

Proben ID: 33581965
 Probennahme: 10.08.2025
 Analysiert: 10.09.2025

Material: Stuhl
 Labor: labors.at

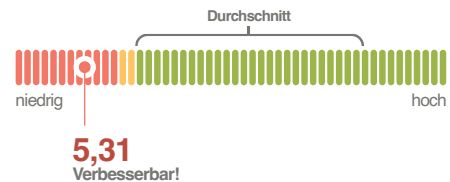
1. Mikrobielle Gesundheit

Mikrobielle Diversität

Die Gesamtvielfalt deiner Darmbakterien könnte besser sein. Unsere Tipps unterstützen dich dabei, dein Darm-Mikrobiom zu stärken und somit auch deine Gesundheit.

Artenreichtum: 179 (Durchschnitt: 202-322)

Artengleichheit: 0,71 (Durchschnitt: 0,72-0,78)



Wissenswertes

Die Diversität (= mikrobielle Vielfalt) beschreibt die Verschiedenheit deines Darm-Mikrobioms und setzt sich aus Artenreichtum und Artengleichheit zusammen. Die Diversität ist der wichtigste Parameter, um die Gesundheit deines Darm-Mikrobioms zu analysieren. Sie misst, wie viele verschiedene Bakterienarten (Artenreichtum) im Darm vorkommen und wie gleichmäßig sie auf die einzelnen Arten verteilt sind (Artengleichheit).

Eine Bakteriengemeinschaft mit hoher Diversität besteht also aus vielen verschiedenen Arten und die Individuen sind gleichmäßig verteilt.

Die Diversität wird mit dem "Shannon-Index" berechnet - die Zahl, die du auf der Grafik siehst. Dieser Index wird in einer einzigen Zahl ausgedrückt und berücksichtigt sowohl den Artenreichtum als auch die Artengleichheit (die Verteilung der Individuen auf diese Arten). Je höher der Wert, desto besser!

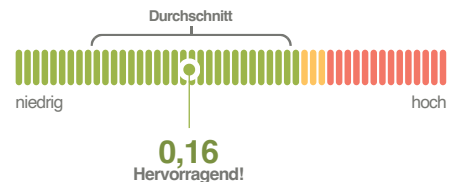
Forschungsergebnisse zeigen, dass eine geringe Diversität mit verschiedenen Gesundheitsproblemen wie unter anderem entzündlichen Darmerkrankungen, Fettleibigkeit, Stoffwechselstörungen und Autoimmunerkrankungen in Verbindung stehen kann.

Artenreichtum: Gibt die Anzahl der verschiedenen Bakterienarten in einer Stuhlprobe an. Ein hoher Wert weist auf einen hohen Artenreichtum hin.

Artengleichheit: Gibt Aufschluss darüber, wie ausgewogen die Häufigkeit der verschiedenen Bakterienarten ist. Eine gleichmäßigere Verteilung trägt dazu bei, die Dominanz einiger weniger Arten zu verhindern, wodurch die Gemeinschaft weniger anfällig für Störungen oder ungünstigen Veränderungen ist.

Dysbiose Index

Dein Darm-Mikrobiom ist in Balance. Es gibt keine Hinweise auf eine Dysbiose (= Ungleichgewicht).



Wissenswertes

Eine Dysbiose beschreibt ein Ungleichgewicht deines Darm-Mikrobioms. Das bedeutet, dass potenziell schädliche Bakterien überwiegen und nützliche Bakterien verdrängt werden. Die Ursachen hierfür können sehr vielfältig sein. Häufig liegt der Ursprung in einer unausgewogenen Ernährung mit vielen hochverarbeiteten Lebensmitteln, ungünstigen Lebensstilfaktoren wie Stress, Bewegungsmangel oder Schlafmangel sowie in der regelmäßigen Einnahme von Medikamenten. Auch bestimmte Erkrankungen, insbesondere chronisch entzündliche Darmerkrankungen, erhöhen das Risiko einer Dysbiose. Der Dysbiose-Index misst den Schweregrad dieses unausgeglichene Verhältnisses. Er kann nützlich sein, um Mikrobiom-Veränderungen während Behandlungen oder Ernährungsumstellungen zu überwachen.

Enterotyp

Der Enterotyp 1 („Bacteroides“) steht in Verbindung mit einer Ernährung, die reich an tierischen Lebensmitteln ist.



Enterotyp 1: Bacteroides

Wissenswertes

Enterotypen teilen das Darm-Mikrobiom in 3 dominierende Bakteriengruppen ein, die sich als „Basis-Mikrobiom“ in den ersten Lebensjahren vor allem aufgrund von genetischen Faktoren und Ernährungsweisen festigen. Es gibt Hinweise, dass dein Enterotyp einen Einfluss darauf hat, welche Nahrungsmittel du besonders gut verstoffwechseln kannst und wie effizient die Vitaminproduktion im Darm ist. Langfristige Ernährungsgewohnheiten können einen Einfluss auf deinen Enterotyp haben, ebenso wie Alter, Gesundheitszustand und Medikamenteneinnahme.

Bitte beachte, dass diese Einteilung und dein Ergebnis nur eine Tendenz darstellt und sich die Typen überlappen können.

Enterotyp 1: Bacteroides

Der Enterotyp 1 zeichnet sich durch eine Dominanz der Bakteriengattung Bacteroides aus. Sie sind spezialisiert darin, Energie aus tierischem Protein, gesättigten Fettsäuren und einfachen Kohlenhydraten wie Zucker zu gewinnen. Der Körper gewinnt seine Energie hauptsächlich aus Kohlenhydraten und Proteinen. Zusätzlich produzieren diese Bakterien die Vitamine B2 (Riboflavin), B5 (Pantothensäure), B7 (Biotin), B9 (Folsäure) und Vitamin C. Jedoch kann beim Enterotyp 1 die Nährstoffresorption manchmal ein wenig schlechter sein, deshalb ist hier besonders auf die Mikronährstoffversorgung zu achten.

Enterotyp 2

Der Enterotyp 2 („Prevotella“) steht in Verbindung mit einer pflanzenbasierten Ernährung, die reich an Obst, Gemüse, Hülsenfrüchten und Vollkornprodukten ist.

Enterotyp 3

Der Enterotyp 3 („Ruminococcus“) steht in Verbindung mit einer Ernährung, die ausgewogen und reich an komplexen Kohlenhydraten, einschließlich Ballaststoffen ist.

2. Darm-Körper-Interaktion

Darm-Immun-Achse

Geringer Support deines Immunsystems



Deine Darmbakterien könnten widerstandsfähiger sein, um dein Immunsystem noch effektiver zu unterstützen. Unsere Tipps helfen dir, dein Darm-Mikrobiom zu stärken.

Wissenswertes

Die Darm-Immun-Achse beschreibt den Zusammenhang und das Zusammenspiel vom Darm mit dem körpereigenen Immunsystem. Über 70 % des Immunsystems befindet sich im Darm und wird von den dort lebenden Bakterien unterstützt. Bestimmte Bakterien aktivieren Immunzellen oder regulieren deren Aktivität und produzieren entzündungshemmende Substanzen wie kurzkettige Fettsäuren. Die Gesundheit deines Darm-Mikrobioms ist entscheidend für ein starkes Immunsystem.

Mittels einer Stuhlprobe können so Rückschlüsse auf die Stärke und Widerstandsfähigkeit deines Immunsystems gezogen werden.

Entzündungspotenzial

Du scheinst keine LPS-bedingten Entzündungsprozesse zu haben. Deine Werte zeigen kein erhöhtes entzündliches Potenzial durch LPS in deinem Darm.



Niedriges
Entzündungspotenzial

Dein Ergebnis setzt sich aus 4 Stoffwechselwegen zur LPS-Herstellung zusammen:

- Zuckerbausteine für LPS
- Erweiterte LPS-Bausteine
- Oberflächen-Antigene
- Vorstufe für LPS

Wissenswertes

Das Entzündungspotenzial in deinem Darm kann anhand der **Lipopolysaccharide (LPS)** berechnet werden. LPS sind Moleküle, die in den Zellwänden bestimmter Bakterien vorkommen. Neueste Forschungsergebnisse zeigen, wie die Zusammensetzung des Darm-Mikrobioms (inklusive der Arten und Mengen der LPS produzierenden Bakterien) das Immunsystem im Darm beeinflusst.

Bestimmte Bakterien können die beschriebenen Stoffwechselwege nutzen, um LPS zu produzieren. Befinden sich in deinem Darm zu viele LPS-produzierende Bakterien, ist das Potenzial für Entzündungen erhöht.

Zudem sind der Dysbiose-Index und die Immunstärke wichtige Parameter, die das Entzündungspotenzial im Darm beeinflussen können.

Darm-Haut-Achse

Dein Darm-Mikrobiom scheint eine gesunde Haut zu unterstützen.

Geringe Neigung zu Hautproblemen



Geringe Neigung zu Akne



Hohe Neigung zu Neurodermitis



Hohe Neigung zu Psoriasis



Wissenswertes

Die Darm-Haut-Achse beschreibt den Zusammenhang zwischen dem Darm-Mikrobiom und der Hautgesundheit. Hauterkrankungen wie Akne, Neurodermitis und Psoriasis sind häufig auf Entzündungen im Körper zurückzuführen, die dann auf der Hautoberfläche sichtbar werden. Darmbakterien können das Immunsystem und Entzündungsprozesse im Körper direkt regulieren. Daher ist es möglich durch eine Analyse einer Stuhlprobe Rückschlüsse auf die Hautgesundheit zu ziehen.

Gewichtsmanagement

Deine Darmbakterien scheinen dich bei der natürlichen Gewichtsregulierung gut zu unterstützen. Alles scheint im Gleichgewicht zu sein.

Geringe Neigung zu Untergewicht



Geringe Neigung zu Übergewicht



Wissenswertes

Die Zusammensetzung der Darmbakterien beeinflusst verschiedene Aspekte des Stoffwechsels, wie z. B. auch die Energiegewinnung aus Nahrung. Mehrere Studien zeigen, dass die Darmbakterien eine Rolle bei der Gewichtsregulierung spielen. Einige Bakterien werden mit einem schlanken Erscheinungsbild in Verbindung gebracht, während andere möglicherweise eine Fettleibigkeit begünstigen können.

Es kann sein, dass in deinem Darm sowohl Bakterien vorhanden sind, die eher mit Untergewicht in Zusammenhang stehen, als auch Bakterien, die eher mit Übergewicht in Verbindung stehen.

Weitere wichtige Faktoren bei der Gewichtsregulierung sind unter anderem die Diversität und von Bakterien produzierte kurzkettige Fettsäuren.

3. Darmgesundheit

Leaky-Gut-Syndrom

Geringe Neigung zum Leaky Gut Syndrom



Es scheint keinen Zusammenhang zwischen deinen Darmbakterien und einem Leaky-Gut-Syndrom zu geben. Deine Darmbakterien helfen gut dabei, die Barrierefunktion deiner Darmschleimhaut zu erhalten.

Wissenswertes

Das Leaky-Gut-Syndrom beschreibt eine erhöhte Durchlässigkeit der Darmschleimhaut. Diese kontrolliert, welche Substanzen aus dem Darm in den Blutkreislauf gelangen. Ist die Darmschleimhaut beeinträchtigt, können unerwünschte Substanzen in den Körper gelangen und Entzündungen auslösen. Zur Aufrechterhaltung einer intakten Darmschleimhaut ist ein gesundes Darm-Mikrobiom von großer Bedeutung. Nützliche Darmbakterien helfen, die Darmbarriere zu stärken und Entzündungen zu verringern. Bitte beachte, dass eine hohe Diversität entscheidend für eine gesunde Darmschleimhaut ist.

Geraten die Darmbakterien hingegen aus dem Gleichgewicht, können sich Bakterien vermehren, die übermäßig Schleimhautzellen abbauen und die Darmschleimhaut dadurch "löchriger" machen. Das kann zu einem Leaky-Gut-Syndrom beitragen. Eine beeinträchtigte Darmschleimhaut steht unter anderem in Verbindung mit einem erhöhten Risiko für chronische Entzündungen, Nahrungsmittelunverträglichkeiten, Autoimmunerkrankungen, Reizdarm-Symptomen und Hauterkrankungen.

Reizdarmsyndrom

Geringe Neigung zum Reizdarmsyndrom



Es scheint keinen Zusammenhang zwischen deinen Darmbakterien und einem Reizdarmsyndrom zu geben.

Wissenswertes

Das Reizdarmsyndrom ist eine häufig vorkommende Störung der Magen-Darm-Funktion, die durch Symptome wie Durchfall und/oder Verstopfung, Blähungen und Bauchschmerzen gekennzeichnet ist. Studien zeigen, dass betroffene Personen oft eine ungünstige Zusammensetzung und eine geringere Vielfalt der Darmbakterien im Vergleich zu Personen ohne Reizdarmsyndrom haben. Es gibt zahlreiche Ursachen, die ein Reizdarmsyndrom auslösen oder Symptome verschlimmern können. Psychische Faktoren, wie Stress, scheinen dabei eine besonders große Rolle zu spielen. Zusätzlich gehören Unterernährung, Nährstoffmangel, andere Krankheiten, Toxine, ein Mangel an Magensäure, Medikamente, Infektionen und ein Ungleichgewicht im Darm-Mikrobiom zu den potenziellen Auslösern.

SIBO

Hohe Neigung zu SIBO



Dein Darm-Mikrobiom deutet auf eine mögliche bakterielle Fehlbesiedelung im Dünndarm hin. Falls du unter Symptomen leidest, empfehlen wir dir, dich an eine Ärztin oder einen Arzt zu wenden.

 Wissenswertes

Bei SIBO (Small Intestinal Bacterial Overgrowth) handelt es sich um eine bakterielle Fehlbesiedelung im Dünndarm. Normalerweise befinden sich im Dünndarm viel weniger Bakterien als im Dickdarm. Bei SIBO sind jedoch vermehrt Bakterien aus dem Dickdarm im Dünndarm angesiedelt. Auslöser dafür sind meist eine verlangsamte Verdauung oder anatomische Veränderungen nach Operationen. Die häufigsten Symptome sind Blähungen, aber es kann auch zu anderen Verdauungsstörungen und Nährstoffmängeln (vor allem Vitamin B12) kommen.

Forschungsergebnisse zeigen, dass eine bakterielle Fehlbesiedelung im Dünndarm auch Auswirkungen auf die Zusammensetzung der Bakterien im Dickdarm hat. Dadurch kann eine Stuhlprobe Hinweise auf ein mögliches Vorhandensein von SIBO geben. Erwäge bei einem positiven Ergebnis eine Ärztin oder einen Arzt aufzusuchen und einen zusätzlichen Atemtest durchzuführen.

Glutensensitivität

Hohe Neigung zu Glutensensitivität



Die Zusammensetzung deines Darm-Mikrobioms deutet auf eine mögliche Glutensensitivität hin. Falls du unter Verdauungsproblemen oder -symptomen leidest, empfehlen wir dir, dich an eine Ärztin oder einen Arzt zu wenden.

 Wissenswertes

Glutensensitivität bezeichnet eine Empfindlichkeit gegenüber Gluten, die jedoch nicht mit der Krankheit Zöliakie (Autoimmun-Reaktion) oder einer Weizenallergie zusammenhängt. Gluten ist ein Protein, welches sich in Getreide wie Weizen, Dinkel, Roggen und Gerste befindet. Nach dem Verzehr kommt es bei Personen mit Glutensensitivität meist zu Verdauungsproblemen oder Symptomen wie chronische Müdigkeit, Kopfschmerzen, etc.

Auf Basis von wissenschaftlichen Studien ist es nun möglich, einen Zusammenhang zwischen der Zusammensetzung des Darm-Mikrobioms und einer möglichen Glutensensitivität herzustellen.

4. Bakterienlisten

F/B-Verhältnis

Dein F/B-Verhältnis: 6,04



Bakterium	Häufigkeit (%)	Referenz (%)
Bacteroidota	↓ 14,03 	30,88 - 45,11
Firmicutes	↑ 84,81 	48,28 - 63,47

Probiotische Bakterien

Bakterium	Häufigkeit (%)	Referenz (%)
Akkermansia muciniphila	0,00 	0,00 - 1,56
Bifidobacterium	0,19 	0,03 - 0,66
Bifidobacterium longum	0,09 	0,00 - 0,36
Lactobacillus	0,00 	0,00 - 0,01

Mucin-produzierende Bakterien

Bakterium	Häufigkeit (%)	Referenz (%)
Akkermansia muciniphila	0,00 	0,00 - 1,56
Bacteroides fragilis	↑ 1,71 	0,00 - 0,26
Bacteroides thetaiotaomicron	↓ 0,00 	0,02 - 0,65
Bifidobacterium	0,19 	0,03 - 0,66
Faecalibacterium prausnitzii	↑ 15,25 	3,44 - 11,31
Lactobacillus	0,00 	0,00 - 0,01

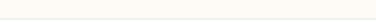
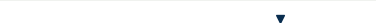
Butyrat-produzierende Bakterien

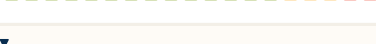
Bakterium	Häufigkeit (%)	Referenz (%)
Anaerostipes	0,10 	0,04 - 0,36
Coproccoccus	↑ 2,50 	0,06 - 1,90
Eubacterium hallii group	↑ 0,11 	0,00 - 0,09
Faecalibacterium prausnitzii	↑ 15,25 	3,44 - 11,31
Roseburia	↑ 0,22 	0,00 - 0,16
Subdoligranulum	0,86 	0,30 - 2,50

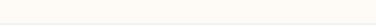
Sulfat-reduzierende Bakterien

Bakterium	Häufigkeit (%)	Referenz (%)
Bilophila	0,11 	0,02 - 0,25
Bilophila wadsworthia	0,11 	0,00 - 0,24
Desulfovibrio	0,00 	0,00 - 0,23

Alle Bakterienstämme

Stamm	Gattung	Häufigkeit (%)	Referenz (%)
Actinobacteriota	Actinomyces	0,01 	Keine Daten
Verrucomicrobiota	Akkermansia	0,00 	0,00 - 1,94
Bacteroidota	Alistipes	↓ 0,00 	1,35 - 4,96
Firmicutes	Anaerofilum	0,00 	0,00 - 0,01
Firmicutes	Anaerostignum	0,02 	Keine Daten
Firmicutes	Anaerostipes	0,10 	0,04 - 0,36
Firmicutes	Anaerotruncus	0,00 	0,00 - 0,01
Bacteroidota	Bacteroides	13,73 	11,89 - 31,62
Bacteroidota	Barnesiella	↓ 0,00 	0,13 - 2,04
Actinobacteriota	Bifidobacterium	0,19 	0,03 - 0,66
Desulfobacterota	Bilophila	0,11 	0,02 - 0,25
Firmicutes	Blautia	0,04 	0,00 - 0,16
Firmicutes	Butyricoccus	↑ 0,85 	0,11 - 0,47
Bacteroidota	Butyricimonas	↑ 0,30 	0,00 - 0,22
Firmicutes	CAG-56	↑ 0,24 	0,00 - 0,12
Firmicutes	Christensenellaceae R-7 group	0,09 	0,05 - 1,83
Firmicutes	Clostridium sensu stricto 1	↑ 0,27 	0,00 - 0,11
Firmicutes	Colidextribacter	↑ 0,19 	0,05 - 0,19
Actinobacteriota	Collinsella	↓ 0,00 	0,02 - 0,22
Bacteroidota	Coprobacter	0,00 	0,00 - 0,24
Firmicutes	Coprococcus	↑ 2,50 	0,06 - 1,90
Firmicutes	Defluviitaleaceae UCG-011	0,00 	0,00 - 0,03
Desulfobacterota	Desulfovibrio	0,00 	0,00 - 0,23
Firmicutes	Dialister	0,00 	0,00 - 2,50
Firmicutes	Dielma	0,00 	0,00 - 0,01
Firmicutes	DTU089	0,02 	0,00 - 0,02
Actinobacteriota	Eggerthella	0,01 	Keine Daten
Firmicutes	Eisenbergiella	↑ 0,03 	0,00 - 0,02
Actinobacteriota	Enterorhabdus	0,00 	0,00 - 0,01

Stamm	Gattung	Häufigkeit (%)	Referenz (%)
Firmicutes	Erysipelatoclostridium	↑ 0,08 	0,00 - 0,05
Firmicutes	Erysipelotrichaceae UCG-003	0,28 	0,03 - 0,33
Proteobacteria	Escherichia-Shigella	0,00 	0,00 - 0,07
Firmicutes	Eubacterium eligens group	↑ 4,09 	0,25 - 2,68
Firmicutes	Eubacterium hallii group	↑ 0,11 	0,00 - 0,09
Firmicutes	Eubacterium nodatum group	0,00 	0,00 - 0,02
Firmicutes	Eubacterium oxidoreducens group	0,00 	0,00 - 0,05
Firmicutes	Eubacterium ruminantium group	0,00 	0,00 - 0,13
Firmicutes	Eubacterium siraeum group	↓ 0,00 	0,01 - 1,49
Firmicutes	Eubacterium ventriosum group	↑ 0,19 	0,01 - 0,15
Firmicutes	Eubacterium xylanophilum group	0,05 	0,00 - 0,37
Firmicutes	Faecalibacterium	↑ 19,63 	6,02 - 15,78
Firmicutes	Faecalitalea	0,01 	Keine Daten
Firmicutes	Family XIII AD3011 group	0,01 	0,00 - 0,08
Firmicutes	Family XIII UCG-001	0,00 	0,00 - 0,03
Firmicutes	Flavonifractor	↑ 0,21 	0,00 - 0,06
Firmicutes	Fournierella	0,00 	0,00 - 0,01
Firmicutes	Frisingicoccus	0,02 	Keine Daten
Firmicutes	GCA-900066575	↑ 0,23 	0,01 - 0,08
Actinobacteriota	Gordonibacter	0,01 	Keine Daten
Proteobacteria	Haemophilus	0,03 	0,00 - 0,12
Firmicutes	Holdemanella	0,00 	0,00 - 0,09
Firmicutes	Holdemania	↑ 0,11 	0,00 - 0,05
Firmicutes	Hungatella	0,02 	Keine Daten
Firmicutes	Hydrogenoanaerobacterium	0,00 	0,00 - 0,01
Firmicutes	Intestinibacter	↑ 0,66 	0,00 - 0,03
Firmicutes	Intestinimonas	0,03 	0,00 - 0,06
Firmicutes	Lachnoclostridium	↓ 0,15 	0,15 - 0,82
Firmicutes	Lachnospira	↑ 9,20 	0,35 - 2,63
Firmicutes	Lachnospiraceae FCS020 group	↑ 0,46 	0,03 - 0,37

Stamm	Gattung	Häufigkeit (%)	Referenz (%)
Firmicutes	Lachnospiraceae NC2004 group	0,49 	0,02 - 1,00
Firmicutes	Lachnospiraceae ND3007 group	↑ 2,83 	0,24 - 2,58
Firmicutes	Lachnospiraceae NK4A136 group	↑ 0,38 	0,00 - 0,28
Firmicutes	Lachnospiraceae UCG-001	↑ 0,77 	0,02 - 0,51
Firmicutes	Lachnospiraceae UCG-004	↑ 0,89 	0,00 - 0,29
Firmicutes	Lachnospiraceae UCG-008	0,00 	0,00 - 0,05
Firmicutes	Lachnospiraceae UCG-010	↓ 0,00 	0,03 - 0,27
Firmicutes	Lactobacillus	0,00 	0,00 - 0,01
Firmicutes	Lactococcus	0,00 	0,00 - 0,01
Firmicutes	Marvinbryantia	0,00 	0,00 - 0,02
Firmicutes	Merdibacter	0,00 	0,00 - 0,01
Firmicutes	Monoglobus	↑ 0,41 	0,07 - 0,37
Firmicutes	Moryella	0,00 	0,00 - 0,05
Firmicutes	Negativibacillus	0,03 	0,00 - 0,08
Firmicutes	NK4A214 group	0,55 	0,00 - 0,95
Bacteroidota	Odoribacter	↓ 0,00 	0,11 - 0,41
Firmicutes	Oscillibacter	↑ 0,34 	0,03 - 0,31
Firmicutes	Oscillospira	0,01 	0,00 - 0,11
Proteobacteria	Oxalobacter	0,00 	0,00 - 0,03
Bacteroidota	Parabacteroides	↓ 0,00 	0,94 - 3,59
Bacteroidota	Paraprevotella	0,00 	0,00 - 0,36
Proteobacteria	Parasutterella	0,76 	0,01 - 0,80
Firmicutes	Peptococcus	0,02 	0,00 - 0,03
Firmicutes	Phascolarctobacterium	0,62 	0,00 - 2,07
Firmicutes	Phoceia	0,00 	0,00 - 0,01
Bacteroidota	Prevotella	0,00 	0,00 - 11,55
Firmicutes	Pseudoflavonifractor	↑ 0,06 	0,00 - 0,01
Firmicutes	Romboutsia	0,00 	0,00 - 0,01
Firmicutes	Roseburia	↑ 0,22 	0,00 - 0,16
Firmicutes	Ruminococcus	1,47 	0,15 - 1,95

Stamm	Gattung	Häufigkeit (%)	Referenz (%)
Firmicutes	Ruminococcus torques group	0,00 	0,00 - 0,11
Firmicutes	Sellimonas	0,01 	Keine Daten
Actinobacteriota	Senegalimassilia	0,00 	0,00 - 0,02
Actinobacteriota	Slackia	0,00 	0,00 - 0,02
Firmicutes	Streptococcus	0,05 	0,03 - 0,31
Firmicutes	Subdoligranulum	0,86 	0,30 - 2,50
Proteobacteria	Sutterella	↓ 0,00 	0,02 - 2,45
Firmicutes	Terrisporobacter	0,00 	0,00 - 0,02
Patescibacteria	TM7x	0,00 	0,00 - 0,03
Firmicutes	Turcibacter	0,02 	0,00 - 0,06
Firmicutes	Tuzzerella	0,01 	Keine Daten
Firmicutes	Tyzzereella	0,01 	0,00 - 0,11
Firmicutes	UBA1819	0,03 	0,00 - 0,05
Firmicutes	UCG-002	0,53 	0,03 - 0,63
Firmicutes	UCG-003	↑ 0,28 	0,00 - 0,18
Firmicutes	UCG-005	↓ 0,00 	0,02 - 0,54
Firmicutes	UCG-009	0,00 	0,00 - 0,01
Firmicutes	Veillonella	↑ 0,60 	0,00 - 0,15
Verrucomicrobiota	Vitvallis	0,00 	0,00 - 0,24

5. Empfehlungen

Mikrobielle Gesundheit

Genügend Flüssigkeit

Ausreichend Flüssigkeit ist wichtig für eine gesunde Darmflora und Verdauung. Ein gut hydrierter Darm fördert das Wachstum nützlicher Bakterien und verringert das Risiko von Verstopfung. Um das bakterielle Gleichgewicht zu unterstützen, trinke regelmäßig Wasser und Kräutertees. Hydratiert zu bleiben schafft ein gesundes Darmmilieu, das die richtige Funktion des Mikrobioms unterstützt.

Wähle folgende Getränke:

- Wasser: Ziel sind mindestens acht Gläser täglich, um frisch zu bleiben.
- Kräutertees: Integriere Ingwer- oder Pfefferminztee für die Verdauungsunterstützung.
- Infused Water: Füge für Abwechslung und Geschmack Zitronen-, Gurkenscheiben oder Minzblätter hinzu.
- Kokoswasser: Genieße es als natürliche Elektrolytquelle nach intensiver Aktivität.

Vermeide Zucker und Süßstoffe

Ein hoher Konsum von Zucker und künstlichen Süßstoffen kann negative Auswirkungen auf dein Darm-Mikrobiom haben und das Wachstum nützlicher Bakterien beeinträchtigen. Da dein Mikrobiom Anzeichen von Ungleichgewicht zeigt, ist es wichtig, den Zuckerkonsum zu reduzieren und natürliche süße Alternativen zu priorisieren. Durch die Senkung der Zuckeraufnahme kannst du eine Umgebung schaffen, die die guten Bakterien in deinem Darm besser unterstützt. Beginne, schrittweise Anpassungen an deiner Ernährung vorzunehmen, um den Konsum von zuckerhaltigen Lebensmitteln und Getränken zu reduzieren und stattdessen auf Vollwertkost und natürliche Süßstoffe zu setzen.

Wähle gesündere Alternativen zu zugesetztem Zucker:

- Frisches Obst: Greife zu süßen Fruchtsnacks statt zu zuckerhaltigen Leckereien.
- Honig und Ahornsirup: Verwende diese natürlichen Süßstoffe in Maßen.
- Dunkle Schokolade: Genieße ein kleines Stück als Nachspeise, wenn es wenig Zucker enthält.
- Ungesüßter (pflanzlicher) Joghurt: Wähle dies als probiotische Basis und füge Früchte für den Geschmack hinzu.

Fermentierte Lebensmittel

Fermentierte Lebensmittel sind hervorragende Verbündete für deinen Darm. Sie bringen Probiotika in dein System ein, wodurch die vorhandenen nützlichen Bakterien gestärkt werden und ein Ungleichgewicht, das in deinen Mikrobiom-Ergebnissen angezeigt wird, bekämpft wird. Regelmäßiger Verzehr fermentierter Lebensmittel kann ein gesünderes mikrobielles Umfeld in deinem Darm unterstützen. Um deine Probiotika-Aufnahme zu maximieren, solltest du mehrmals pro Woche verschiedene fermentierte Lebensmittel in deine Ernährung einbauen.

Mache fermentierte Lebensmittel zu einem festen Bestandteil deines Alltags:

- (Pflanzlicher) Joghurt und Kefir: Genieße sie mit Obst zum Frühstück oder in Smoothies.
- Sauerkraut und Kimchi: Serviere sie zu Hauptgerichten oder als Toppings. Sei vorsichtig, wenn du allergisch gegen Fisch bist. Kimchi wird oft mit Fischsauce gewürzt. Dann ist es besser, auf eine vegane Version von Kimchi zurückzugreifen.
- Kombucha: Genieße dieses sprudelnde Getränk als erfrischende Limonade.
- Miso: Mische es in Suppen, Dressings oder Marinaden für einen reichen Geschmack. Miso wird traditionell aus Sojabohnen hergestellt, es gibt aber auch Varianten aus Kichererbsen, Gerste oder Reis.

Mediterrane Quinoa-Schale

Zutaten:

1 Tasse Quinoa
2 Tassen Wasser
1 Tasse Kichererbsen, gekocht
1/2 Tasse Kirschtomaten, halbiert
1/2 Gurke, gewürfelt
1/4 Tasse Kalamata-Oliven, in Scheiben geschnitten
1/4 Tasse rote Zwiebel, dünn geschnitten
1/4 Tasse Feta-Käse, zerbröseln (optional)
1 Esslöffel Olivenöl
Saft von 1 Zitrone
Salz und Pfeffer nach Geschmack

Zubereitung:

1. Spüle den Quinoa unter kaltem Wasser ab.
2. In einem Topf Quinoa mit Wasser vermengen und zum Kochen bringen. Hitze reduzieren und zugedeckt 15 Minuten köcheln lassen, bis der Quinoa durch ist.
3. In einer großen Schüssel gekochten Quinoa, Kichererbsen, Kirschtomaten, Gurke, Oliven, rote Zwiebel und Feta-Käse vermengen.
4. Mit Olivenöl und Zitronensaft beträufeln.
5. Mit Salz und Pfeffer würzen.
6. Alles gut vermischen und warm oder kalt servieren.

Genieße eine proteinreiche Quinoa-Bowl, verfeinert mit den Aromen des Mittelmeers.

Darm-Körper-Interaktion**B-Vitamine**

B-Vitamine unterstützen das Wachstum von Butyrat-produzierenden Bakterien, die entzündungshemmend und für die Darmgesundheit unerlässlich sind.

Integriere diese pflanzlichen Lebensmittel mit einem hohen Gehalt an B-Vitaminen:

- Spinat und Blattgemüse: Vollgepackt mit B-Vitaminen, perfekt für Salate, Smoothies oder gekochte Gerichte.
- Sonnenblumenkerne: Ein nahrhafter Snack oder als Topping für Gerichte oder Salate, reich an B-Vitaminen.
- Kichererbsen: Hervorragende Quelle für B-Vitamine, ideal in Salaten, Suppen oder als Hummus.
- Süßkartoffeln: Nährstoffreich mit einem hohen B-Vitamingehalt, ideal zum Rösten, in Eintöpfen oder als Püree.

Verwende Quarkermehl und Akazienfaser

Sowohl Quarkermehl als auch Akazienfaser sind Ballaststoffe, die auch bei einer empfindlichen Verdauung gut vertragen werden. Sie können als unterstützende Maßnahme für die Darmgesundheit vorteilhaft sein. Beginne mit kleinen Mengen (etwa einem halben Teelöffel) dieser Ballaststoffe und erhöhe allmählich.

Beginne mit kleinen Mengen dieser Ballaststoffe und erhöhe sie allmählich:

- In (pflanzlichem) Joghurt oder Smoothies: Füge Quarkermehl oder Akazienfaser deinem Joghurt oder Smoothie hinzu.
- In Wasser: Löse sie in einem kleinen Glas Wasser auf und trinke es anschließend, um einen zusätzlichen Ballaststoffschub zu erhalten.
- Nahrungsergänzung: Überlege, Ergänzungsmittel zu verwenden, die diese Ballaststoffe für gesundheitliche Vorteile im Darm kombinieren, wie myBioma Balance, das beide enthält und leicht in deine Routine zu integrieren ist.

Greife zu Präbiotika

Präbiotika dienen als Nahrung für die Bewohner deines Darms, fördern die Produktion von kurzkettigen Fettsäuren, wirken Entzündungen entgegen und haben positive Auswirkungen auf das Immunsystem.

Integriere präbiotische Lebensmittel mindestens 4 Mal pro Woche in deine Mahlzeiten:

- Chicorée, Zwiebeln und Knoblauch: Verleihe deinen Gerichten zusätzlichen Geschmack und wertvolle Nährstoffe, indem du diese aromatischen Zutaten integrierst.
- Hafer: Genieße Haferflocken als Porridge zum Frühstück, garniert mit Nussmus und frischen Beeren.
- Artischocken: Bereichere gebackene Gerichte oder geröstetes Gemüse mit dem einzigartigen Geschmack von Artischocken.
- Topinambur-Gratin: Füge fein geschnittenen Topinambur deinem Kartoffelgratin hinzu.

 Linsen Curry**Zutaten:**

Linsen - 1 Tasse
Kurkuma - 1 Esslöffel
Kokosmilch - 400 ml
Spinat - 2 Tassen
Zwiebel - 1 große
Knoblauch - 3 Zehen
Ingwer - 2 cm Stück
Tomaten - 2 mittelgroße
Kreuzkümmel - 1 Teelöffel

Zubereitung:

1. Spüle die Linsen ab und stelle sie zur Seite.
2. Brate die gehackte Zwiebel, den gehackten Knoblauch und geriebenen Ingwer in einem Topf an.
3. Füge Kurkuma und Kreuzkümmel hinzu und rühre kurz um, damit sich die Aromen entfalten.
4. Gib die Tomaten und Linsen hinzu und rühre gut um.
5. Gieße die Kokosmilch dazu und lasse alles köcheln.
6. Rühre den Spinat kurz vor dem Servieren ein.

Ein herzhaftes und gesundes Curry, das deinen Darm und dein Immunsystem fit hält.

Darmgesundheit**Gut verträgliche Früchte**

Für Personen, die ein erhöhtes Risiko für eine Dünndarmfunktionsstörung haben oder bereits Symptome erleben sind bestimmte Früchte in der Regel leichter verdaulich als andere. Gut verdauliche Früchte können essenzielle Nährstoffe liefern, ohne Beschwerden zu verschlimmern. Bestimmte Lebensmittel solltest du nur dann reduzieren oder meiden, wenn sie tatsächlich Symptome auslösen oder verschlimmern. Sind sie für dich gut verträglich, bleibe bei diesen Lebensmitteln, um die Vielfalt deiner Ernährung zu erhalten – eine wichtige Grundlage für eine gesunde Darmflora.

Wähle gut verträgliche Früchte zur Unterstützung der Verdauung:

- Himbeeren: Reich an Ballaststoffen und Antioxidantien.
- Ananas: Enthält Verdauungsenzyme und ist sanft zum Magen.
- Bananen: Leicht verdaulich und eine gute Kaliumquelle.
- Blaubeeren: Reich an Vitaminen und gut für die Darmgesundheit.
- Orangen: Spenden Flüssigkeit und liefern Vitamin C.

Vielfältige Früchte und Gemüse

Der Verzehr verschiedener Früchte und Gemüse bereichert deine Ernährung mit unterschiedlichen Ballaststoffen, Vitaminen und Mineralstoffen, die die Darmgesundheit fördern. Vielfalt nährt verschiedene Stämme nützlicher Bakterien und unterstützt ein diverses Darm-Mikrobiom, das für eine optimale Verdauung unerlässlich ist. Das Ergebnis ist ein ausbalanciertes Verdauungssystem, das weniger anfällig für Verdauungsstörungen ist. Wenn du bei der Auswahl von Obst und Gemüse auf Farbe und Vielfalt achtest, kannst du eine ausgewogene und unterstützende Ernährung sicherstellen.

Stelle eine bunte Auswahl an Früchten und Gemüse in den Mittelpunkt deiner Ernährung.

- Süßkartoffeln: Im Ofen braten oder als Beilage stampfen.
- Karotten: Roh mit Hummus oder gedünstet genießen.
- Beeren: In Smoothies oder Joghurt als natürliche Süße hinzufügen.
- Zitrusfrüchte: In Salaten verwenden oder frisch als Snack.

Vermeide fettige Lebensmittel

Frittierte und fettige Lebensmittel können die Verdauung verlangsamen und die Symptome einer Dünndarmfunktionsstörung (SIBO) verschlechtern. Bei SIBO oder einem erhöhten Risiko dafür ist es entscheidend, die Darmbewegung zu fördern, um einem übermäßigen Bakterienwachstum entgegenzuwirken.

Reduziere den Verzehr von fettigen Lebensmitteln, um eine gesunde Verdauung zu fördern:

- **Begrenze frittierte Lebensmittel:** Vermeide große Mengen an frittierten und fettigen Lebensmitteln, da sie die Verdauung beeinträchtigen und zu SIBO-Symptomen beitragen können.
- **Wähle gesündere Fette:** Verwende gesunde Fette wie Olivenöl oder Avocado in Maßen, um die Verdauungsgesundheit zu unterstützen. Diese Fette können essentielle Nährstoffe liefern, ohne die Darmbewegung zu beeinträchtigen.
- **Integriere Nüsse und Samen:** Füge 1-2 Esslöffel Nüsse und Samen, wie Mandeln oder Chiasamen, zu deinen Mahlzeiten hinzu, um die Aufnahme gesunder Fette zu erhöhen und die Darmfunktion zu fördern.
- **Achte auf bewusste Portionsgrößen:** Vermeide große Mengen Fett in einer einzigen Mahlzeit, um die natürliche Darmbewegung nicht zu verlangsamen.

🏠 Geröstete Süßkartoffel- und Schwarze-Bohnen-Tacos

Zutaten:

- 2 Süßkartoffeln, gewürfelt
- 1 Dose schwarze Bohnen, ab gespült und abgetropft
- 1 Avocado, in Scheiben geschnitten
- 1/2 Tasse Rotkohl, gehobelt
- 1 Limette, ausgepresst
- 1 Esslöffel Olivenöl
- 100% Mais-Tortillas

Zubereitung:

1. Heize den Ofen auf 200°C vor.
2. Mische die gewürfelten Süßkartoffeln mit Olivenöl und einer Prise Salz.
3. Verteile sie auf einem Backblech und röste sie 25-30 Minuten lang, bis sie weich sind.
4. Erwärme die Mais-Tortillas in einer Pfanne ohne Öl bei mittlerer Hitze.
5. Fülle jede Tortilla mit gerösteter Süßkartoffel, schwarzen Bohnen, Avocadoscheiben und Rotkohl.
6. Träufle etwas Limettensaft darüber, bevor du servierst.

Tacos, voller Ballaststoffe und Geschmack!

Zusammenfassung

Hier ist eine kurze Aufschlüsselung, wie du deine Darmgesundheit stärken kannst:

- **Bleibe Hydriert:** Ausreichend Flüssigkeit ist entscheidend für eine gesunde Darmschleimhaut und Verdauung. Genug Wasser und Kräutertees zu trinken, unterstützt nützliche Bakterien und reduziert das Risiko von Verstopfung, wodurch ein gesundes Umfeld für dein Mikrobiom geschaffen wird.
- **Zuckerkonsum reduzieren:** Ein hoher Konsum von Zucker und künstlichen Süßstoffen kann deinem Darm-Mikrobiom schaden. Da dein Mikrobiom Anzeichen eines Ungleichgewichts zeigt, wird eine Reduzierung von Zucker und die Wahl natürlicher Süßalternativen die guten Bakterien in deinem Darm besser unterstützen.
- **Fermentierte Lebensmittel essen:** Fermentierte Lebensmittel führen Probiotika ein, stärken nützliche Bakterien und bekämpfen Ungleichgewichte in deinem Mikrobiom. Baue mehrmals pro Woche verschiedene fermentierte Lebensmittel in deine Ernährung ein, um ein gesünderes mikrobielles Umfeld zu fördern.
- **Leicht Verdauliche Früchte Wählen:** Für Personen mit SIBO-Risiko oder Symptomen sind einige Früchte leichter verdaulich. Nimm diese zu dir, um essentielle Nährstoffe zu erhalten, ohne Beschwerden zu verschlimmern, aber eliminiere Lebensmittel nur, wenn sie Probleme verursachen, um die Vielfalt deiner Ernährung zu erhalten.
- **Vielfältiges Obst und Gemüse essen:** Eine Vielfalt an Obst und Gemüse bietet unterschiedliche Ballaststoffe, Vitamine und Mineralien, die die Darmgesundheit fördern, indem sie verschiedene nützliche Bakterienstämme nähren. Dies unterstützt ein ausgeglichenes Verdauungssystem, das weniger anfällig für Verdauungsstörungen ist.

- **Frittierte und fettige Lebensmittel meiden:** Frittierte und fettige Lebensmittel können die Verdauung verlangsamen und SIBO-Symptome verschlimmern. Wenn du SIBO hast oder ein Risiko dafür besteht, ist es wichtig, die Darmbewegung zu fördern, indem du diese Lebensmittel meidest, um bakteriellem Überwuchs vorzubeugen.
- **B-Vitamine zu dir nehmen:** B-Vitamine sind wichtig, da sie das Wachstum von Butyrat-produzierenden Bakterien unterstützen, die entzündungshemmende Eigenschaften haben und für die Aufrechterhaltung einer guten Darmgesundheit unerlässlich sind.
- **Guarkernmehl und Akazienfaser hinzufügen:** Guarkernmehl und Akazienfaser sind gut verträgliche Ballaststoffe, die die Darmgesundheit unterstützen können. Beginne mit kleinen Mengen (ein halber Teelöffel) und erhöhe diese allmählich, um Beschwerden zu vermeiden.
- **Präbiotika einbeziehen:** Präbiotika sind für deinen Darm unerlässlich, da sie als Nahrung für nützliche Bakterien dienen. Sie fördern die Produktion von kurzkettigen Fettsäuren, wirken Entzündungen entgegen und beeinflussen dein Immunsystem positiv.

6. Über uns

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, Alzheimer und sogar Darmkrebs.

Die VIDABIOMA Darm-Mikrobiom-Analyse ist das Lifestyle Produkt der Firma MoringaGarden B.V., welche mittels modernster Methoden, intelligenter Algorithmen und den neuesten wissenschaftlichen Publikationen den VIDABIOMA Mikrobiombericht erstellt. Die VIDABIOMA 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, arbeitet MoringaGarden B.V. mit einem 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 VIDABIOMA 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 VIDABIOMA Mikrobiom-Analyse wird aus der Stuhlprobe die bakterielle DNA extrahiert, ein Makergen (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. MoringaGarden B.V. 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 MoringaGarden B.V. durchgeführt. So gewährleistet das Unternehmen eine Standardisierung der Verfahrensschritte, welche für die Mikrobiom-Untersuchung essenziell ist und den Vergleich zu Folgeuntersuchungen ermöglicht.

ⓘ 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.

Die analysierten Daten werden mit speziellen phylogenetischen Analysealgorithmen untersucht, um präzise Ergebnisse zu erzielen, auf deren Grundlage dein Mikrobiom-Bericht erstellt wird. Hierfür werden die neuesten wissenschaftlichen Erkenntnisse verwendet. Diese Machine Learning Algorithmen werden, mit den höchsten Standards im Bezug auf Datenschutz und Datensicherheit, in den Kapiteln Darmgesundheit und Darm-Körper-Interaktion (außer Entzündungspotenziale) eingesetzt, um die Neigung des Mikrobiomprofils einer Probe zu dem Profil der Proben von Personen mit spezifischen Merkmalen zu bestimmen. Die Zusammenfassung im Kapitel "Empfehlungen" wurden mithilfe von KI erstellt.

Wir übernehmen keine Haftung für gesundheitliche Entscheidungen, die auf Basis der Testergebnisse getroffen werden.

Referenzen

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

- [85] Hjorth MF, et al. Prevotella to Bacteroides ratio predicts body weight and fat loss success on 24-week diets varying in macronutrient composition and dietary fiber: results from a post-hoc analysis. *Int. Journal of Obesity*. 2018.
- [86] Heianza Y, et al. Changes in gut microbiota-related metabolites and long-term successful weight loss in response to weight-loss diets: The POUNDS Lost Trial. *Diabetes Care*. 2018.
- [87] Frost F, et al. A structured weight loss program increases gut microbiota phylogenetic diversity and reduces levels of Collinsella in obese type 2 diabetics: a pilot study. *PLoS ONE*. 2019.
- [88] de Clercq NC, et al. Weight gain after fecal microbiota transplantation in a patient with recurrent underweight following clinical recovery from anorexia nervosa. *Psychother Psychosom*. 2019.
- [89] Camody RN, et al. Roles of the gut microbiome in weight management. *Nature Review Microbiology*. 2023.
- [90] van Hul M, et al. The gut microbiota in obesity and weight management: microbes as friends or foe? *Nat Rev Endocrinol*. 2023.
- [91] Martel J, et al. Gut barrier disruption and chronic disease. *Cell Trends Endocrinol Metab*. 2024.
- [92] Quévrain E, et al. Identification of an anti-inflammatory protein from *Faecalibacterium prausnitzii*, a commensal bacterium deficient in Crohn's disease. *Gut*. 2016.
- [93] Hippala K, et al. The potential of gut commensals in reinforcing intestinal barrier function and alleviating inflammation. *Nutrients*. 2018.
- [94] Ghosh S, et al. Regulation of intestinal barrier function by microbial metabolites. *Cell Mol Gastroenterol Hepatol*. 2021.
- [95] Kinashi T, et al. Partners in leaky gut syndrome: intestinal dysbiosis and autoimmunity. *Front Immunol*. 2021.
- [96] Swidsinski A, et al. Spatial organization and composition of the mucosal flora in patients with inflammatory bowel disease. *J Clin Microbiol*. 2005.
- [97] Malinen E, et al. Analysis of the fecal microbiota of irritable bowel syndrome patients and healthy controls with real-time PCR. *Am J Gastroenterol*. 2005.
- [98] Kassinen A, et al. The fecal microbiota of irritable bowel syndrome patients differs significantly from that of healthy subjects. *Gastroenterology*. 2007.
- [99] Lyra A, et al. Diarrhea-predominant irritable bowel syndrome distinguishable by 16S rRNA gene phylotype quantification. *World J Gastroenterol*. 2009.
- [100] Rajić-Stojanović M, et al. Global and deep molecular analysis of microbiota signatures in fecal samples from patients with irritable bowel syndrome. *Gastroenterology*. 2011.
- [101] Jeffery IB, et al. An irritable bowel syndrome subtype defined by species-specific alterations in fecal microbiota. *Gut*. 2012.
- [102] Jalanka-Tuovinen J, et al. Faecal microbiota composition and host-microbe cross-talk following gastroenteritis and in post-infectious irritable bowel syndrome. *BMJ Gut*. 2014.
- [103] Rajić-Stojanović M, et al. Intestinal microbiota and diet in IBS: causes, consequences, or epiphenomena? *Am J Gastroenterol*. 2015.
- [104] Lopetuso LR, et al. Gut microbiota in health, diverticular disease, irritable bowel syndrome, and inflammatory bowel diseases: time for microbial markers of gastrointestinal disorders. *Dig Dis*. 2017.
- [105] Vich Vila A, et al. Gut microbiota composition and functional changes in inflammatory bowel disease and irritable bowel syndrome. *Sci Transl Med*. 2018.
- [106] Enck P, et al. Dysbiosis in functional bowel disorders. *Ann Nutr Metab*. 2018.
- [107] Rizzello F. Dietary geraniol ameliorates intestinal dysbiosis and relieves symptoms in irritable bowel syndrome patients: a pilot study. *BMC Complement Altern Med*. 2018.
- [108] Hod K, et al. The effect of a multispecies probiotic on microbiota composition in a clinical trial of patients with diarrhea-predominant irritable bowel syndrome. *Neurogastroenterol Motil*. 2018.
- [109] Fodor A, et al. Rifaximin is associated with modest, transient decreases in multiple taxa in the gut microbiota of patients with diarrhea-predominant irritable bowel syndrome. *Gut Microbes*. 2019.
- [110] Pittayanon R, et al. Gut microbiota in patients with irritable bowel syndrome—A systematic review. *Gastroenterology*. 2019.
- [111] Agnello M, et al. Gut microbiome composition and risk factors in a large cross-sectional IBS cohort. *BMJ Open Gastroenterol*. 2020.
- [112] Masoodi I, et al. Microbial dysbiosis in irritable bowel syndrome: a single-center metagenomic study in Saudi Arabia. *JGH Open*. 2020.
- [113] Yang M, et al. Mucosal-associated microbiota other than luminal microbiota has a close relationship with diarrhea-predominant irritable bowel syndrome. 2020.
- [114] Barandouzi Z, et al. Altered gut microbiota in irritable bowel syndrome and its association with food components. *J Pers Med*. 2021.
- [115] Baldelli V, et al. The role of Enterobacteriaceae in gut microbiota dysbiosis in inflammatory bowel diseases. *Microorganisms*. 2021.
- [116] Ghosh S, et al. Regulation of intestinal barrier function by microbial metabolites. *Cell Mol Gastroenterol Hepatol*. 2021.
- [117] Kinashi, et al. Partners in leaky gut syndrome: intestinal dysbiosis and autoimmunity. *Front Immunol*. 2021.
- [118] Scavilla P, et al. Gut microbiota profiles and characterization of cultivable fungal isolates in IBS patients. *Applied Microbiology and Biotechnology*. 2021.
- [119] Pimentel M, et al. ACG clinical guideline: Small intestinal bacterial overgrowth. *The American Journal of Gastroenterology*. 2020.
- [120] Ghosal U, et al. Small intestinal bacterial overgrowth in patients with inflammatory bowel disease: A case-control study. *Indian Journal of Gastroenterology*. 2021.
- [121] Banaszak M, et al. Association between gut dysbiosis and the occurrence of SIBO, LUBO, SIFO and IMO. *Microorganisms*. 2023.
- [122] Knez E, et al. The importance of food quality, gut motility and microbiome in SIBO development and treatment. *Nutrition*. 2024.
- [123] Lu S, et al. Differences in clinical manifestations and the fecal microbiome between irritable bowel syndrome and small intestinal bacterial overgrowth. *Digestive and Liver Disease*. 2024.
- [124] Hansen LBS, et al. A low-gluten diet induces changes in the intestinal microbiome of healthy Danish adults. *Nature*. 2018.
- [125] Cardoso-Silva D, et al. Intestinal barrier function in gluten-related disorders. *Nutrients*. 2019.
- [126] Volta U, et al. Nonceliac wheat sensitivity: An immune-mediated condition with systemic manifestations. *Gastroenterology Clinics of North America*. 2019.
- [127] Nobel YR, et al. Lack of effect of gluten challenge on fecal microbiome in patients with celiac disease and non-celiac gluten sensitivity. *Clinical and Translational Gastroenterology*. 2021.
- [128] Clapp M, Aurora N, Herrera L, Bhatia M, Wilen E, Wakefield S. Gut microbiota's effect on mental health: The gut-brain axis. *Clin Pract*. 2017 Sep 15;7(4):987.
- [129] Shoubridge AP, Choo JM, Martin AM, et al. The gut microbiome and mental health: advances in research and emerging priorities. *Mol Psychiatry* 27, 1908–1919 (2022).
- [130] Skonieczna-Żydecka K, Marlicz W, Misera A, Koulouzidis A, Łoniewski I. Microbiome—The Missing Link in the Gut-Brain Axis: Focus on Its Role in Gastrointestinal and Mental Health. *J. Clin. Med*. 2018, 7, 521.
- [131] Moloney R.D., Desbonnet L., Clarke G. et al. The microbiome: stress, health and disease. *Mamm Genome* 25, 49–74 (2014).
- [132] Loh, J.S., Mak, W.Q., Tan, L.K.S. et al. Microbiota–gut–brain axis and its therapeutic applications in neurodegenerative diseases. *Sig Transduct Target Ther* 9, 37 (2024).
- [133] Verma A, Inslicht SS, Bhargava A. Gut-Brain Axis: Role of Microbiome, Metabolomics, Hormones, and Stress in Mental Health Disorders. *Cells*. 2024 Aug 27;13(17):1436. doi: 10.3390/cells13171436. PMID: 39273008; PMCID: PMC11394554.
- [134] Chen CY, Wang YF, Lei L, Zhang Y. Impacts of microbiota and its metabolites through gut-brain axis on pathophysiology of major depressive disorder. *Life Sci*. 2024 Aug 15;351:122815. doi: 10.1016/j.lfs.2024.122815. Epub 2024 Jun 10. PMID: 38866215.
- [135] Monda V, Villano I, Messina A, Valenzano A, Esposito T, Moscatelli F, Viggiano A, Cibelli G, Chieffi S, Monda M, Messina G. Exercise Modifies the Gut Microbiota with Positive Health Effects. *Oxid Med Cell Longev*. 2017;2017:3831972.
- [136] Cataldi S, Bonaventura V, Poli L, Clemente FM, De Candia M, Carvutto R, Silva AF, Badicu G, Greco G, Fischetti F. The Relationship between Physical Activity, Physical Exercise, and Human Gut Microbiota in Healthy and Unhealthy Subjects: A Systematic Review. *Biology (Basel)*. 2022 Mar 21;11(3):479.
- [137] Clauss M, Gérard P, Mosca A and Leclerc M (2021) Interplay Between Exercise and Gut Microbiome in the Context of Human Health and Performance. *Front. Nutr.* 8:637010.
- [138] Dziejwiecka, H., Buttar, H.S., Kasperska, A. et al. Physical activity induced alterations of gut microbiota in humans: a systematic review. *BMC Sports Sci Med Rehabil* 14, 122 (2022).
- [139] Fontana F, Longhi G, Tarracchini C, et al. The human gut microbiome of athletes: metagenomic and metabolic insights. *Microbiome* 11, 27 (2023).
- [140] Yun S, Seo Y, Lee DT. Gut microbiome related to metabolic diseases after moderate-to-vigorous intensity exercise. *J Exerc Sci Fit*. 2024 Oct;22(4):375-382. doi: 10.1016/j.jesf.2024.07.003. Epub 2024 Jul 25. PMID: 39185003; PMCID: PMC11342187.
- [141] Ghaffar T, Ubaldi F, Volpini V, Valeriani F, Romano Spica V. The Role of Gut Microbiota in Different Types of Physical Activity and Their Intensity: Systematic Review and Meta-Analysis. *Sports (Basel)*. 2024 Aug 14;12(8):221. doi: 10.3390/sports12080221. PMID: 39195597; PMCID: PMC11360093.
- [142] Fontana F, Longhi G, Tarracchini C, Mancabelli L, Lugli GA, Alessandri G, Turroni F, Milani C, Ventura M. The human gut microbiome of athletes: metagenomic and metabolic insights. *Microbiome*. 2023 Feb 14;11(1):27. doi: 10.1186/s40168-023-01470-9. PMID: 36782241; PMCID: PMC9926762.
- [143] Diet-gut microbiome interaction and its impact on host blood glucose homeostasis: a series of nutritional n-of-1 trials Fu, Yuanqing et al. *eBioMedicine*, Volume 111, 105483.
- [144] Palmnäs-Bédard MSA, Costabile G, Vetrani C, Åberg S, Hjalmarsson Y, Dicksved J, Riccardi G, Landberg R. The human gut microbiota and glucose metabolism: a scoping review of key bacteria and the potential role of SCFAs. *Am J Clin Nutr*. 2022 Oct 6;116(4):862-874.
- [145] Glucose alters the symbiotic relationships between gut microbiota and host physiology. Fernando F. Anhe, Nicole G. Barra, and Jonathan D. Schertzer *American Journal of Physiology-Endocrinology and Metabolism* 2020;318:2,E111-E116.
- [146] Dulai, A.S.; Min, M.; Sivanani, R.K. The Gut Microbiome's Influence on Incretins and Impact on Blood Glucose Control. *Biomedicine* 2024, 12, 2719.
- [147] Kristina M. Utzschneider, Mario Kratz, Chris J. Damman, Meredith Hullarg, Mechanisms Linking the Gut Microbiome and Glucose Metabolism, *The Journal of Clinical Endocrinology & Metabolism*, Volume 101, Issue 4, 1 April 2016, Pages 1445–1454
- [148] Poll BG, Cheema MU, Pluznick JL. Gut Microbial Metabolites and Blood Pressure Regulation: Focus on SCFAs and TMAO. *Physiology (Bethesda)*. 2020 Jul 1;35(4):275-284.
- [149] O'Donnell JA, Zheng T, Meric G, Marques FZ. The gut microbiome and hypertension. *Nat Rev Nephrol*. 2023 Mar;19(3):153-167.
- [150] Yang, Z., Wang, Q., Liu, Y., Wang, L., Ge, Z., Li, Z., ... Wu, C. (2023). Gut microbiota and hypertension: association, mechanisms and treatment. *Clinical and Experimental Hypertension*, 45(1).
- [151] Al Khodor S, Reichert B and Shatit IF (2017) The Microbiome and Blood Pressure: Can Microbes Regulate Our Blood Pressure? *Front. Pediatr*. 5:138.
- [152] Dinakis E, Nakai M, Gill P, Ribeiro R, Yiallourou S, Sata Y, Muir J, Carrington M, Head GA, Kaye DM, Marques FZ. Association Between the Gut Microbiome and Their Metabolites With Human Blood Pressure Variability. *Hypertension*. 2022 Aug;79(8):1690-1701.
- [153] Ge, Y., Wang, J., Wu, L., & Wu, J. (2024). Gut microbiota: A potential new regulator of hypertension. *Frontiers in Cardiovascular Medicine*, 11. *Frontiers | Gut microbiota: a potential new regulator of hypertension*
- [154] Hsu, C.L., Schnabl, B. The gut–liver axis and gut microbiota in health and liver disease. *Nat Rev Microbiol* 21, 719–733 (2023).
- [155] Tilg H, Adolph TE, Trauner M. Gut-liver axis: Pathophysiological concepts and clinical implications. *Cell Metab*. 2022 Nov 1;34(11):1700-1718.
- [156] Tripathi A, Debelius J, Brenner D.A. et al. The gut–liver axis and the intersection with the microbiome. *Nat Rev Gastroenterol Hepatol* 15, 397–411 (2018).
- [157] Milosevic, I.; Vujovic, A.; Barac, A.; Djelic, M.; Korac, M.; Radovanovic Spunic, A.; Grmizic, I.; Stevanovic, O.; Djordjevic, V.; Lekic, N.; et al. Gut-Liver Axis, Gut Microbiota, and Its Modulation in the Management of Liver Diseases: A Review of the Literature. *Int. J. Mol. Sci*. 2019, 20, 395.
- [158] Fang L and Ning J (2024) Recent advances in gut microbiota and thyroid disease: pathogenesis and therapeutics in autoimmune, neoplastic, and nodular conditions. *Front. Cell. Infect. Microbiol*. 14:1465928.
- [159] Knezevic J, Starchi C, Trnava Berisha A, Amrein K. Thyroid-Gut-Axis: How Does the Microbiota Influence Thyroid Function? *Nutrients*. 2020 Jun 12;12(6):1769.
- [160] Xie L, Zhao H and Chen W (2023) Relationship between gut microbiota and thyroid function: a two-sample Mendelian randomization study. *Front. Endocrinol*. 14:1240752.
- [161] Sessa L, Malavolta E, Sodero G, Cipolla C, Rigante D. The conspiring role of gut microbiota as primer of autoimmune thyroid diseases: A scoping focus. *Autoimmun Rev*. 2025 Apr 30;24(5):103780.

- [162] Shi C, Chen J, He S, Zhang Y, Zhang Y and Yu L (2024) Cross-talk between the gut microbiota and hypothyroidism: a bidirectional two-sample Mendelian randomization study. *Front. Nutr.* 11:1286593. doi: 10.3389/fnut.2024.1286593
- [163] Wong, M., & Inder, W. J. (2018). Alternating hyperthyroidism and hypothyroidism in Graves' disease. *Clinical case reports*, 6(9), 1684–1688.
- [164] Mariat D, et al. The Firmicutes/Bacteroidetes ratio of the human microbiota changes with age. *BMC Microbiol.* 2009.
- [165] Magne F, et al. The Firmicutes/Bacteroidetes ratio: A relevant marker of gut dysbiosis in obese patients? *Nutrients*. 2020.
- [166] Stojanov S, et al. The influence of probiotics on the Firmicutes/Bacteroidetes ratio in the treatment of obesity and inflammatory bowel disease. *Microorganisms*. 2020.
- [167] Grigor'eva IN. Gallstone disease, obesity and the Firmicutes/Bacteroidetes ratio as a possible biomarker of gut dysbiosis. *J Pers Med.* 2021.
- [168] Holzapfel WH, et al. Taxonomy and important features of probiotic microorganisms in food and nutrition. *Am J Clin Nutr.* 2001.
- [169] Masco L, et al. Polyphasic taxonomic analysis of *Bifidobacterium animalis* and *Bifidobacterium lactis* reveals relatedness at the subspecies level: Reclassification of *Bifidobacterium animalis* subsp. *animalis* subsp. nov. and *Bifidobacterium lactis* as *Bifidobacterium animalis* subsp. *lactis* subsp. nov. *Int J Syst Evol Microbiol.* 2004.
- [170] Malinen E, et al. Association of symptoms with gastrointestinal microbiota in irritable bowel syndrome. *World J Gastroenterol.* 2010.
- [171] O'Callaghan A, et al. *Bifidobacteria* and their role as members of the human gut microbiota. *Front Microbiol.* 2016.
- [172] Rivière A, et al. *Bifidobacteria* and butyrate-producing colon bacteria: Importance and strategies for their stimulation in the human gut. *Front Microbiol.* 2016.
- [173] Marco ML, et al. Health benefits of fermented foods: Microbiota and beyond. *Curr Opin Biotechnol.* 2017.
- [174] Liu YW, et al. New perspectives of *Lactobacillus plantarum* as a probiotic: The gut-heart-brain axis. *J Microbiol.* 2018.
- [175] Heeney DD, et al. Intestinal *Lactobacillus* in health and disease: A driver or just along for the ride? *Curr Opin Biotechnol.* 2018.
- [176] Mayengbam S, et al. Impact of dietary fiber supplementation on modulating microbiota-host-metabolic axes in obesity. *J Nutr Biochem.* 2018.
- [177] Westerk N, et al. *Lactobacillus rhamnosus* probiotic food as a tool for empowerment across the value chain in Africa. *Front Microbiol.* 2018.
- [178] Capurso L, et al. Thirty years of *Lactobacillus rhamnosus* GG: A review. *J Clin Gastroenterol.* 2019.
- [179] Turróni F, et al. *Bifidobacterium bifidum*: A key member of the early human gut microbiota. *Microorganisms*. 2019.
- [180] Zhang T, et al. *Akkermansia muciniphila* is a promising probiotic. *Microb Biotechnol.* 2019.
- [181] Markowiak-Kopeć L, et al. The effect of probiotics on the production of short-chain fatty acids by the human intestinal microbiome. *Nutrients*. 2020.
- [182] Naumova N, et al. Human gut microbiome response to short-term *Bifidobacterium*-based probiotic treatment. *Indian J Microbiol.* 2020.
- [183] Teame T, et al. Paraprobiotics and postbiotics of probiotic *Lactobacilli*, their positive effects on the host and action mechanisms: A review. *Front Nutr.* 2020.
- [184] Wang H, et al. The potential therapeutic role of *Lactobacillus reuteri* for treatment of inflammatory bowel disease. *Am J Transl Res.* 2020.
- [185] Bengoa AA, et al. Health-promoting properties of *Lactocaseibacillus paracasei*: A focus on kefir isolates and exopolysaccharide-producing strains. *Foods*. 2021.
- [186] Chen J, et al. Recent development of probiotic *Bifidobacteria* for treating human diseases. *Front Bioeng Biotechnol.* 2021.
- [187] Paul AK, et al. Probiotics and amelioration of rheumatoid arthritis: Significant roles of *Lactobacillus casei* and *Lactobacillus acidophilus*. *Microorganisms*. 2021.
- [188] Dempsey E, et al. *Lactobacillus spp.* for gastrointestinal health: Current and future perspectives. *Front Immunol.* 2022.
- [189] Gao H, et al. The functional roles of *Lactobacillus acidophilus* in different physiological and pathological processes. *J Microbiol Biotechnol.* 2022.
- [190] Luo Y, et al. Rational consideration of *Akkermansia muciniphila* targeting intestinal health: Advantages and challenges. *npj Biofilms Microbiomes*. 2022.
- [191] Echegaray N, et al. A novel approach to *Lactiplantibacillus plantarum*: From probiotic properties to the omics insights. *Microbiol Res.* 2023.
- [192] Guo H, et al. The potential therapeutic role of *Lactobacillaceae rhamnosus* for treatment of inflammatory bowel disease. *Foods*. 2023.
- [193] Yu Z, et al. The role of potential probiotic strains *Lactobacillus reuteri* in various intestinal diseases: New roles for an old player. *Front Microbiol.* 2023.
- [194] Huang JY, Lee SM, Mazmanian SK. The human commensal *Bacteroides fragilis* binds intestinal mucin. *Anaerobe*. 2011.
- [195] McDermott AJ, Huffnagle GB. The microbiome and regulation of mucosal immunity. *Immunology*. 2014.
- [196] Cornick S, Tawiah A, Chadee K. Roles and regulation of the mucus barrier in the gut. *Tissue Barriers*. 2015.
- [197] King SJ, McCole DF. Epithelial-microbial diplomacy: escalating border tensions drive inflammation in inflammatory bowel disease. *Intest Res.* 2019.
- [198] Qi H, et al. *Lactobacillus* maintains healthy gut mucosa by producing L-Ornithine. *Commun Biol.* 2019.
- [199] Paone F, Cani PD. Mucus barrier, mucins and gut microbiota: the expected slimy partners? *Gut*. 2020.
- [200] Fang J, et al. Slimy partners: the mucus barrier and gut microbiome in ulcerative colitis. *Exp Mol Med.* 2021.
- [201] Glover JS, et al. Characterizing the mucin-degrading capacity of the human gut microbiota. *Sci Rep.* 2022.
- [202] Lee JH, et al. A mucin-responsive hybrid two-component system controls *Bacteroides thetaiotaomicron* colonization and gut homeostasis. *J Microbiol.* 2022.
- [203] Liu MJ, et al. Recent findings in *Akkermansia muciniphila*-regulated metabolism and its role in intestinal diseases. *Clin Nutr.* 2022.
- [204] Rodrigues VF, et al. *Akkermansia muciniphila* and gut immune system: A good friendship that attenuates inflammatory bowel disease, obesity, and diabetes. *Front Immunol.* 2022.
- [205] Qin D, et al. Contribution of *Lactobacilli* on intestinal mucosal barrier and diseases: Perspectives and challenges of *Lactobacillus casei*. *Life (Basel)*. 2022.
- [206] Gutierrez A, et al. *Bifidobacterium* and the intestinal mucus layer. *Microbiome Res Rep.* 2023.
- [207] He Q, et al. Protective effects of a new generation of probiotic *Bacteroides fragilis* against colitis in vivo and in vitro. *Sci Rep.* 2023.
- [208] Luis AS, Hansson GC. Intestinal mucus and their glycans: A habitat for thriving microbiota. *Cell Host Microbe*. 2023.
- [209] Pellegrino A, et al. Role of *Akkermansia* in human diseases: From causation to therapeutic properties. *Nutrients*. 2023.
- [210] Barcenilla A, et al. Phylogenetic relationships of butyrate-producing bacteria from the human gut. *Appl Environ Microbiol.* 2000.
- [211] Duncan SH, et al. Growth requirements and fermentation products of *Fusobacterium prausnitzii*, and a proposal to reclassify it as *Faecalibacterium prausnitzii* gen. nov., comb. nov. *Int J Syst Evol Microbiol.* 2002.
- [212] Schwietz A, et al. *Anaerostipes caccae* gen. nov., sp. nov., a new saccharolytic, acetate-utilising, butyrate-producing bacterium from human faeces. *Syst Appl Microbiol.* 2002.
- [213] Hold GL, et al. Oligonucleotide probes that detect quantitatively significant groups of butyrate-producing bacteria in human feces. *Appl Environ Microbiol.* 2003.
- [214] Duncan SH, et al. Contribution of acetate to butyrate formation by human faecal bacteria. *Br J Nutr.* 2004.
- [215] Duncan SH, et al. Lactate-utilizing bacteria, isolated from human feces, that produce butyrate as a major fermentation product. *Appl Environ Microbiol.* 2004.
- [216] Duncan SH, et al. Proposal of *Roseburia faecis* sp. nov., *Roseburia hominis* sp. nov. and *Roseburia inulinivorans* sp. nov., based on isolates from human faeces. *Int J Syst Evol Microbiol.* 2006.
- [217] Louis P, et al. Diversity, metabolism and microbial ecology of butyrate-producing bacteria from the human large intestine. *FEMS Microbiol Lett.* 2009.
- [218] Miquel S, et al. Ecology and metabolism of the beneficial intestinal commensal bacterium *Faecalibacterium prausnitzii*. *Gut Microbes*. 2014.
- [219] Miquel S, et al. Identification of metabolic signatures linked to anti-inflammatory effects of *Faecalibacterium prausnitzii*. *MBio*. 2015.
- [220] Engels C, et al. The common gut microbe *Eubacterium hallii* also contributes to intestinal propionate formation. *Front Microbiol.* 2016.
- [221] Rivière A, et al. *Bifidobacteria* and butyrate-producing colon bacteria: importance and strategies for their stimulation in the human gut. *Front Microbiol.* 2016.
- [222] Lopez-Siles M, et al. *Faecalibacterium prausnitzii*: from microbiology to diagnostics and prognostics. *ISME J.* 2017.
- [223] Tamanai-Shaocori Z, et al. *Roseburia* spp.: A marker of health? *Future Microbiol.* 2017.
- [224] Bui TPN, et al. Mutual metabolic interactions in co-cultures of the intestinal *Anaerostipes rhamnosivorans* with an acetogen, methanogen, or pectin-degrader affecting butyrate production. *Front Microbiol.* 2019.
- [225] Chia LW, et al. *Bacteroides thetaiotaomicron* fosters the growth of butyrate-producing *Anaerostipes caccae* in the presence of lactose and total human milk carbohydrates. *Microorganisms*. 2020.
- [226] Van Hul M, et al. From correlation to causality: the case of Subdoligranulum. *Gut Microbes*. 2020.
- [227] Nie K, et al. *Roseburia intestinalis*: A beneficial gut organism from the discoveries in genus and species. *Front Cell Infect Microbiol.* 2021.
- [228] Singh V, et al. Butyrate producers, "The Sentinel of Gut": Their intestinal significance with and beyond butyrate, and prospective use as microbial therapeutics. *Front Microbiol.* 2023.
- [229] Notting F, et al. The butyrate-producing and spore-forming bacterial genus *Coproccoccus* as a potential biomarker for neurological disorders. *Gut Microbiome*. 2023.
- [230] Kadowaki R, et al. Spore-forming properties and enhanced oxygen tolerance of butyrate-producing *Anaerostipes* spp. *Anaerobe*. 2023.
- [231] Siproth J, et al. Variation of butyrate production in the gut microbiome in type 2 diabetes patients. *Int Microbiol.* 2023.
- [232] Gibson G, et al. Sulphate-reducing bacteria and hydrogen metabolism in the human large intestine. *Gut*. 1993.
- [233] Loubinoux J, et al. Sulfate-reducing bacteria in human feces and their association with inflammatory bowel diseases. *FEMS Microbiol Ecol.* 2002.
- [234] Jia W, et al. Diversity and distribution of sulphate-reducing bacteria in human faeces from healthy subjects and patients with inflammatory bowel disease. *FEMS Immunol Med Microbiol.* 2012.
- [235] Rey FE, et al. Metabolic niche of a prominent sulfate-reducing human gut bacterium. *Proc Natl Acad Sci U S A.* 2013.
- [236] David LA, et al. Diet rapidly and reproducibly alters the human gut microbiome. *Nature*. 2014.
- [237] Feng Y, et al. Enrichment of sulfidogenic bacteria from the human intestinal tract. *FEMS Microbiol Lett.* 2017.
- [238] Chen YR, et al. Isolation of *Desulfovibrio* spp. from human gut microbiota using a next-generation sequencing directed culture method. *Lett Appl Microbiol.* 2019.
- [239] Dostal Webster A, et al. Influence of short-term changes in dietary sulfur on the relative abundances of intestinal sulfate-reducing bacteria. *Gut Microbes*. 2019.
- [240] Kushkevych I, et al. The sulfate-reducing microbial communities and meta-analysis of their occurrence during diseases of small-large intestine axis. *J Clin Med.* 2019.
- [241] Dordévič D, et al. Hydrogen sulfide toxicity in the gut environment: Meta-analysis of sulfate-reducing and lactic acid bacteria in inflammatory processes. *J Adv Res.* 2020.
- [242] Kushkevych I, et al. Recent advances in metabolic pathways of sulfate reduction in intestinal bacteria. *Cells*. 2020.
- [243] Burrichter AG, et al. Bacterial microcompartments for isethionate desulfonation in the taurine-degrading human-gut bacterium *Bilophila wadsworthia*. *BMC Microbiol.* 2021.
- [244] Chen YR, et al. *Desulfovibrio* is not always associated with adverse health effects in the Guangdong Gut Microbiome Project. *PeerJ.* 2021.
- [245] Lu G, et al. Diversity and comparison of intestinal *Desulfovibrio* in patients with liver cirrhosis and healthy people. *Microorganisms*. 2023.
- [246] Singh SB, et al. *Desulfovibrio* in the gut: The enemy within? *Microorganisms* 2023.
- [247] Xie R, et al. *Desulfovibrio vulgaris* interacts with novel gut epithelial immune receptor LRRIC19 and exacerbates colitis. *Microbiome*. 2024.
- [248] Brown C, et al. The monoamine oxidase inhibitor—tyramine interaction. *The Journal of Clinical Pharmacology*. 1989.
- [249] Cummings JH, Macfarlane GT. Dietary fiber and the human gut microbiota. *Nutrients*. 1997.
- [250] Reiter RJ, Tan D. Melatonin: an antioxidant in edible plants. *Annals of the New York Academy of Sciences*. 2002.
- [251] Cherbut C, et al. *Acacia* gum is a bifidogenic dietary fibre with high digestive tolerance in healthy humans. *Microbial Ecology in Health and Disease*. 2003.

- [252] Iriti M, Faoro F. Grape phytochemicals: A bouquet of old and new nutraceuticals for human health. *Medical Hypotheses*. 2006.
- [253] Kinoshita T, et al. Cold-water face immersion per se elicits cardiac parasympathetic activity. *Circulation Journal*. 2006.
- [254] Reiter M, et al. Melatonin in edible plants (phytomelatonin): identification, concentrations, bioavailability and proposed functions. *World Review of Nutrition and Dietetics*. 2006.
- [255] Osman N, et al. Probiotics and blueberry attenuate the severity of dextran sulfate sodium (DSS)-induced colitis. *Digestive Diseases and Sciences*. 2008.
- [256] Holma R, et al. Constipation is relieved more by rye bread than wheat bread or laxatives without increased adverse gastrointestinal effects. *The Journal of Nutrition*. 2010.
- [257] Pérez-Jiménez J, et al. Identification of the 100 richest dietary sources of polyphenols: an application of the Phenol-Explorer database. *European Journal of Clinical Nutrition*. 2010.
- [258] Block SG, et al. Exacerbation of facial acne vulgaris after consuming pure chocolate. *Journal of the American Academy of Dermatology*. 2011.
- [259] Farinatti PT, et al. Acute effects of stretching exercise on the heart rate variability in subjects with low flexibility levels. *Journal of Strength and Conditioning Research*. 2011.
- [260] Russell WR, et al. High-protein, reduced-carbohydrate weight-loss diets promote metabolite profiles likely to be detrimental to colonic health. *The American Journal of Clinical Nutrition*. 2011.
- [261] Clemente JC, et al. The impact of the gut microbiota on human health: an integrative view. *Frontiers in Microbiology*. 2012.
- [262] Di Landro A, et al. Family history, body mass index, selected dietary factors, menstrual history, and risk of moderate to severe acne in adolescents and young adults. *Journal of the American Academy of Dermatology*. 2012.
- [263] Kim KA, et al. High-fat diet-induced gut microbiota exacerbates inflammation and obesity in mice via the TLR4 signaling pathway. *PLoS ONE*. 2012.
- [264] Queipo-Ortuño MI, et al. Influence of red wine polyphenols and ethanol on the gut microbiota ecology and biochemical biomarkers. *The American Journal of Clinical Nutrition*. 2012.
- [265] Biedermann L, et al. Bilberry ingestion improves disease activity in mild to moderate ulcerative colitis—an open pilot study. *Journal of Crohn's and Colitis*. 2013.
- [266] Delgado J, et al. Diets enriched with a Jerte Valley cherry-based nutraceutical product reinforce nocturnal behaviour in young and old animals of nocturnal (*Rattus norvegicus*) and diurnal (*Streptopelia risoria*) chronotypes. *Journal of Animal Physiology and Animal Nutrition*. 2013.
- [267] Dreher ML, Davenport AJ. Horticultural foods and health: the role of phytochemicals in nutrition and health promotion. *Journal of Horticultural Science & Biotechnology*. 2013.
- [268] Fritz JV, et al. The role of gut microbiota in metabolic syndrome: insights from genetic studies. *Nature Reviews Gastroenterology & Hepatology*. 2013.
- [269] Jelinek GA, et al. Association of fish consumption and omega-3 supplementation with quality of life, disability, and disease activity in an international cohort of people with multiple sclerosis. *International Journal of Neuroscience*. 2013.
- [270] Sae-Teaw M, et al. Serum melatonin levels and antioxidant capacities after consumption of pineapple, orange, or banana by healthy male volunteers. *Journal of Pineal Research*. 2013.
- [271] Spaeth AM, et al. Effects of experimental sleep restriction on weight gain, caloric intake, and meal timing in healthy adults. *Sleep*. 2013.
- [272] Festi D, et al. Gut microbiota and metabolic syndrome. *World Journal of Gastroenterology*. 2014.
- [273] Hansen AL, et al. Fish consumption, sleep, daily functioning, and heart rate variability. *Journal of Clinical Sleep Medicine*. 2014.
- [274] Jang SE, et al. Doenjang, a fermented Korean soybean paste, inhibits lipopolysaccharide production of gut microbiota in mice. *Journal of Medicinal Food*. 2014.
- [275] Katagiri R, et al. Low intake of vegetables, high intake of confectionary, and unhealthy eating habits are associated with poor sleep quality among middle-aged female Japanese workers. *Journal of Occupational Health*. 2014.
- [276] Panda S, et al. Structure and functions of the gut microbiome. *Endocrine, Metabolic & Immune Disorders-Drug Targets*. 2014.
- [277] Schoenaker DA, et al. The association between dietary factors and gestational hypertension and pre-eclampsia: a systematic review and meta-analysis of observational studies. *BMC Medicine*. 2014.
- [278] Chambers ES, et al. Effects of targeted delivery of propionate to the human colon on appetite regulation, body weight maintenance and adiposity in overweight adults. *Gut*. 2015.
- [279] Guilloty NI, et al. Diet, pre-pregnancy BMI, and gestational weight gain in Puerto Rican women. *Maternal and Child Health Journal*. 2015.
- [280] Kavuri V, et al. Irritable bowel syndrome: Yoga as remedial therapy. *Evidence-Based Complementary and Alternative Medicine*. 2015.
- [281] Merx A, et al. Weight gain in healthy pregnant women in relation to pre-pregnancy BMI, diet and physical activity. *Midwifery*. 2015.
- [282] Pagliaro B, et al. Phytochemical compounds and protection from cardiovascular diseases: a state of the art. *BioMed Research International*. 2015.
- [283] Schmidt K, et al. Prebiotic intake reduces the waking cortisol response and alters emotional bias in healthy volunteers. *Psychopharmacology*. 2015.
- [284] Singh CK, et al. Resveratrol and cancer: challenges for clinical translation. *Biochimica et Biophysica Acta (BBA) - Molecular Basis of Disease*. 2015.
- [285] Shin D, et al. Dietary patterns during pregnancy are associated with risk of gestational diabetes mellitus. *Nutrients*. 2015.
- [286] Zulueta A, et al. Resveratrol: A potential challenger against gastric cancer. *World Journal of Gastroenterology*. 2015.
- [287] Braune A, et al. Bacterial species involved in the conversion of dietary flavonoids in the human gut. *Gut Microbes*. 2016.
- [288] Chausse B, et al. Microbiota modulation by dietary fibers: what is known and what needs to be elucidated? *Nutrients*. 2016.
- [289] Delost GR, et al. The impact of chocolate consumption on acne vulgaris in college students: A randomized crossover study. *Journal of the American Academy of Dermatology*. 2016.
- [290] Di Landro A, et al. Adult female acne and associated risk factors: Results of a multicenter case-control study in Italy. *Journal of the American Academy of Dermatology*. 2016.
- [291] Grossi E, et al. The constellation of dietary factors in adolescent acne: A semantic connectivity map approach. *Journal of the European Academy of Dermatology and Venereology*. 2016.
- [292] Konstantinidou, et al. Cardiorespiratory responses and reduced apneic time to cold-water face immersion after high intensity exercise. *Respiratory Physiology & Neurobiology*. 2016.
- [293] Kuršvietienė L, et al. Multiplicity of effects and health benefits of resveratrol. *Medicina*. 2016.
- [294] Roth S, et al. Bilberry-derived anthocyanins modulate cytokine expression in the intestine of patients with ulcerative colitis. *PLOS ONE*. 2016.
- [295] Turan N and Atabek Aş T. The effect of abdominal massage on constipation and quality of life. *Gastroenterology Nursing*. 2016.
- [296] Vongraviopap S and Asawanonda P. Dark chocolate exacerbates acne. *International Journal of Dermatology*. 2016.
- [297] 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*. 2016.
- [298] Chekroud AM, et al. Relationship between dietary quality and gut microbiota in humans. *Nutrients*. 2017.
- [299] Fuller C, et al. Bedtime use of technology and associated sleep problems in children. *Global Pediatric Health*. 2017.
- [300] Gomes da Silva MF, et al. Yacon syrup: food applications and impact on satiety in healthy volunteers. *Food Research International*. 2017.
- [301] Garcia-Mazcorro JF, et al. Gut microbiome modulation by fermented foods. *Frontiers in Microbiology*. 2017.
- [302] Gibson GR, et al. Dietary prebiotics: definition and application. *Nature Reviews Gastroenterology & Hepatology*. 2017.
- [303] Hewlings S, Kalman D. Curcumin: A review of its effects on human health. *Foods*. 2017.
- [304] Johnson EL, et al. Microbiome and metabolic disease: revisiting the bacterial phylum Bacteroidetes. *Journal of Molecular Medicine*. 2017.
- [305] Maier TV, et al. Impact of dietary resistant starch on the human gut microbiome, metaproteome, and metabolome. *mBio*. 2017.
- [306] Reynolds AC, et al. The shift work and health research agenda: considering changes in gut microbiota as a pathway linking shift work, sleep loss and circadian misalignment, and metabolic disease. *Sleep Medicine Reviews*. 2017.
- [307] Vandeputte D, et al. Prebiotic inulin-type fructans induce specific changes in the human gut microbiota. *Gut*. 2017.
- [308] Yuen AWC and Sander JW. Can natural ways to stimulate the vagus nerve improve seizure control? *Epilepsy & Behavior*. 2017.
- [309] Adike A, et al. Small intestinal bacterial overgrowth. *Gastroenterology Clinics of North America*. 2018.
- [310] Alfa MJ, et al. A randomized trial to determine the impact of a digestion resistant starch composition on the gut microbiome in older and mid-age adults. *Clinical Nutrition*. 2018.
- [311] Durack J, et al. Involvement of the gut microbiome in diabetes and obesity. *International Journal of Molecular Sciences*. 2018.
- [312] Gao Q, et al. The association between vitamin D deficiency and sleep disorders: A systematic review and meta-analysis. *Nutrients*. 2018.
- [313] Ghosh S, Maji S. Dietary approaches to improve gut health. *Journal of Nutritional Science*. 2018.
- [314] González-Sarrias A, et al. The endotoxemia marker lipopolysaccharide-binding protein is reduced in overweight-obese subjects consuming pomegranate extract by modulating the gut microbiota: A randomized clinical trial. *Molecular Nutrition & Food Research*. 2018.
- [315] Hershter S, et al. The impact of a randomized sleep education intervention for college students. *Journal of Clinical Sleep Medicine*. 2018.
- [316] Kopf JC, et al. Role of whole grains versus fruits and vegetables in reducing subclinical inflammation and promoting gastrointestinal health in individuals affected by overweight and obesity: a randomized controlled trial. *Nutrition Journal*. 2018.
- [317] Korpela K, et al. Diet, microbiota, and metabolic health: trade-off between saccharolytic and proteolytic fermentation. *Annual Review of Food Science and Technology*. 2018.
- [318] Krebs-Smith SM, et al. Update of the Healthy Eating Index: HEI-2015. *Journal of the Academy of Nutrition and Dietetics*. 2018.
- [319] Niederreiter L, et al. Food, microbiome and colorectal cancer. *Digestive and Liver Disease*. 2018.
- [320] Schink M, et al. Microbial patterns in patients with histamine intolerance. *Journal of Physiology and Pharmacology*. 2018.
- [321] Venancio VP, et al. Polyphenol-rich mango (*Mangifera indica* L.) ameliorates functional constipation symptoms in humans beyond equivalent amount of fiber. *Molecular Nutrition & Food Research*. 2018.
- [322] Vital M, et al. Metagenomic insights into the degradation of resistant starch by human gut microbiota. *Applied and Environmental Microbiology*. 2018.
- [323] Aalemi AK, et al. Dairy consumption and acne: a case control study in Kabul, Afghanistan. *Clinical, Cosmetic and Investigational Dermatology*. 2019.
- [324] Chaix A, et al. Time-restricted eating to prevent and manage chronic metabolic diseases. *Annual Review of Nutrition*. 2019.
- [325] Chung WH, et al. Dietary factors influencing the gut microbiome in children: a systematic review. *Nutrients*. 2019.
- [326] Clos-Garcia M, et al. Gut microbiome and serum metabolome analyses identify molecular biomarkers and altered glutamate metabolism in fibromyalgia. *eBioMedicine*. 2019.
- [327] Covasa M, et al. Intestinal sensing by gut microbiota: Targeting gut peptides. *Frontiers in Endocrinology*. 2019.
- [328] Dalton A, et al. Exercise influence on the microbiome–gut–brain axis. *Gut Microbes*. 2019.
- [329] Danneskiold-Samsøe NB, et al. Interplay between food and gut microbiota in health and disease. *Food Research International*. 2019.
- [330] Erdogan M, et al. The impact of dietary fat on gut microbiome: a systematic review. *Journal of Nutrition and Metabolism*. 2019.
- [331] Hermann J. Drug-nutrient interactions. 2019.
- [332] Hills R, et al. Gut microbiome: Profound implications for diet and disease. *Nutrients*. 2019.
- [333] Hjorth MF, et al. Prevotella-to-Bacteroides ratio predicts body weight and fat loss success on 24-week diets varying in macronutrient composition and dietary fiber: results from a post-hoc analysis. *International Journal of Obesity*. 2019.
- [334] Hrnčirova L, et al. Human gut microbes are susceptible to antimicrobial food additives in vitro. *Folia Microbiologica*. 2019.
- [335] Kaczmarek JL, et al. Broccoli consumption affects the human gastrointestinal microbiota. *The Journal of Nutritional Biochemistry*. 2019.

- [336] Kanauchi M, et al. A novel dietary inflammatory index reflecting inflammatory ageing: Technical note. *Annals of Medicine and Surgery*. 2019.
- [337] Kärlund A, et al. Protein supplements and their relation with nutrition, microbiota composition, and health: is more protein always better for sportspeople? *Nutrients*. 2019.
- [338] Partula V, et al. Associations between usual diet and gut microbiota composition: results from the Milieu Intérieur cross-sectional study. *The American Journal of Clinical Nutrition*. 2019.
- [339] Rao TP, et al. Role of guar fiber in improving digestive health and function. *Nutrition*. 2019.
- [340] Saeji AA, et al. Effects of yogic breath regulation: A narrative review of scientific evidence. *Journal of Ayurveda and Integrative Medicine*. 2019.
- [341] Zhao J, et al. Dietary protein and gut microbiota composition and function. *Current Protein & Peptide Science*. 2019.
- [342] Ahnen RT, et al. Carbohydrates. *Present Knowledge in Nutrition*. 2020.
- [343] Atzeni A, et al. Exercise, diet and stress as modulators of gut microbiota: implications for neurodegenerative diseases. *Neurobiology of Disease*. 2020.
- [344] Ahnen RT, et al. Carbohydrates. In: *Present Knowledge in Nutrition*. Elsevier. 2020.
- [345] Bonci L, et al. Diet strategies for managing chronic diarrhea. *International Foundation for Gastrointestinal Disorders*. 2020.
- [346] Cândido TLN, et al. Effects of dietary fat quality on metabolic endotoxaemia: a systematic review. *British Journal of Nutrition*. 2020.
- [347] Chou SW, et al. Dietary fibers in the treatment of constipation: a review of randomized controlled trials. *Nutrients*. 2020.
- [348] Chung WSF, et al. Relative abundance of the *Prevotella* genus within the human gut microbiota of elderly volunteers determines the inter-individual responses to dietary supplementation with wheat bran arabinoxylan-oligosaccharides. *BMC Microbiology*. 2020.
- [349] Coombes JR, et al. Influence of dietary fat on gut microbiome composition and microbial metabolites. *Current Opinion in Clinical Nutrition and Metabolic Care*. 2020.
- [350] Davis CD, et al. Prebiotic dietary fiber modulates gut microbiota and metabolite profiles in prediabetic individuals. *Nutrients*. 2020.
- [351] Dionisio AP, et al. Effect of yacon syrup on blood lipid, glucose and metabolic endotoxaemia in healthy subjects: a randomized, double-blind, placebo-controlled pilot trial. *Food Science and Technology*. 2020.
- [352] Gubert C, et al. Exercise, diet and stress as modulators of gut microbiota: implications for neurodegenerative diseases. *Neurobiology of Disease*. 2020.
- [353] Gurwara S, et al. Alcohol use alters the colonic mucosa-associated gut microbiota in humans. *Nutrition Research*. 2020.
- [354] Hedström AK, et al. Low fish consumption is associated with a small increased risk of MS. *Neurology Neuroimmunology & Neuroinflammation*. 2020.
- [355] Hjørth MF, et al. Pretreatment *Prevotella*-to-*Bacteroides* ratio and salivary amylase gene copy number as prognostic markers for dietary weight loss. *The American Journal of Clinical Nutrition*. 2020.
- [356] Janczy A, et al. Impact of diet and synbiotics on selected gut bacteria and intestinal permeability in individuals with excess body weight – a prospective, randomized study. *Acta Biochimica Polonica*. 2020.
- [357] Labenz J, et al. Gastroösophageale Refluxkrankheit – update 2021. *Der Internist*. 2020.
- [358] Lee SH, et al. Emotional well-being and gut microbiome profiles by enterotype. *Scientific Reports*. 2020.
- [359] Machate DJ, et al. Fatty acid diets: Regulation of gut microbiota composition and obesity and its related metabolic dysbiosis. *International Journal of Molecular Sciences*. 2020.
- [360] Siminiuc R, Turcanu D. Certain aspects of nutritional security of people with gluten-related disorders. *Food and Nutrition Sciences*. 2020.
- [361] Thomsen BJ, et al. The potential uses of omega-3 fatty acids in dermatology: a review. *Journal of Cutaneous Medicine and Surgery*. 2020.
- [362] Yee BE, et al. Serum zinc levels and efficacy of zinc treatment in acne vulgaris: a systematic review and meta-analysis. *Dermatologic Therapy*. 2020.
- [363] Zou H, et al. Effect of caloric restriction on BMI, gut microbiota, and blood amino acid levels in non-obese adults. *Nutrients*. 2020.
- [364] Die besten Hausmittel von A bis Z. Alternative Heilmittel aus der Hausapotheke der Natur, inklusive der Heilmethoden der Homöopathie, Akupunktur und des Tai Chi, Bassermann Verlag. 2020.
- [365] Beam A, et al. Effect of diet and dietary components on the composition of the gut microbiota. *Nutrients*. 2021.
- [366] Borsani B, et al. The role of carrageenan in inflammatory bowel diseases and allergic reactions: Where do we stand? *Nutrients*. 2021.
- [367] Clauss M, et al. Interplay between exercise and gut microbiome in the context of human health and performance. *Frontiers in Nutrition*. 2021.
- [368] Decker B, et al. Dietary fibers as prebiotics: mechanisms of action and health benefits. *Nutrients*. 2021.
- [369] Deshpande S, et al. Effect of dietary interventions on gut microbiota and their implications for health. *Molecules*. 2021.
- [370] Duffy M, et al. Gut microbiome, diet, and chronic disease. *Frontiers in Nutrition*. 2021.
- [371] Fachgesellschaft für Ernährungstherapie und Prävention (FET) eV. 2021.
- [372] Fu T, et al. Fermentation of alginate and its derivatives by different enterotypes of human gut microbiota: Towards personalized nutrition using enterotype-specific dietary fibers. *International Journal of Biological Macromolecules*. 2021.
- [373] Hahne D, et al. Dietary fiber and gut health. *Current Gastroenterology Reports*. 2021.
- [374] Hrubisko M, et al. Histamine intolerance—the more we know the less we know: A review. *Nutrients*. 2021.
- [375] Hosseini-Asl MK, et al. The effect of a short-term physical activity after meals on gastrointestinal symptoms in individuals with functional abdominal bloating: a randomized clinical trial. *Gastroenterology and Hepatology from Bed to Bench*. 2021.
- [376] Kolanos R, et al. German chamomile, Nutraceuticals. 2021.
- [377] Larson R, et al. Acacia gum is well tolerated while increasing satiety and lowering peak blood glucose response in healthy human subjects. *Nutrients*. 2021.
- [378] McQuilken SA, et al. Gut motility and its control. *Anaesthesia & Intensive Care Medicine*. 2021.
- [379] O'Brien L, et al. What are the pearls and pitfalls of the dietary management for chronic diarrhoea? *Nutrients*. 2021.
- [380] Pham VT, et al. Vitamins, the gut microbiome and gastrointestinal health in humans. *Nutrition Research*. 2021.
- [381] Podgórska A, et al. Acne vulgaris and intake of selected dietary nutrients—a summary of information. *Healthcare*. 2021.
- [382] Prasodanan PK, et al. Western and non-western gut microbiomes reveal new roles of *Prevotella* in carbohydrate metabolism and mouth–gut axis, npj Biofilms and Microbiomes. 2021.
- [383] Schnedl WJ, et al. Histamine intolerance originates in the gut. *Nutrients*. 2021.
- [384] Seo K, et al. The role of mucosal barriers in human gut health. *Archives of Pharmacological Research*. 2021.
- [385] Shi A, et al. Artificial sweeteners negatively regulate pathogenic characteristics of two model gut bacteria, *E. coli* and *E. faecalis*. *International Journal of Molecular Sciences*. 2021.
- [386] Srisukhaverat V, et al. Nutrition communication about low FODMAP diet in irritable bowel syndrome (IBS) and small intestinal bacterial overgrowth (SIBO) in Thai healthcare practitioners. *Bioactive Compounds in Health and Disease*. 2021.
- [387] Sullivan VK, et al. Consumption of dried fruits is associated with greater intakes of underconsumed nutrients, higher total energy intakes, and better diet quality in US adults: a cross-sectional analysis of the National Health and Nutrition Examination Survey, 2007–2016. *Journal of the Academy of Nutrition and Dietetics*. 2021.
- [388] Wong A and Figueroa A. Effects of acute stretching exercise and training on heart rate variability: A review. *Journal of Strength and Conditioning Research*. 2021.
- [389] Watanabe-Asaka T, et al. From digestion and absorption to innate immunity and health care: Water and food intake may contribute to IL-22 in ILC3-dependent mucosal immunity in the jejunum. *The Journal of Physiological Sciences*. 2021.
- [390] Atzeni A, et al. Association between ultra-processed food consumption and gut microbiota in senior subjects with overweight/obesity and metabolic syndrome. *Frontiers in Nutrition*. 2022.
- [391] Bartlett A, et al. Dietary protein and the intestinal microbiota: an understudied relationship. *iScience*. 2022.
- [392] Cataldi S, et al. The relationship between physical activity, physical exercise, and human gut microbiota in healthy and unhealthy subjects: A systematic review. *Biology*. 2022.
- [393] Chassaing B, et al. Randomized controlled-feeding study of dietary emulsifier carboxymethylcellulose reveals detrimental impacts on the gut microbiota and metabolome. *Gastroenterology*. 2022.
- [394] Choi Y, et al. A guide to dietary pattern–microbiome data integration. *The Journal of Nutrition*. 2022.
- [395] Conforti C, et al. Acne and diet: a review. *International Journal of Dermatology*. 2022.
- [396] Davis KF, et al. Prebiotics: what they are, health benefits and food sources. *Molecules*. 2022.
- [397] Galle A, et al. Dietary interventions for the management of patients with inflammatory bowel diseases: a systematic review. *Nutrients*. 2022.
- [398] Gaundal L, et al. Gut microbiota is associated with dietary intake and metabolic markers in healthy individuals. *Food & Nutrition Research*. 2022.
- [399] González M, et al. Effects of probiotic and prebiotic interventions on gut microbiota and immune response: a systematic review. *Nutrients*. 2022.
- [400] Gupta CC, et al. A time to rest, a time to dine: Sleep, time-restricted eating, and cardiometabolic health. *Nutrients*. 2022.
- [401] Hur HJ, et al. Beneficial effects of a low-glycemic diet on serum metabolites and gut microbiota in obese women with *Prevotella* and *Bacteroides* enterotypes: a randomized clinical trial. *Frontiers in Nutrition*. 2022.
- [402] Iao SI, et al. Associations between bedtime eating or drinking, sleep duration and wake after sleep onset: findings from the American time use survey. *British Journal of Nutrition*. 2022.
- [403] Kyaw TS, et al. Monosodium glutamate consumption reduces the renal excretion of trimethylamine N-oxide and the abundance of *Akkermansia muciniphila* in the gut. *Biochemical and Biophysical Research Communications*. 2022.
- [404] Lakshmanan AP, et al. Increased relative abundance of *Ruminococcus* is associated with reduced cardiovascular risk in an obese population. *Frontiers in Nutrition*. 2022.
- [405] Marques C, et al. Impact of beer and nonalcoholic beer consumption on the gut microbiota: a randomized, double-blind, controlled trial. *Journal of Agricultural and Food Chemistry*. 2022.
- [406] Moniaga CS, Tominaga M, Takamori K. An altered skin and gut microbiota are involved in the modulation of itch in atopic dermatitis. *Cells*. 2022.
- [407] Pattnaik H, et al. Nutritional elements in sleep. *Cureus*. 2022.
- [408] Phillips Michael M MD, et al. Abdominal bloating. *MedlinePlus Medical Encyclopedia*. 2022.
- [409] Sánchez-Pérez S, et al. Intestinal dysbiosis in patients with histamine intolerance. *Nutrients*. 2022.
- [410] Sanchez J, et al. Gastroesophageal reflux disease. *Interventional Management of Chronic Visceral Pain Syndromes*. 2022.
- [411] Yuanita L, et al. Profile of hemoglobin, glucose, and triglycerides on the use of yacon prebiotic syrup as a natural supplement. *RASAYAN Journal of Chemistry*. 2022.
- [412] Yuan MZ, et al. Research on the impact of regular exercise behavior of college students on academic stress and sleep quality during the COVID-19 pandemic. *Healthcare (Basel)*. 2022.
- [413] Abe A, et al. Partially hydrolyzed guar gum is associated with improvement in gut health, sleep, and motivation among healthy subjects. *Journal of Clinical Biochemistry and Nutrition*. 2023.
- [414] Abdi F, et al. Nutritional considerations in celiac disease and non-celiac gluten/wheat sensitivity. *Nutrients*. 2023.
- [415] Alsalvar C, et al. Dried fruits: bioactives, effects on gut microbiota, and possible health benefits—an update. *Nutrients*. 2023.
- [416] Aleman RS, et al. Leaky gut and the ingredients that help treat it: a review. *Molecules*. 2023.
- [417] AOK. Was sollte man bei Durchfall (Diarrhoe) essen und trinken? AOK Gesundheitsmagazin. 2023.
- [418] Atzeni A, et al. Carbohydrate quality, fecal microbiota and cardiometabolic health in older adults: a cohort study. *Gut Microbes*. 2023.
- [419] Barber C, et al. Metabolic response of intestinal microbiota to guar gum consumption. *Frontiers in Nutrition*. 2023.
- [420] Bartsch M, et al. Bridging the gap from enterotypes to personalized dietary recommendations: a metabolomics perspective on microbiome research. *Metabolites*. 2023.

- [421] Benamer T, et al. The effects of curcumin on inflammasome: latest update. *Molecules*. 2023.
- [422] Bielik V, et al. The effect of physical exercise and dairy probiotics (Lactobacillus casei) on gut microbiome in childhood cancer survivors. *Neoplasma*. 2023.
- [423] Carvalho RDOD, et al. Functional Swiss-type cheeses promote beneficial effects in mice gut microbiome during homeostasis and inflammation. *Food Bioscience*. 2023.
- [424] Conesa MPB, et al. Stabilizing histamine release in gut mast cells mitigates peripheral and central inflammation after stroke. *Journal of Neuroinflammation*. 2023.
- [425] Dicks LMT, et al. Our mental health is determined by an intrinsic interplay between the central nervous system, enteric nerves, and gut microbiota. *International Journal of Molecular Sciences*. 2023.
- [426] Dempsey KW, et al. Wheat-derived fructans as prebiotics. *Food Research International*. 2023.
- [427] De Souza Lopes A, et al. The impact of antimicrobial food additives and sweeteners on the growth and metabolite production of gut bacteria. *Folia Microbiologica*. 2023.
- [428] Dicks LM, et al. Our mental health is determined by an intrinsic interplay between the central nervous system, enteric nerves, and gut microbiota. *International Journal of Molecular Sciences*. 2023.
- [429] Escobar LA, et al. The effect of soluble dietary fibers on gut microbiota: a systematic review and meta-analysis. *Frontiers in Nutrition*. 2023.
- [430] Fischer C, et al. Impact of dietary habits on gut microbiota and health: a systematic review. *Nutrients*. 2023.
- [431] Foshati S, et al. The effects of ginger supplementation on common gastrointestinal symptoms in patients with relapsing-remitting multiple sclerosis: A double-blind randomized placebo-controlled trial. *BMC Complementary Medicine and Therapies*. 2023.
- [432] Ghosh S, et al. Dietary polyphenols and their effects on gut microbiota in obesity: a review. *Food Chemistry*. 2023.
- [433] González-Morales J, et al. Prebiotic dietary fibers: a review of health benefits. *Nutrients*. 2023.
- [434] González-Orozco BD, et al. Metagenomic analysis and antibacterial activity of kefir microorganisms. *Journal of Food Science*. 2023.
- [435] González-Revueilla I, et al. Fermented foods as potential modulators of the gut microbiota: a review. *Nutrients*. 2023.
- [436] Gostimiric M, et al. Resveratrol and gut microbiota synergy: Preventive and therapeutic effects. *International Journal of Molecular Sciences*. 2023.
- [437] Griffiths A, et al. Effects of resistant starch on gut microbiota: a systematic review. *Nutrients*. 2023.
- [438] Gudan A, et al. Small intestinal bacterial overgrowth and non-alcoholic fatty liver disease: What do we know in 2023? *Nutrients*. 2023.
- [439] Hald BJ, et al. The role of the gut microbiome in obesity: recent advances. *Nature Reviews Endocrinology*. 2023.
- [440] Harvard MS, et al. What to eat when you have chronic heartburn. *Harvard Health Publishing*. 2023.
- [441] Herdiana Y, et al. Functional food in relation to gastroesophageal reflux disease (GERD). *Nutrients*. 2023.
- [442] Isaakidis A, et al. Is there more to olive oil than healthy lipids? *Nutrients*. 2023.
- [443] Kanwal F, et al. The potential role of nondigestible raffinose family oligosaccharides as prebiotics. *Glycobiology*. 2023.
- [444] Li A, et al. Multi-omics analyses reveal relationships among polyphenol-rich oolong tea consumption, gut microbiota, and metabolic profile: a pilot study. *Food Chemistry*. 2023.
- [445] Li XY, et al. Regulation of gut microbiota by vitamin C, vitamin E and β -carotene. *Food Research International*. 2023.
- [446] Mitra S, et al. Brain modulation by the gut microbiota: from disease to therapy. *Journal of Advanced Research*. 2023.
- [447] Ogulur I, et al. Mechanisms of gut epithelial barrier impairment caused by food emulsifiers polysorbate 20 and polysorbate 80. *Allergy*. 2023.
- [448] Pang S, et al. Longevity of centenarians is reflected by the gut microbiome with youth-associated signatures. *Nature Aging*. 2023.
- [449] Poto R, et al. The role of gut microbiota and leaky gut in the pathogenesis of food allergy. *Nutrients*. 2023.
- [450] Radziszewska M, et al. Nutrition, physical activity and supplementation in irritable bowel syndrome. *Nutrients*. 2023.
- [451] Sánchez-Terrón G, et al. Impact of sustained fructose consumption on gastrointestinal function and health in Wistar rats: glycoxidative stress, impaired protein digestion, and shifted fecal microbiota. *Journal of Agricultural and Food Chemistry*. 2023.
- [452] Scarpellini E, et al. The use of peppermint oil in gastroenterology. *Current Pharmaceutical Design*. 2023.
- [453] Schnedl WJ, et al. A personalized management approach in disorders of the irritable bowel syndrome spectrum. *Clinical Nutrition ESPEN*. 2023.
- [454] Sharifan P, et al. Association of dietary and blood inflammatory indicators with depression, anxiety, and stress in adults with vitamin D deficiency. *International Journal of Geriatric Psychiatry*. 2023.
- [455] Shevchenko A, et al. Post-stress changes in the gut microbiome composition in rats with different levels of nervous system excitability. *PLOS ONE*. 2023.
- [456] Simão DO, et al. Lipids, gut microbiota, and the complex relationship with Alzheimer's disease: a narrative review. *Nutrients*. 2023.
- [457] Stolz R, et al. Evidenzbasierte naturheilkundliche Pflegeinterventionen in der Schmerztherapie. *Der Schmerz*. 2023.
- [458] Trivedi G, et al. Humming (simple bhramari pranayama) as a stress buster: A hotel-based study to analyze heart rate variability (HRV) parameters during bhramari, physical activity, emotional stress, and sleep. *Cureus*. 2023.
- [459] Wang, Y, et al. Effect of two-week red beetroot juice consumption on modulation of gut microbiota in healthy human volunteers – A pilot study. *Food Chemistry*. 2023.
- [460] Zhang X, et al. Modulating a prebiotic food source influences inflammation and immune-regulating gut microbes and metabolites: insights from the BE GONE trial. *eBioMedicine*. 2023.
- [461] Zhao Q, et al. The relationship between the dietary inflammatory index (DII) and metabolic syndrome (MetS) in middle-aged and elderly individuals in the United States. *Nutrients*. 2023.
- [462] Zhong HJ, et al. Supplementation with high-GABA-producing *Lactobacillus plantarum* L5 ameliorates essential tremor triggered by decreased gut bacteria-derived GABA. *Translational Neurodegeneration*. 2023.
- [463] Aguayo-Guerrero JA, et al. Sucralose: from sweet success to metabolic controversies—unraveling the global health implications of a pervasive non-caloric artificial sweetener. *Life*. 2024.
- [464] Ardison Korat AV, et al. Dietary protein intake in midlife in relation to healthy aging – results from the prospective Nurses' Health Study cohort. *The American Journal of Clinical Nutrition*. 2024.
- [465] Bez NS, et al. Development of a diet quality score and adherence to the Swiss dietary recommendations for vegans. *Journal of Health, Population and Nutrition*. 2024.
- [466] Can G, et al. Unraveling the potential therapeutic effect of synbiotics in inflammatory bowel disease. *Journal of the Academy of Nutrition and Dietetics*. 2024.
- [467] Chatelan A, et al. Substituting low-calorie sweetened beverages for sugar-sweetened beverages to prevent obesity and cardiometabolic diseases: still a good idea? *Current Developments in Nutrition*. 2024.
- [468] Chen C, et al. *Lactobacillus paracasei* AH2 isolated from Chinese sourdough alleviated gluten-induced food allergy through modulating gut microbiota and promoting short-chain fatty acid accumulation in a BALB/c mouse model. *Journal of the Science of Food and Agriculture*. 2024.
- [469] Del Rosso J, et al. New insights into systemic drivers of inflammation and their contributions to the pathophysiology of acne. *Journal of Drugs in Dermatology*. 2024.
- [470] Hayer SS, et al. Antibiotic-induced gut dysbiosis elicits gut-brain axis relevant multi-omic signatures and behavioral and neuroendocrine changes in a nonhuman primate model. *Gut Microbes*. 2024.
- [471] Huang Y, et al. The adjuvant treatment role of ω -3 fatty acids by regulating gut microbiota positively in acne vulgaris. *Journal of Dermatological Treatment*. 2024.
- [472] Jamieson PE, et al. Gut enterotype-dependent modulation of gut microbiota and their metabolism in response to xanthohumol supplementation in healthy adults. *Gut Microbes*. 2024.
- [473] Konstanti P, et al. Physiology of γ -aminobutyric acid production by *Akkermansia muciniphila*. *Applied and Environmental Microbiology*. 2024.
- [474] Malta FAP, et al. A triple-masked, two-center, randomized parallel clinical trial to assess the superiority of eight weeks of grape seed flour supplementation against placebo for weight loss attenuation during perioperative period in patients with cachexia associated with colorectal cancer: a study protocol. *Frontiers in Endocrinology*. 2024.
- [475] Min L, et al. Effects of exercise on gut microbiota of adults: a systematic review and meta-analysis. *Nutrients*. 2024.
- [476] Mutoh N, et al. *Bifidobacterium breve* M-16V regulates the autonomic nervous system via the intestinal environment: A double-blind, placebo-controlled study. *Behavioural Brain Research*. 2024.
- [477] Palma-Ordóñez JF, et al. Implication of intestinal microbiota in the etiopathogenesis of fibromyalgia: a systematic review. *International Journal of Rheumatic Diseases*. 2024.
- [478] Pérez-Castillo IM, et al. The athlete gut microbiota: state of the art and practical guidance. *Beneficial Microbes*. 2024.
- [479] Pierdomenico M, et al. Anti-inflammatory effect of a pomegranate extract on LPS-stimulated HepG2 cells. *Natural Product Research*. 2024.
- [480] Prescott SL, et al. Nutritional criminology: Why the emerging research on ultra-processed food matters to health and justice. *International Journal of Environmental Research and Public Health*. 2024.
- [481] Weng J, et al. Gender differences in the association between healthy eating index-2015 and hypertension in the US population: evidence from NHANES 1999–2018. *BMC Public Health*. 2024.
- [482] WHO. Diarrhoea. WHO health topics. 2024.
- [483] Yadav SS, et al. Effect of yoga-based breathing practices on depression, anxiety, stress, and fear of COVID-19 positive hospitalized patients: A randomized controlled trial. *Journal of Ayurveda and Integrative Medicine*. 2024.