et al. Dysbiosis signatures of gut microbiota in coronary artery disease. *Physiological Genomics* 50:10, 893–903 (2018).
- [331] Chen, et al. Oolong tea extract and citrus peel polymethoxyflavones reduce transformation of L-Carnitine to trimethylamine-N-oxide and decrease vascular inflammation in L-Carnitine feeding mice. *Journal of Agricultural and Food Chemistry*, vol. 67, no. 28, pp. 7869–7879, (2019).
- [332] Shi J, et al. Berberine treatment reduces atherosclerosis by mediating gut microbiota in ApoE $^{-/-}$ mice. *Biomedicine & Pharmacotherapy*, vol. 107, pp. 1556–1563, (2018).
- [333] Anwar U, et al. Trigonelline inhibits intestinal microbial metabolism of choline and its associated cardiovascular risk. *Journal of Pharmaceutical and Biomedical Analysis*, vol. 159, pp. 100–112 (2018).
- [334] Li X, et al. Berberine attenuates choline-induced atherosclerosis by inhibiting trimethylamine and trimethylamine-N-oxide production via manipulating the gut microbiome. *npj Biofilms Microbiomes* 7, 36 (2021).
- [335] Iglesias-Carres, et al. Use of dietary phytochemicals for inhibition of trimethylamine N-oxide formation. *The Journal of Nutritional Biochemistry*, 91, 108600. (2021).

- [336] Roohbakhsh E, et al. The Effect of Interval Training and Consuming Fenugreek Seed Extract on FGF-21 and VEGF Gene Expression in Patients With Coronary Artery Diseases. *Horizon Med Sci.* (2021).
- [337] Dalla Via A, et al. Urinary TMAO Levels Are Associated with the Taxonomic Composition of the Gut Microbiota and with the Choline TMA-Lyase Gene (*cutC*) Harbored by *Enterobacteriaceae*. *Nutrients.* (2020).
- [338] Dan, et al. Differential Analysis of Hypertension-Associated Intestinal Microbiota. *Int. J. Med. Sci.* 16, 872–881 (2019).
- [339] Huart J, et al. Gut Microbiota and Fecal Levels of Short-Chain Fatty Acids Differ Upon 24-Hour Blood Pressure Levels in Men. *Hypertension* (2019).
- [340] Verhaar, et al. Associations between gut microbiota, faecal short-chain fatty acids, and blood pressure across ethnic groups: The HELIUS study. *Eur. Heart J.* (2020).
- [341] Genoni, et al. Long-term Paleolithic diet is associated with lower resistant starch intake, different gut microbiota composition and increased serum TMAO concentrations. *European Journal of Nutrition* (2020).
- [342] Macpherson, et al. Gut Microbiota-Dependent Trimethylamine N-Oxide Associates With Inflammation in Common Variable Immunodeficiency. *Frontiers in Immunology.* (2020).
- [343] Skye, et al. Microbial Transplantation With Human Gut Commensals Containing *CutC* Is Sufficient to Transmit Enhanced Platelet Reactivity and Thrombosis Potential (2018).
- [344] Griffin, et al. A mediterranean diet does not alter plasma trimethylamine N-oxide concentrations in healthy adults at risk for colon cancer. *Food Funct.* 10:2138–47. (2019).
- [345] Yoshida N, et al. A possible beneficial effect of *Bacteroides* on faecal lipopolysaccharide activity and cardiovascular diseases. *Sci Rep* 10, 13009 (2020).
- [346] Depommier C, et al. Supplementation with *Akkermansia muciniphila* in overweight and obese human volunteers: a proof-of-concept exploratory study. *Nat Med* 25, 1096–1103 (2019).
- [347] Ferguson JF, et al. Nutrigenomics, the Microbiome, and Gene-Environment Interactions: New Directions in Cardiovascular Disease Research, Prevention, and Treatment. A Scientific Statement from the American Heart Association. *Circ Cardiovasc Genet* (2016).
- [348] Tang WHW, et al. Dietary metabolism, the gut microbiome, and heart failure. *Nat Rev Cardiol.* 16(3):137–154 (2019).
- [349] Burri BJ, et al. Absorption, metabolism, and functions of β -cryptoxanthin. *Nutr Rev.* 74(2): 69–82 (2016).
- [350] Goszcz K, et al. Bioactive polyphenols and cardiovascular disease: Chemical antagonists, pharmacological agents or xenobiotics that drive an adaptive response? *Br. J. Pharmacol.* 174, 1209–1225 (2017).
- [351] De Bruyne T, et al. Dietary Polyphenols Targeting Arterial Stiffness: Interplay of Contributing Mechanisms and Gut Microbiome-Related Metabolism. *Nutrients.* 11:3 (2019).
- [352] Jie Z, et al. The gut microbiome in atherosclerotic cardiovascular disease. *Nat Commun.* 8(1):845 (2017).
- [353] Kummel M, et al. The gut microbial profile in patients with primary sclerosing cholangitis is distinct from patients with ulcerative colitis without biliary disease and healthy controls. *Gut* 66, 611–619 (2017).
- [354] Karlsson FH, et al. Symptomatic atherosclerosis is associated with an altered gut metagenome. *Nat Commun* 3, 1245 (2012).
- [355] Kasahara K, et al. Interactions between *Roseburia intestinalis* and diet modulate atherogenesis in a murine model. *Nat. Microbiol.* 3:1461–1471 (2018).
- [356] Watson H, et al. A randomised trial of the effect of omega-3 polyunsaturated fatty acid supplements on the human intestinal microbiota. *Gut.* (2018).
- [357] Do, et al. High-Glucose or -Fructose Diet Cause Changes of the Gut Microbiota and Metabolic Disorders in Mice without Body Weight Change. *Nutrients.* (2018).
- [358] Emamat H, et al. Artificial sweeteners are related to non-alcoholic fatty liver disease: Microbiota dysbiosis as a novel potential mechanism. *EXCU* (2020).
- [359] Friedman S, et al. Mechanisms of NAFLD development and therapeutic strategies. *Nature Medicine* (2018).
- [360] Tian, et al. Perilla Oil Has Similar Protective Effects of Fish Oil on High-Fat Diet-Induced Nonalcoholic Fatty Liver Disease and Gut Dysbiosis (2016).
- [361] Vadarlis, et al. Systematic review with meta-analysis: The effect of vitamin E supplementation in adult patients with non-alcoholic fatty liver disease. *J Gastroenterol Hepatol* (2020).
- [362] Gjurašin, et al. Non-Alcoholic Fatty Liver Disease is Associated with an Increased Mortality in Adult Patients with Group B *Streptococcus* Invasive Disease (2020).
- [363] Iwaki M, et al. Gut microbiota composition associated with hepatic fibrosis in non-obese patients with non-alcoholic fatty liver disease. *Journal of Gastroenterology and Hepatology.* 36: 2275–2284. (2021).
- [364] Shen, et al. Gut microbiota dysbiosis in patients with non-alcoholic fatty liver disease. *Hepatobiliary & pancreatic diseases international: HBPD INT* (2017).
- [365] Demir, et al. Phenotyping non-alcoholic fatty liver disease by the gut microbiota: Ready for prime time? *Journal of Gastroenterology and Hepatology* (2020).
- [366] Da Silva, et al. Nonalcoholic fatty liver disease is associated with dysbiosis independent of body mass index and insulin resistance. 8: 1466. (2018).
- [367] Li F, et al. Characteristics of fecal microbiota in non-alcoholic fatty liver disease patients. *Sci China Life Sci.* 61:770–8 (2018).
- [368] Qiao, et al. Activation of a Specific Gut *Bacteroides*-Folate-Liver Axis Benefits for the Alleviation of Nonalcoholic Hepatic Steatosis. *Cell Reports*, Volume 32, Issue 6, 108005 (2020).
- [369] Tsai, et al. Gut microbiota dysbiosis in patients with biopsy-proven nonalcoholic fatty liver disease: a cross-sectional study in Taiwan. *Nutrients.* 12:820 (2020).
- [370] Schwimmer JB, et al. Microbiome signatures associated with steatohepatitis and moderate to severe fibrosis in children with nonalcoholic fatty liver disease. *Gastroenterology.* (2019).
- [371] Oh TG, et al. A Universal Gut-Microbiome-Derived Signature Predicts Cirrhosis. *Cell metabolism* (2020).
- [372] Rau, et al. Fecal SCFAs and SCFA-producing bacteria in gut microbiome of human NAFLD as a putative link to systemic T-cell activation and advanced disease. *United European Gastroenterol J* (2018).
- [373] Ponziani, et al. Hepatocellular Carcinoma Is Associated With Gut Microbiota Profile and Inflammation in Nonalcoholic Fatty Liver Disease. *Hepatology.* (2019).
- [374] Ren, et al. Correlation analysis of gut microbiota and biochemical indexes in patients with non-alcoholic fatty liver disease. *Chinese Journal of Hepatology.* (2019).
- [375] Wu, et al. Identification of the keystone species in non-alcoholic fatty liver disease by causal inference and dynamic intervention modeling. *bioRxiv.* (2020).
- [376] Kravetz, et al. Effect of Gut Microbiota and PNPLA3 rs738409 Variant on Nonalcoholic Fatty Liver Disease (NAFLD) in Obese Youth, The Journal of Clinical Endocrinology & Metabolism, Volume 105, Issue 10. (2020).
- [377] Zhao, et al. Metagenome of gut microbiota of children with nonalcoholic fatty liver disease. *Front Pediatr.* (2019).
- [378] Rao, et al. Gut *Akkermansia muciniphila* ameliorates metabolic dysfunction-associated fatty liver disease by regulating the metabolism of L-aspartate via gut-liver axis. *Gut Microbes.* (2021).
- [379] Mokhtari Z, et al. Nonalcoholic Fatty Liver Disease, the Gut Microbiome, and Diet. *Adv Nutr.* 8(2):240–252 (2017).
- [380] Safari Z, et al. The links between the gut microbiome and non-alcoholic fatty liver disease (NAFLD). *Cellular and Molecular Life Sciences* 76(8):1541–1558, (2019).
- [381] Pierantonelli I, et al. Nonalcoholic Fatty Liver Disease: Basic Pathogenetic Mechanisms in the Progression From NAFLD to NASH. *Transplantation.* 103(1):e1–e13 (2019).
- [382] Bajaj JS, et al. Linkage of gut microbiome with cognition in hepatic encephalopathy. *Am J Physiol-gastro* 302, G168–G175 (2012).
- [383] Bajaj JS, et al. Colonic mucosal microbiome differs from stool microbiome in cirrhosis and hepatic encephalopathy and is linked to cognition and inflammation. *Am J Physiol-gastro* 303, G675–G685 (2012).
- [384] Qin N, et al. Alterations of the human gut microbiome in liver cirrhosis. *Nature* 513:59–64 (2014).
- [385] Jiang, W, et al. Dysbiosis gut microbiota associated with inflammation and impaired mucosal immune function in intestine of humans with non-alcoholic fatty liver disease. *Sci Rep-uk* 5, 8096 (2015).
- [386] Nisalak, et al. An altered fecal microbiota profile in patients with non-alcoholic fatty liver disease (NAFLD) associated with obesity. *Rev Esp Enferm Dig.* 111(4):275–282 (2019).
- [387] Zhu L, et al. Characterization of gut microbiomes in nonalcoholic steatohepatitis (NASH) patients: a connection between endogenous alcohol and NASH. *Hepatology* 57(2):601–9 (2013).
- [388] Torres J, et al. The features of mucosa-associated microbiota in primary sclerosing cholangitis. *Aliment Pharmacol Ther.* 43(7):790–801 (2016).
- [389] Del Chierico F, et al. Gut microbiota profile of pediatric nonalcoholic fatty liver disease and obese patients unveiled by an integrated meta-omics-based approach. *Hepatology.* 65(2):451–464 (2017).
- [390] Caussy C, et al. A gut microbiome signature for cirrhosis due to nonalcoholic fatty liver disease. *Nat Commun.* 10(1):1406 (2019).
- [391] Mouzaki M, et al. Intestinal microbiota in patients with nonalcoholic fatty liver disease. *Hepatology* 58, 120–127 (2013).
- [392] Sohail MU, et al. Role of the Gastrointestinal Tract Microbiome in the Pathophysiology of Diabetes Mellitus. *Journal of Diabetes Research* 2017:9631435, 9 (2017).
- [393] Jørgensen PB, et al. A possible link between food and mood: dietary impact on gut microbiota and behavior in BALB/c mice. *PLoS One* 9(8):e103398 (2014).
- [394] Owen L, et al. The role of diet and nutrition on mental health and wellbeing. *Proc Nutr Soc.* 76(4):425–426 (2017).
- [395] Noble EE, et al. Gut to Brain Dysbiosis: Mechanisms Linking Western Diet Consumption, the Microbiome, and Cognitive Impairment. *Front Behav Neurosci.* 11:9 (2017).
- [396] Oriach CS, et al. Food for thought: The role of nutrition in the microbiota-gut-brain axis. *Clin Nutr Experimental* 6:25–38 (2016).
- [397] Franco R, et al. The central role of glutathione in the pathophysiology of human diseases. *Medycyna pracy.* 113(4–5):234–58 (2007).
- [398] Menni C, et al. Omega-3 fatty acids correlate with gut microbiome diversity and production of N-carbamylglutamate in middle aged and elderly women. *Sci Rep.* 7: 11079 (2017).
- [399] Robertson RC, et al. Omega-3 polyunsaturated fatty acids critically regulate behaviour and gut microbiota development in adolescence and adulthood. *Brain Behav Immun.* 59:21–37 (2017).
- [400] Calder PC, et al. Omega-3 polyunsaturated fatty acids and inflammatory processes: nutrition or pharmacology? *Br J Clin Pharmacol.* 75(3):645–62 (2013).
- [401] Huang L, et al. Dysbiosis of gut microbiota was closely associated with psoriasis. *Sci China Life Sci.* 62(6):807–815 (2019).
- [402] Madden, et al. How lifestyle factors and their associated pathogenetic mechanisms impact psoriasis. *Clinical Nutrition*, Volume 39, Issue 4, 1026–1040. (2020).
- [403] Kashani, et al. Priyanka Dey, Dietary Inflammatory Index in Relation to Psoriasis Risk, Cardiovascular Risk Factors and Clinical Outcomes; A Result from Case-Control Study in Psoriasis Patients. *Applied Physiology, Nutrition, and Metabolism.* (2021).

- [404] Kanda N, et al. Nutrition and Psoriasis. International Journal of Molecular Sciences. (2020).
- [405] Myers B, et al. The gut microbiome in psoriasis and psoriatic arthritis. Best Pract. Res. Clin. Rheumatol. 2019, 33, 101494. (2019).
- [406] Visser M, et al. Bacterial Dysbiosis and Translocation in Psoriasis Vulgaris. Front. Cell Infect. Microbiol. 9,(2019).
- [407] Hsu D, et al. Role of skin and gut microbiota in the pathogenesis of psoriasis, an inflammatory skin disease. Microecol. Med. (2020).
- [408] Chen L, et al. Skin and gut microbiome in psoriasis: Gaining insight into the pathophysiology of it and finding novel therapeutic strategies. Front. Microbiol. (2020).
- [409] Chen YJ, et al. Intestinal microbiota profiling and predicted metabolic dysregulation in psoriasis patients. Exp Dermatol 27: 1336– 1343. (2018).
- [410] Tan L, et al. The Akkermansia muciniphila is a gut microbiota signature in psoriasis. Exp Dermatol. Feb;27(2):144-149(2018).
- [411] Hidalgo-Cantabrana C, et al. Gut microbiota dysbiosis in a cohort of patients with psoriasis. Br J Dermatol, 181: 1287-1295. (2019).
- [412] Shapiro, et al. Psoriatic patients have a distinct structural and functional fecal microbiota compared with controls. J Dermatol. (2019).
- [413] Dei-Cas I, et al. Metagenomic analysis of gut microbiota in non-treated plaque psoriasis patients stratified by disease severity: development of a new Psoriasis-Microbiome Index. Sci Repul 29;10(1):12754. (2020).
- [414] Zhang X, et al. Dysbiosis of gut microbiota and its correlation with dysregulation of cytokines in psoriasis patients. BMC Microbiol 21, 78 (2021).
- [415] Xiao, et al. Deciphering Gut Microbiota Dysbiosis and Corresponding Genetic and Metabolic Dysregulation in Psoriasis Patients Using Metagenomics Sequencing. Frontiers in Cellular and Infection Microbiology. (2021).
- [416] Sun C, et al. Involvement of Gut Microbiota in the Development of Psoriasis Vulgaris. medRxiv . (2020).
- [417] Ye S, et al. Diversity analysis of gut microbiota between healthy controls and those with atopic dermatitis in a Chinese population. J. Dermatol., 48: 158-167. (2021).
- [418] Millsop JW, et al. Diet and psoriasis, part III: role of nutritional supplements, J Am Acad Dermatol. 71(3):561-9 (2014).
- [419] Del Duca E, et al. Superiority of a vitamin B12-containing emollient compared to a standard emollient in the maintenance treatment of mild-to-moderate plaque psoriasis. Int J Immunopathol Pharmacol. 30(4):439-444 (2017).
- [420] Simopoulos AP, et al. The importance of the ratio of omega-6/omega-3 essential fatty acids. Biomed Pharmacother;56(8):365-79. (2002).
- [421] Vaughn AR, et al. Skin-gut axis: The relationship between intestinal bacteria and skin health. World J Dermatol. 6(4): 52-58 (2017).
- [422] Giancchetti E, et al. Recent Advances on Microbiota Involvement in the Pathogenesis of Autoimmunity. Int. Journal of Mol Science 20(283) (2019).
- [423] Salem I, et al. The Gut Microbiome as a Major Regulator of the Gut-Skin Axis. Front. Microbiol. 9:1459 (2019).
- [424] Codoñer FM, et al. Gut microbial composition in patients with psoriasis. Sci. Rep. 8:3812 (2018).
- [425] Wang, et al. Dietary Supplementation with Inulin Modulates the Gut Microbiota and Improves Insulin Sensitivity in Prediabetes. International Journal of Endocrinology (2021).
- [426] Drouin-Chartier, et al. Changes in dairy product consumption and risk of type 2 diabetes: results from 3 large prospective cohorts of US men and women. The American journal of clinical nutrition. (2019).
- [427] Celli GB, et al. Gastroretentive systems - a proposed strategy to modulate anthocyanin release and absorption for the management of diabetes. Drug delivery.;23(6):1892-901. (2016).
- [428] Wang, et al. Enterotype Bacteroides Is Associated with a High Risk in Patients with Diabetes: A Pilot Study. Journal of Diabetes Research. (2020).
- [429] Del Chierico, et al. Fecal microbiota signatures of insulin resistance, inflammation, and metabolic syndrome in youth with obesity: a pilot study. Acta Diabetol 58, 1009–1022 (2021).
- [430] Frost F, et al. A structured weight loss program increases gut microbiota phylogenetic diversity and reduces levels of Collinsella in obese type 2 diabetics: A pilot study. PLoS ONE 14(7): e0219489 (2019).
- [431] Nirmalkar K, et al. Gut Microbiota and Endothelial Dysfunction Markers in Obese Mexican Children and Adolescents. Nutrients. (2018).
- [432] Zhu Y, et al. Effects of oat β -glucan, oat resistant starch, and the whole oat flour on insulin resistance, inflammation, and gut microbiota in high-fat-diet-induced type 2 diabetic rats. Journal of Functional Foods. (2020).
- [433] Sánchez-Tapia M, et al. Consumption of Cooked Black Beans Stimulates a Cluster of Some Clostridia Class Bacteria Decreasing Inflammatory Response and Improving Insulin Sensitivity. Nutrients.;12(4):1182 (2020).
- [434] Shih CT, et al. Akkermansia muciniphila is Negatively Correlated with Hemoglobin A1c in Refractory Diabetes. Microorganisms. (2020).
- [435] Kulkarni P, et al. Could dysbiosis of inflammatory and anti-inflammatory gut bacteria have an implications in the development of type 2 diabetes? A pilot investigation. BMC Res Notes 14, 52 (2021).
- [436] Almugadam, et al. Alterations of Gut Microbiota in Type 2 Diabetes Individuals and the Confounding Effect of Antidiabetic Agents. Journal of Diabetes Research (2020).
- [437] Cai, et al. Ethanol extract of propolis prevents high-fat diet-induced insulin resistance and obesity in association with modulation of gut microbiota in mice. Food Res Int.;130:108939. (2020).
- [438] Zhang, et al. Decreased Abundance of Akkermansia muciniphila Leads to the Impairment of Insulin Secretion and Glucose Homeostasis in Lean Type 2 Diabetes. 8, 2100536. (2021).
- [439] Maskarinec G, et al. The gut microbiome and type 2 diabetes status in the Multiethnic Cohort. PLoS ONE 16(6): e0250855. (2021).
- [440] Cinek O, et al. The bacteriome at the onset of type 1 diabetes: a study from four geographically distant African and Asian countries. Diabetes Research and Clinical Practice, vol. 144, pp. 51–62. (2018).
- [441] Higuchi, et al. Intestinal dysbiosis in autoimmune diabetes is correlated with poor glycemic control and increased interleukin-6: a pilot study. Frontiers in Immunology, vol. 9. (2018).
- [442] Huang, et al. Gut microbiota profiling in Han Chinese with type 1 diabetes. Diabetes Research and Clinical Practice, vol. 141, pp. 256–263 (2018).
- [443] Leiva-Gea, et al. Gut microbiota differs in composition and functionality between children with type 1 diabetes and MODY2 and healthy control subjects: a case-control study. Diabetes Care, vol. 41, no. 11, pp. 2385–2395 (2018).
- [444] Karlsson FH, et al. Gut metagenome in European women with normal, impaired and diabetic glucose control. Nature 498, 99 (2013).
- [445] Wang N, et al. Proteomics, metabolomics and metagenomics for type 2 diabetes and its complications. Life Science 1;212:194-202 (2018).
- [446] Kim YA, et al. Probiotics, prebiotics, synbiotics and insulin sensitivity. Nutrition Research Reviews : 1-17 (2017).
- [447] Lambeth SM, et al. Composition, Diversity and Abundance of Gut Microbiome in Prediabetes and Type 2 Diabetes, J Diabetes Obes, 2(3): 1–7, (2015).
- [448] Qin J, et al. A metagenome-wide association study of gut microbiota in type 2 diabetes. Nature 490, 55 (2012).
- [449] Wu X, et al. Molecular Characterisation of the Faecal Microbiota in Patients with Type II Diabetes. Curr Microbiol 61, 69–78 (2010).
- [450] Hwang N, et al. Genes and Gut Bacteria Involved in Luminal Butyrate Reduction Caused by Diet and Loperamide. Genes (Basel) 28;8(12) (2017).
- [451] Al-Otaibi FE, et al. Non-vertebral Veillonella species septicemia and osteomyelitis in a patient with diabetes: a case report and review of the literature, J Med Case Rep, 8:365 (2014).
- [452] Lippert K, et al. Gut microbiota dysbiosis associated with glucose metabolism disorders and the metabolic syndrome in older adults. Benef Microbes. 8(4):545-556 (2017).
- [453] Zhang X, et al. Human Gut Microbiota Changes Reveal the Progression of Glucose Intolerance. Plos One 8, e71108 (2013).
- [454] Moreno-Indias I, et al. Insulin resistance is associated with specific gut microbiota in appendix samples from morbidly obese patients. Am J Transl Res 8, 5672–5684 (2016).
- [455] Chen W, et al. Review of Ginseng Anti-Diabetic Studies. Molecules.;24(24) (2019).
- [456] Satija A, et al. Plant-Based Dietary Patterns and Incidence of Type 2 Diabetes in US Men and Women: Results from Three Prospective Cohort Studies. PLoS Med;13(6):e1002039 (2016).
- [457] Rózańska D, et al. The significance of anthocyanins in the prevention and treatment of type 2 diabetes. Adv Clin Exp Med.;27(1):135-142 (2018).
- [458] Alpizar-Rodríguez D, et al. Prevotella copE in individuals at risk for rheumatoid arthritis. Ann Rheum Dis.;78(5):590.(2019).
- [459] Boer CG, et al. Intestinal microbiome composition and its relation to joint pain and inflammation. Nat Commun.;10(1):4881.(2019).
- [460] Volkmann ER, et al. Systemic sclerosis is associated with specific alterations in gastrointestinal microbiota in two independent cohorts. BMJ Open Gastroenterol. Apr 1;4(1):e000134. (2017).
- [461] Wells PM, et al. Associations between gut microbiota and genetic risk for rheumatoid arthritis in the absence of disease: a cross-sectional study. The Lancet Rheumatology;2(7):e418-e27 (2020).
- [462] Gupta VK, et al. Gut Microbiome Predicts Clinically Important Improvement in Patients with Rheumatoid Arthritis. medRxiv;(2020).
- [463] Natalello G, et al. Gut microbiota analysis in systemic sclerosis according to disease characteristics and nutritional status. Clinical and experimental rheumatology;38 Suppl 125(3):73-84 (2020).
- [464] Mena-Vázquez N, et al. Expansion of Rare and Harmful Lineages is Associated with Established Rheumatoid Arthritis. Journal of Clinical Medicine.;9(4). (2020).
- [465] Moen K, et al. Immunoglobulin G and A Antibody Responses to Bacteroides forsythus and Prevotella intermedia in Sera and Synovial Fluids of Arthritis Patients. Clin Diagn Lab Immunol 10, 1043–1050 (2003).
- [466] Kishikawa T, et al. Metagenome-wide association study of gut microbiome revealed novel aetiology of rheumatoid arthritis in the Japanese population. Ann Rheum Dis;79(1):103. (2020).
- [467] Mclean MH, et al. Does the microbiota play a role in the pathogenesis of autoimmune diseases? Gut, 64(2):332-41 (2015).
- [468] Chen J, et al. Dysbiosis of the gut microbiome is a risk factor for osteoarthritis in older female adults: a case control study. BMC Bioinformatics 22;299 (2021).
- [469] Henson, et al. Interrogation of the perturbed gut microbiota in gouty arthritis patients through in silico metabolic modeling. Eng. Life Sci. (2021).
- [470] Rooney C, et al. Investigating the role of the gut microbiome as a trigger for arthritis development in individuals at risk of rheumatoid arthritis. Microbiology Society (2020).

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