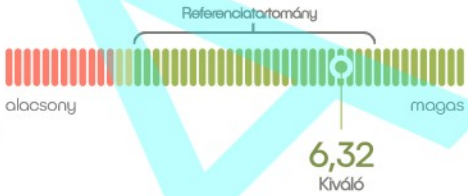
Mikrobiom jelentés

endobiom

Minta Azonosító	Mintavételezés	Elemzés	Anyag	Laboratórium
[redacted]	[redacted]	[redacted]	Széklet	Procomcure

1. Mikrobiális egészség

Mikrobiális sokféleség



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

Fajgazdagság: 390 (Referenciatartomány: 202–322)

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

További információk

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

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

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

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

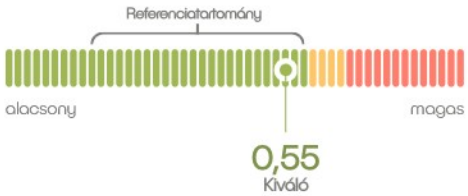
Fajgazdagság: A székletmintában található különböző baktériumfajok számát jelzi. A magas érték magas fajgazdagságot jelez.

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

MINTA

Diszbiózis index

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



További információk

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

Mikrobiom jelentés

endobiom

Enterotípus

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

Enterotípus 3: Ruminococcus

További információk

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

tudnak különböző módon metabolizálni, és mennyire hatékony a vitaminfelszívódás a bélben. A hosszú távú táplálkozási szokások, valamint az életkor, az egészségi állapot és a gyógyszerhasználat befolyásolhatják az enterotípusát.

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

Enterotípus 3

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

Enterotípus 1

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

Enterotípus 2

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

2. Bél-test kölcsönhatás

Bél-immun tengely

magas szintű támogatás az immunrendszer számára

Mikrobiom jelentés

endobiom

Gyulladási potenciál

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

4/4 Alacsony gyulladásos potenciál

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

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

MINTA

További információk

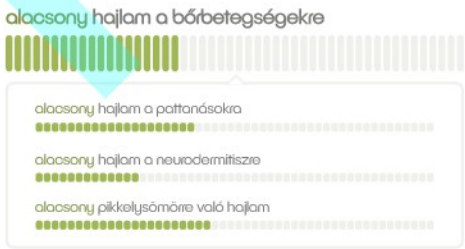
A bélrendszer gyulladásos potenciálját a **lipopoliszacharidok (LPS)** segítségével lehet kiszámítani. Az LPS olyan molekulák, amelyek bizonyos baktériumok sejtfalában fordulnak elő. A legújabb kutatások azt mutatják, hogy a bélmikrobiom összetétele (beleértve az LPS-termelő baktériumok típusait és mennyiségét)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

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

Ezeken kívül a diszbiózis index és az immunerősség fontos paraméterek, amelyek befolyásolhatják a bél gyulladási potenciálját.

Bél-bőr tengely

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



További információk

A bél-bőr tengely a bél mikrobiom és a bőr egészsége közötti kapcsolatot írja le. Az olyan bőrbetegségeket, mint az akne, a neurodermitisz és a pikkelysömör, gyakran a szervezetben kialakuló gyulladás okozza, amely aztán a bőr felszínén láthatóvá válik. A bélbaktériumok közvetlenül szabályozhatják

További információk

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

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

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

3. Bélrendszeri egészség

Áteresztő bél szindróma

Nagyfokú hajlam az áteresztő bél szindrómára

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

További információk

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

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

Irritábilis bél szindróma

alacsony hajlam az irritábilis bél szindrómára

Mikrobiom jelentés

endobiom

További információk

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

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

Gluténérzékenység

Nagyfokú hajlam a gluténérzékenységre

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

További információk

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

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

4. Baktériumlisták

F/B arány

Az Ön F/B aránya: 5,31

Mikrobiom jelentés

endobiom

Mucin-termelő baktériumok

Baktérium	Előfordulás (%)	Referenciatartomány (%)
Akkermansia muciniphila	0,15	0,00 - 1,56
Bacteroides fragilis	↑ 0,46	0,00 - 0,26
Bacteroides thetaiotaomicron	0,03	0,02 - 0,65
Bifidobacterium	↑ 2,01	0,03 - 0,66

Faecalibacterium prausnitzii	↓ 0,25	3,44 - 11,31
Lactobacillus	0,00	0,00 - 0,01

Butirát-termelő baktériumok

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

Szulfát-redukáló baktériumok

Baktérium	Előfordulás (%)	Referenciatartomány (%)
Bilophila	0,11	0,02 - 0,25

Mikrobiom jelentés

endobiom

Törzs	Genus	Előfordulás (%)	Referenciatartomány (%)
Firmicutes	Anaerostipes	0,16	0,04 - 0,36
Firmicutes	Anaerotruncus	↑ 0,11	0,00 - 0,01
Bacteroidota	Bacteroides	↓ 3,69	11,89 - 31,62
Bacteroidota	Barnesiella	↓ 0,08	0,13 - 2,04
Actinobacteriota	Bifidobacterium	↑ 2,01	0,03 - 0,66

Desulfobacterota	Bilophila	0,11	0,02 - 0,25
Firmicutes	Blautia	0,01	0,00 - 0,16
Firmicutes	Butyricicoccus	0,30	0,11 - 0,47
Bacteroidota	Butyricimonas	0,17	0,00 - 0,22
Firmicutes	CAG-56	0,00	0,00 - 0,12
Firmicutes	Caldicoprobacter	0,02	Nincs adat
Campilobacterota	Campylobacter	0,03	Nincs adat
Firmicutes	Catabacter	0,01	Nincs adat
Firmicutes	CHKCI001	0,02	Nincs adat
Firmicutes	Christensenellaceae R-7 group	↑ 2,21	0,05 - 1,83
Firmicutes	Clostridium innocuum group	0,03	Nincs adat
Firmicutes	Clostridium sensu stricto 1	0,00	0,00 - 0,11
Firmicutes	Colidextribacter	↑ 1,05	0,05 - 0,19
Actinobacteriota	Collinsella	↑ 0,31	0,02 - 0,22

Mikrobiom jelentés

endobiom

Törzs	Genus	Előfordulás (%)	Referenciatartomány (%)
Firmicutes	Erysipelotrichaceae UCG-003	0,24	0,03 - 0,33
Proteobacteria	Escherichia-Shigella	0,00	0,00 - 0,07
Firmicutes	Eubacterium eligens group	0,43	0,25 - 2,68
Firmicutes	Eubacterium fissicatena group	0,07	Nincs adat
Firmicutes	Eubacterium hallii group	0,00	0,00 - 0,09

Firmicutes	Eubacterium nodatum group	↑ 0,07	0,00 - 0,02
Firmicutes	Eubacterium oxidoreducens group	↑ 0,11	0,00 - 0,05
Firmicutes	Eubacterium ruminantium group	0,00	0,00 - 0,13
Firmicutes	Eubacterium siraeum group	0,86	0,01 - 1,49
Firmicutes	Eubacterium ventriosum group	0,13	0,01 - 0,15
Firmicutes	Eubacterium xylanophilum group	0,10	0,00 - 0,37
Firmicutes	Faecalibacterium	↓ 0,51	6,02 - 15,78
Firmicutes	Family XIII AD3011 group	↑ 1,15	0,00 - 0,08
Firmicutes	Family XIII UCG-001	0,02	0,00 - 0,03
Firmicutes	Fenollaria	0,07	Nincs adat
Firmicutes	Flavonifractor	↑ 0,73	0,00 - 0,06
Firmicutes	Fournierella	0,00	0,00 - 0,01
Firmicutes	Frisingicoccus	2,02	Nincs adat
Firmicutes	GCA-900066575	0,07	0,01 - 0,08

Mikrobiom jelentés

endobiom

Törzs	Genus	Előfordulás (%)	Referenciatartomány (%)
Firmicutes	Lachnospiraceae FE2018 group	0,08	Nincs adat
Firmicutes	Lachnospiraceae NC2004 group	0,11	0,02 - 1,00
Firmicutes	Lachnospiraceae ND3007 group	↓ 0,00	0,24 - 2,58
Firmicutes	Lachnospiraceae NK4A136 group	0,00	0,00 - 0,28
Firmicutes	Lachnospiraceae UCG-001	0,18	0,02 - 0,51

Firmicutes	Lachnospiraceae UCG-004	0,03	0,00 - 0,29
Firmicutes	Lachnospiraceae UCG-008	0,00	0,00 - 0,05
Firmicutes	Lachnospiraceae UCG-010	↓ 0,01	0,03 - 0,27
Firmicutes	Lactobacillus	0,00	0,00 - 0,01
Firmicutes	Lactococcus	0,00	0,00 - 0,01
Actinobacteriota	Lawsonella	0,01	Nincs adat
Firmicutes	Leuconostoc	0,02	Nincs adat
Firmicutes	Marvinbryantia	0,01	0,00 - 0,02
Firmicutes	Merdibacter	↑ 0,03	0,00 - 0,01
Firmicutes	Monoglobus	↓ 0,03	0,07 - 0,37
Firmicutes	Moryella	0,00	0,00 - 0,05
Firmicutes	Negativibacillus	↑ 0,91	0,00 - 0,08
Firmicutes	NK4A214 group	0,05	0,00 - 0,95
Bacteroidota	Odoribacter	↑ 3,40	0,11 - 0,41

Mikrobiom jelentés

endobiom

Törzs	Genus	Előfordulás (%)	Referenciatartomány (%)
Firmicutes	Phascolarctobacterium	0,02	0,00 - 2,07
Firmicutes	Phocea	0,00	0,00 - 0,01
Bacteroidota	Porphyromonas	0,03	Nincs adat
Bacteroidota	Prevotella	0,00	0,00 - 11,55
Firmicutes	Pseudoflavonifractor	0,00	0,00 - 0,01

Firmicutes	Romboutsia	0,00	0,00 - 0,01
Firmicutes	Roseburia	0,00	0,00 - 0,16
Firmicutes	Ruminiclostridium	0,14	Nincs adat
Firmicutes	Ruminococcus	↑ 8,72	0,15 - 1,95
Firmicutes	Ruminococcus torques group	0,11	0,00 - 0,11
Firmicutes	S5-A14a	0,04	Nincs adat
Firmicutes	Sellimonas	0,08	Nincs adat
Actinobacteriota	Senegalimassilia	0,00	0,00 - 0,02
Firmicutes	Shuttleworthia	0,08	Nincs adat
Actinobacteriota	Slackia	0,00	0,00 - 0,02
Firmicutes	Solobacterium	0,02	Nincs adat
Firmicutes	Streptococcus	0,08	0,03 - 0,31
Firmicutes	Subdoligranulum	↑ 3,36	0,30 - 2,50
Proteobacteria	Sutterella	↓ 0,01	0,02 - 2,45

Mikrobiom jelentés

endobiom

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

5. Ajánlások

Mikrobiális egészség

Fűszerek és gyógynövények használata

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

Kezdje el használni a különböző fűszereket és fűszereket a főzésben:

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

Fermentált élelmiszerek bevezetése

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

Ügyeljen arra, hogy rendszeresen fogyasszon erjesztett ételeket:

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

Csicseriborsó és spenót keverve sütve

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

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

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

Bél-test kölcsönhatás

Maradjon hidratált

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

Biztosítsa a megfelelő folyadékpótlást:

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

Áfonya chia mag puding

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

Elkészítés::
1. Egy tálban keverjük össze a chia magokat, a mandulatejet, a mézet és a vaníliakivonatot.

2. Keverje jól össze, és hagyja állni egy éjszakán át a hűtőszekrényben.
3. Tálalás előtt hintse meg friss áfonyával.

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

Bélrendszeri egészség

Pseudograins használata

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

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

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

Gluténmentes teljes kiőrlésű gabonafélék

Megpróbálhatja kizárni a glutént, mivel az kellemetlenségeket és gyulladást okozhat ki. Ha gluténmentes teljes kiőrlésű

Rendszeresen építsen be gluténmentes teljes kiőrlésű gabonaféléket az étkezéseibe.

Mikrobiom jelentés

endobiom

Low-FODMAP diéta

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

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

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

MINTA

felügyelet nélkül az alacsony FODMAP-tartalmú étrend
követése tápanyaghiányhoz és alultápláltsághoz vezethet.

egészségügyi szakember irányításával végezzen el az eredmények optimalizálása és a tápanyaghiány megelőzése érdekében.

Bogyós quinoa reggeli tál

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

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

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

Összefoglaló

Mikrobiom jelentés

endobiom

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

Javasoljuk, hogy olyan termékeket szedjen, amelyek kombinációt tartalmaznak bacillus clausii, bacillus subtilis, bifidobacterium adolescentis, bifidobacterium animalis, bifidobacterium bifidus, bifidobacterium breve, bifidobacterium infantis, bifidobacterium longum, lactobacillus acidophilus, lactobacillus crispatus, lactobacillus fermentum, lactobacillus gasseri, lactobacillus lactis, lactobacillus paracasei, lactobacillus plantarum, lactobacillus reuteri, lactobacillus rhamnosus, lactobacillus salivarius, lactococcus lactis, leuconostoc mesenteroides, pediococcus acidolactici, pediococcus pentosaceus, saccharomyces boulardii, streptococcus thermophilus. Például a Mikrobiom-24 elérhető a gyógyszertárakban.
A Mikrobiom-24 készítmény különösen előnyös a jótékony baktériumok átfogó keveréke miatt. Tartalmaz Bifidobacterium longumot, amely kulcsfontosságú a vékonybél bakteriális túlnövekedésével (SIBO), a szivárgó bél szindrómával, a fizikai rosszulléttel, a mentális betegségekkel, a zsírmájjal, a magas vérnyomással, a cukorbetegséggel és a pajzsmirigy túlműködéssel kapcsolatos problémák kezelésében. A Lactobacillus acidophilus jelenléte tovább támogatja a bélrendszer egészségét azáltal, hogy elősegíti a kiegyensúlyozott mikrobiomot. A Bifidobacterium infantis és Bifidobacterium breve is szerepel,

amelyekről ismert, hogy pozitívan hozzájárulnak a mentális jóléthez és a bélrendszeri barrier integritásához, közvetlenül támogatva a mentális betegség és a szivárgó bél problémáinak javulását. Ez a széles törzsspektrum erős jelölt a bélrendszer holisztikus egészségének javítására több érintett területen is.

Javasoljuk, hogy olyan termékeket szedjen, amelyek kombinációt tartalmaznak bifidobacterium animalis, bifidobacterium bifidus, bifidobacterium longum, lactobacillus acidophilus, lactobacillus brevis, lactobacillus bulgaris, lactobacillus casei, lactobacillus gasseri, lactobacillus paracasei, lactobacillus plantarum, lactobacillus rhamnosus, lactobacillus salivarius, streptococcus thermophilus. Például a NST Ult Prob-14 elérhető a gyógyszertárakban.
Az NST Ult Prob-14 törzsek robusztus kombinációját kínálja, amelyek közvetlenül számos bélrendszeri problémájára hatnak. Tartalmaz Bifidobacterium longumot, amely rendkívül releváns olyan állapotok esetén, mint a SIBO, szivárgó bél, mentális betegség, zsírmáj, magas vérnyomás, cukorbetegség és pajzsmirigy túlműködés. A Lactobacillus acidophilus, Lactobacillus casei és Lactobacillus plantarum jelenléte előnyös az egészséges mikrobiális egyensúly elősegítésére, ami elengedhetetlen, figyelembe véve a kompromittált fizikai egészségét és a mentális betegségre való hajlamát. Ezek a törzsek szinergikusan működnek, támogatva a bélrendszeri barrier funkciót és javítva az általános emésztési jólétet, hozzájárulva a fizikai rosszullétének és a szivárgó bél problémáinak javulásához.

6. Rólunk

Az Endomedix Kft.-ről
A bél mikrobiom 95%-ban bélbaktériumokból áll. Ezek a baktériumok döntő szerepet játszanak abban, hogy hogyan érzi magát, és abban is, hogy mennyire egészséges. Születésedtől kezdve edzik az immunrendszeredet, és alapvetően befolyásolják számos súlyos betegség kialakulását, mint például az irritábilis bél szindróma, a szivárgó bél szindróma, a cukorbetegség, az elhízás, a Parkinson-kór és még a vastagbélrák is.
A **Endomedix Ltd.** mikrobiom elemzés a Precision Health Science életmód termékét jelenti, amely a legmodernebb technológiákat, intelligens algoritmusokat és a legújabb tudományos publikációkat használja a **Endomedix Ltd.** mikrobiom jelentés elkészítéséhez. A Precision Health Science rendelkezik az ISO 15189:2012 akkreditációval a laboratóriumi minőségi szabványok tekintetében. Az **Endomedix Ltd.** elemzést egy elismert európai orvostechnikai vállalat végzi, amely világszerte az egyetlen kettős ISO 13485 és ISO 9001 szerinti tanúsítvánnyal rendelkező termékkel rendelkezik a mikrobiom területén. Ez kulcsfontosságú és az elemzés minőségét jelzi. A termék biztonságának biztosítása érdekében az európai medtech vállalat olyan minőségirányítási rendszerrel rendelkezik, amely megfelel a vonatkozó követelményeknek, és optimalizálja a folyamatokat, hogy a kockázatokat és hibákat a lehető legjobban elkerülje vagy minimalizálja. Az ISO 13485 szabályozza az orvostechnikai eszközök gyártóinak minőségirányítási rendszereire vonatkozó követelményeket,

Hivatkozások

[1] Human Microbiome Project Consortium. A framework for human gut microbiota. Nature. 2012.
[2] Human Microbiome Project Consortium. Structure, function and diversity of the healthy human microbiome. Nature. 2012.
[3] Lozupone CA, et al. Diversity, stability and resilience of the human gut microbiota. Nature. 2012.
[4] Yatsunenko T, et al. Human gut microbiome viewed across age and geography. Nature. 2012.
[5] Langille MG, et al. Predictive functional profiling of microbial communities using 16S rRNA marker gene sequences. Nat Biotechnol. 2013.
[6] Ranjan R, et al. Multiomic strategies reveal diversity and important functional aspects of human gut microbiome. Biomed Res Int. 2018.
[7] King CH, et al. Baseline human gut microbiota profile in healthy people and standard reporting template. PLoS ONE. 2019.
[8] 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] Cotillard A, et al. Dietary intervention impact on gut microbial gene richness. Nature. 2013.
[12] Li J, et al. An integrated catalog of reference genes in the human gut microbiome. Nat Biotechnol. 2014.

[13] Donaldson GP, et al. Gut biogeography of the bacterial microbiota. Nat Rev Microbiol. 2015.
[14] Pasolli E, et al. Extensive unexplored human microbiome diversity revealed by over 150,000 genomes from metagenomes spanning age, geography, and lifestyle. Cell. 2019.
[15] 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-naive 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. Bioinformation. 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] Bulygin 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 WJ-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.

[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] Carmody 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] Hiippala 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] Rajilić-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] Rajilić-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] Saiavilla 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, LIBO, 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. Noncoeliac wheat sensitivity: An immune-mediated condition with systemic manifestations. Gastroenterology Clinics of North America. 2019.
[127] Nobel YR, et al. Lack of effect of gluten challenge on fecal microbiome in patients with celiac disease and non-celiac gluten sensitivity. Clinical and Translational Gastroenterology. 2021.
[128] Mariat D, et al. The Firmicutes/Bacteroidetes ratio of the human microbiota changes with age. BMC Microbiol. 2009.
[129] Magne F, et al. The Firmicutes/Bacteroidetes ratio: A relevant marker of gut dysbiosis in obese patients? Nutrients. 2020.
[130] Stojanov S, et al. The influence of probiotics on the Firmicutes/Bacteroidetes ratio in the treatment of obesity and inflammatory bowel disease. Microorganisms. 2020.
[131] Grigoreva IN. Gallstone disease, obesity and the Firmicutes/Bacteroidetes ratio as a possible biomarker of gut dysbiosis. J Pers Med. 2021.
[132] Holzapfel WH, et al. Taxonomy and important features of probiotic microorganisms in food and nutrition. Am J Clin Nutr. 2001.
[133] Masco L, et al. Polyphasic taxonomic analysis of Bifidobacterium animalis and Bifidobacterium lactis reveals relatedness at the subspecies level: Reclassification of Bifidobacterium animalis as Bifidobacterium animalis subsp. animalis subsp. nov. and Bifidobacterium lactis as Bifidobacterium animalis subsp. lactis subsp. nov. Int J Syst Evol Microbiol. 2004.
[134] Malinen E, et al. Association of symptoms with gastrointestinal microbiota in irritable bowel syndrome. World J Gastroenterol. 2010.
[135] O'Callaghan A, et al. Bifidobacteria and their role as members of the human gut microbiota. Front Microbiol. 2016.
[136] Rivière A, et al. Bifidobacteria and butyrate-producing colon bacteria: importance and strategies for their stimulation in the human gut. Front Microbiol. 2016.
[137] Marco ML, et al. Health benefits of fermented foods: Microbiota and beyond. Curr Opin Biotechnol. 2017.
[138] Liu YW, et al. New perspectives of Lactobacillus plantarum as a probiotic: The gut-heart-brain axis. J Microbiol. 2018.
[139] Heeney DD, et al. Intestinal Lactobacillus in health and disease: A driver or just along for the ride? Curr Opin Biotechnol. 2018.
[140] Mayengbam S, et al. Impact of dietary fiber supplementation on modulating microbiota-host-metabolic axes in obesity. J Nutr Biochem. 2018.

[176] Schwiertz A, et al. Anaerostipes caccae gen. nov., sp. nov., a new saccharolytic, acetate-utilising, butyrate-producing bacterium from human faeces. Syst Appl Microbiol. 2002.
[177] Hold GL, et al. Oligonucleotide probes that detect quantitatively significant groups of butyrate-producing bacteria in human feces. Appl Environ Microbiol. 2003.
[178] Duncan SH, et al. Contribution of acetate to butyrate formation by human faecal bacteria. Br J Nutr. 2004.
[179] Duncan SH, et al. Lactate-utilizing bacteria, isolated from human feces, that produce butyrate as a major fermentation product. Appl Environ Microbiol. 2004.
[180] Duncan SH, et al. Proposal of Roseburia faecis sp. nov., Roseburia hominis sp. nov. and Roseburia inulinivorans sp. nov., based on isolates from human faeces. Int J Syst Evol Microbiol. 2006.
[181] Louis P, et al. Diversity, metabolism and microbial ecology of butyrate-producing bacteria from the human large intestine. FEMS Microbiol Lett. 2009.
[182] Miquel S, et al. Ecology and metabolism of the beneficial intestinal commensal bacterium Faecalibacterium prausnitzii. Gut Microbes. 2014.
[183] Miquel S, et al. Identification of metabolic signatures linked to anti-inflammatory effects of Faecalibacterium prausnitzii. MBio. 2015.
[184] Engels C, et al. The common gut microbe Eubacterium hallii also contributes to intestinal propionate formation. Front Microbiol. 2016.
[185] Rivière A, et al. Bifidobacteria and butyrate-producing colon bacteria: importance and strategies for their stimulation in the human gut. Front Microbiol. 2016.
[186] Lopez-Siles M, et al. Faecalibacterium prausnitzii: from microbiology to diagnostics and prognostics. ISME J. 2017.
[187] Tamanai-Shacoori Z, et al. Roseburia spp.: A marker of health? Future Microbiol. 2017.
[188] 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.
[189] Chia LW, et al. Bacteroides thetaiotaomicron fosters the growth of butyrate-producing Anaerostipes caccae in the presence of lactose and total human milk carbohydrates. Microorganisms. 2020.
[190] Van Hul M, et al. From correlation to causality: the case of Subdoligranulum. Gut Microbes. 2020.
[191] Nie K, et al. Roseburia intestinalis: A beneficial gut organism from the discoveries in genus and species. Front Cell Infect Microbiol. 2021.
[192] Singh V, et al. Butyrate producers, "The Sentinel of Gut": Their intestinal significance with and beyond butyrate, and prospective use as microbial therapeutics. Front Microbiol. 2023.
[193] Notting F, et al. The butyrate-producing and spore-forming bacterial genus Coprococcus as a potential biomarker for neurological disorders. Gut Microbiome. 2023.

[194] Kadowaki R, et al. Spore-forming properties and enhanced oxygen tolerance of butyrate-producing Anaerostipes spp. Anaerobe. 2023.
[195] Siptroth J, et al. Variation of butyrate production in the gut microbiome in type 2 diabetes patients. Int Microbiol. 2023.
[196] Gibson G, et al. Sulphate-reducing bacteria and hydrogen metabolism in the human large intestine. Gut. 1993.
[197] Loubinoux J, et al. Sulfate-reducing bacteria in human feces and their association with inflammatory bowel diseases. FEMS Microbiol Ecol. 2002.
[198] Jia W, et al. Diversity and distribution of sulphate-reducing bacteria in human faeces from healthy subjects and patients with inflammatory bowel disease. FEMS Immunol Med Microbiol. 2012.
[199] Rey FE, et al. Metabolic niche of a prominent sulfate-reducing human gut bacterium. Proc Natl Acad Sci U S A. 2013.
[200] David LA, et al. Diet rapidly and reproducibly alters the human gut microbiome. Nature. 2014.
[201] Feng Y, et al. Enrichment of sulfidogenic bacteria from the human intestinal tract. FEMS Microbiol Lett. 2017.
[202] Chen YR, et al. Isolation of Desulfovibrio spp. from human gut microbiota using a next-generation sequencing directed culture method. Lett Appl Microbiol. 2019.
[203] Dostal Webster A, et al. Influence of short-term changes in dietary sulfur on the relative abundances of intestinal sulfate-reducing bacteria. Gut Microbes. 2019.
[204] Kushkevych I, et al. The sulfate-reducing microbial communities and meta-analysis of their occurrence during diseases of small-large intestine axis. J Clin Med. 2019.
[205] Dordević D, et al. Hydrogen sulfide toxicity in the gut environment: Meta-analysis of sulfate-reducing and lactic acid bacteria in inflammatory processes. J Adv Res. 2020.
[206] Kushkevych I, et al. Recent advances in metabolic pathways of sulfate reduction in intestinal bacteria. Cells. 2020.
[207] Burrichter AG, et al. Bacterial microcompartments for isethionate desulfonation in the taurine-degrading human-gut bacterium Bilophila wadsworthia. BMC Microbiol. 2021.
[208] Chen YR, et al. Desulfovibrio is not always associated with adverse health effects in the Guangdong Gut Microbiome Project. PeerJ. 2021.
[209] Lu G, et al. Diversity and comparison of intestinal Desulfovibrio in patients with liver cirrhosis and healthy people. Microorganisms. 2023.
[210] Singh SB, et al. Desulfovibrio in the gut: The enemy within? Microorganisms 2023.
[211] Xie R, et al. Desulfovibrio vulgaris interacts with novel gut epithelial immune receptor LRRC19 and exacerbates colitis. Microbiome. 2024.
[212] Brown C, et al. The monoamine oxidase inhibitor—tyramine interaction. The Journal of Clinical Pharmacology. 1989.
[213] Cummings JH, Macfarlane GT. Dietary fiber and the human gut microbiota. Nutrients. 1997.
[214] Reiter RJ, Tan D. Melatonin: an antioxidant in edible plants. Annals of the New York Academy of Sciences. 2002.
[215] 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.
[216] Iriti M, Faoro F. Grape phytochemicals: A bouquet of old and new nutraceuticals for human health. Medical Hypotheses. 2006.
[217] Kinoshita T, et al. Cold-water face immersion per se elicits cardiac parasympathetic activity. Circulation Journal. 2006.
[218] Reiter M, et al. Melatonin in edible plants (phytomelatonin): identification, concentrations, bioavailability and proposed functions. World Review of Nutrition and Dietetics. 2006.
[219] Osman N, et al. Probiotics and blueberry attenuate the severity of dextran sulfate sodium (DSS)-induced colitis. Digestive Diseases and Sciences. 2008.
[220] Holma R, et al. Constipation is relieved more by rye bread than wheat bread or laxatives without increased adverse gastrointestinal effects. The Journal of Nutrition. 2010.
[221] Pérez-Jiménez J, et al. Identification of the 100 richest dietary sources of polyphenols: an application of the Phenol-Explorer database. European Journal of Clinical Nutrition. 2010.
[222] Block SG, et al. Exacerbation of facial acne vulgaris after consuming pure chocolate. Journal of the American Academy of Dermatology. 2011.
[223] 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.
[224] Russell WR, et al. High-protein, reduced-carbohydrate weight-loss diets promote metabolite profiles likely to be detrimental to colonic health. The American Journal of Clinical Nutrition. 2011.
[225] Clemente JC, et al. The impact of the gut microbiota on human health: an integrative view. Frontiers in Microbiology. 2012.
[226] Di Landro A, et al. Family history, body mass index, selected dietary factors, menstrual history, and risk of moderate to severe acne in adolescents and young adults. Journal of the American Academy of Dermatology. 2012.
[227] Kim KA, et al. High-fat diet-induced gut microbiota exacerbates inflammation and obesity in mice via the TLR4 signaling pathway. PLoS ONE. 2012.
[228] Queipo-Ortuño MI, et al. Influence of red wine polyphenols and ethanol on the gut microbiota ecology and biochemical biomarkers. The American Journal of Clinical Nutrition. 2012.
[229] Biedermann L, et al. Bilberry ingestion improves disease activity in mild to moderate ulcerative colitis—an open pilot study. Journal of Crohn's and Colitis. 2013.
[230] 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.
[231] Dreher ML, Davenport AJ. Horticultural foods and health: the role of phytochemicals in nutrition and health promotion. Journal of Horticultural Science & Biotechnology. 2013.

[265] Garcia-Mazcorro JF, et al. Gut microbiome modulation by fermented foods. Frontiers in Microbiology. 2017.
[266] Gibson GR, et al. Dietary prebiotics: definition and application. Nature Reviews Gastroenterology & Hepatology. 2017.
[267] Hewlings S, Kalman D. Curcumin: A review of its effects on human health. Foods. 2017.
[268] Johnson EL, et al. Microbiome and metabolic disease: revisiting the bacterial phylum Bacteroidetes. Journal of Molecular Medicine. 2017.
[269] Maier TV, et al. Impact of dietary resistant starch on the human gut microbiome, metaproteome, and metabolome. mBio. 2017.
[270] Reynolds AC, et al. The shift work and health research agenda: considering changes in gut microbiota as a pathway linking shift work, sleep loss and circadian misalignment, and metabolic disease. Sleep Medicine Reviews. 2017.
[271] Vandeputte D, et al. Prebiotic inulin-type fructans induce specific changes in the human gut microbiota. Gut. 2017.
[272] Yuen AWC and Sander JW. Can natural ways to stimulate the vagus nerve improve seizure control? Epilepsy & Behavior. 2017.
[273] Adike A, et al. Small intestinal bacterial overgrowth. Gastroenterology Clinics of North America. 2018.
[274] Alfa MJ, et al. A randomized trial to determine the impact of a digestion resistant starch composition on the gut microbiome in older and mid-age adults. Clinical Nutrition. 2018.
[275] Durack J, et al. Involvement of the gut microbiome in diabetes and obesity. International Journal of Molecular Sciences. 2018.
[276] Gao Q, et al. The association between vitamin D deficiency and sleep disorders: A systematic review and meta-analysis. Nutrients. 2018.
[277] Ghosh S, Maji S. Dietary approaches to improve gut health. Journal of Nutritional Science. 2018.
[278] González-Sarrías A, et al. The endotoxemia marker lipopolysaccharide-binding protein is reduced in overweight-obese subjects consuming pomegranate extract by modulating the gut microbiota: A randomized clinical trial. Molecular Nutrition & Food Research. 2018.
[279] Hershner S, et al. The impact of a randomized sleep education intervention for college students. Journal of Clinical Sleep Medicine. 2018.
[280] Kopf JC, et al. Role of whole grains versus fruits and vegetables in reducing subclinical inflammation and promoting gastrointestinal health in individuals affected by overweight and obesity: a randomized

controlled trial, Nutrition Journal. 2018.
[281] Korpela K, et al. Diet, microbiota, and metabolic health: trade-off between saccharolytic and proteolytic fermentation. Annual Review of Food Science and Technology. 2018.
[282] Krebs-Smith SM, et al. Update of the Healthy Eating Index: HEI-2015. Journal of the Academy of Nutrition and Dietetics. 2018.
[283] Niederreiter L, et al. Food, microbiome and colorectal cancer. Digestive and Liver Disease. 2018.
[284] Schink M, et al. Microbial patterns in patients with histamine intolerance. Journal of Physiology and Pharmacology. 2018.
[285] Venancio VP, et al. Polyphenol-rich mango (Mangifera indica L.) ameliorates functional constipation symptoms in humans beyond equivalent amount of fiber. Molecular Nutrition & Food Research. 2018.
[286] Vital M, et al. Metagenomic insights into the degradation of resistant starch by human gut microbiota. Applied and Environmental Microbiology. 2018.
[287] Aalemi AK, et al. Dairy consumption and acne: a case control study in Kabul, Afghanistan. Clinical, Cosmetic and Investigational Dermatology. 2019.
[288] Chaix A, et al. Time-restricted eating to prevent and manage chronic metabolic diseases. Annual Review of Nutrition. 2019.
[289] Chung WH, et al. Dietary factors influencing the gut microbiome in children: a systematic review. Nutrients. 2019.
[290] Clos-Garcia M, et al. Gut microbiome and serum metabolome analyses identify molecular biomarkers and altered glutamate metabolism in fibromyalgia. eBioMedicine. 2019.
[291] Covasa M, et al. Intestinal sensing by gut microbiota: Targeting gut peptides. Frontiers in Endocrinology. 2019.
[292] Dalton A, et al. Exercise influence on the microbiome–gut–brain axis. Gut Microbes. 2019.
[293] Danneskiold-Samsøe NB, et al. Interplay between food and gut microbiota in health and disease. Food Research International. 2019.
[294] Erdogan M, et al. The impact of dietary fat on gut microbiome: a systematic review. Journal of Nutrition and Metabolism. 2019.
[295] Hermann J. Drug-nutrient interactions. 2019.
[296] Hills R, et al. Gut microbiome: Profound implications for diet and disease. Nutrients. 2019.
[297] Hjorth MF, et al. Prevotella-to-Bacteroides ratio predicts body weight and fat loss success on 24-week diets varying in macronutrient composition and dietary fiber: results from a post-hoc analysis. International Journal of Obesity. 2019.
[298] Hrncirova L, et al. Human gut microbes are susceptible to antimicrobial food additives in vitro. Folia Microbiologica. 2019.
[299] Kaczmarek JL, et al. Broccoli consumption affects the human gastrointestinal microbiota. The Journal of Nutritional Biochemistry. 2019.
[300] Kanauchi M, et al. A novel dietary inflammatory index reflecting inflammatory ageing: Technical note. Annals of Medicine and Surgery. 2019.
[301] Kårlund A, et al. Protein supplements and their relation with nutrition, microbiota composition, and health: is more protein always better for sportspeople? Nutrients. 2019.
[302] Partula V, et al. Associations between usual diet and gut microbiota composition: results from the Milieu Intérieur cross-sectional study. The American Journal of Clinical Nutrition. 2019.
[303] Rao TP, et al. Role of guar fiber in improving digestive health and function. Nutrition. 2019.
[304] Saoji AA, et al. Effects of yogic breath regulation: A narrative review of scientific evidence. Journal of Ayurveda and Integrative Medicine. 2019.
[305] Zhao J, et al. Dietary protein and gut microbiota composition and function. Current Protein & Peptide Science. 2019.
[306] Ahnen RT, et al. Carbohydrates. Present Knowledge in Nutrition. 2020.
[307] Atzeni A, et al. Exercise, diet and stress as modulators of gut microbiota: implications for neurodegenerative diseases. Neurobiology of Disease. 2020.
[308] Ahnen RT, et al. Carbohydrates. In: Present Knowledge in Nutrition. Elsevier. 2020.
[309] Bonci L, et al. Diet strategies for managing chronic diarrhea. International Foundation for Gastrointestinal Disorders. 2020.
[310] Cândido TLN, et al. Effects of dietary fat quality on metabolic endotoxaemia: a systematic review. British Journal of Nutrition. 2020.
[311] Chou SW, et al. Dietary fibers in the treatment of constipation: a review of randomized controlled trials. Nutrients. 2020.
[312] Chung WSF, et al. Relative abundance of the Prevotella genus within the human gut microbiota of elderly volunteers determines the inter-individual responses to dietary supplementation with wheat bran arabinoxylan-oligosaccharides. BMC Microbiology. 2020.
[313] Coombes JR, et al. Influence of dietary fat on gut microbiome composition and microbial metabolites. Current Opinion in Clinical Nutrition and Metabolic Care. 2020.
[314] Davis CD, et al. Prebiotic dietary fiber modulates gut microbiota and metabolite profiles in prediabetic individuals. Nutrients. 2020.
[315] Dionísio AP, et al. Effect of yacon syrup on blood lipid, glucose and metabolic endotoxemia in healthy subjects: a randomized, double-blind, placebo-controlled pilot trial. Food Science and Technology. 2020.
[316] Gubert C, et al. Exercise, diet and stress as modulators of gut microbiota: implications for neurodegenerative diseases. Neurobiology of Disease. 2020.
[317] Gurwara S, et al. Alcohol use alters the colonic mucosa–associated gut microbiota in humans. Nutrition Research. 2020.

[350] Srisukthaveerat V, et al. Nutrition communication about low FODMAP diet in irritable bowel syndrome (IBS) and small intestinal bacterial overgrowth (SIBO) in Thai healthcare practitioners. Bioactive Compounds in Health and Disease. 2021.
[351] Sullivan VK, et al. Consumption of dried fruits is associated with greater intakes of underconsumed nutrients, higher total energy intakes, and better diet quality in US adults: a cross-sectional analysis of the National Health and Nutrition Examination Survey, 2007-2016. Journal of the Academy of Nutrition and Dietetics. 2021.
[352] Wong A and Figueroa A. Effects of acute stretching exercise and training on heart rate variability: A review. Journal of Strength and Conditioning Research. 2021.
[353] Watanabe-Asaka T, et al. From digestion and absorption to innate immunity and health care: Water and food intake may contribute to IL-22 in ILC3-dependent mucosal immunity in the jejunum. The Journal of Physiological Sciences. 2021.
[354] Atzeni A, et al. Association between ultra-processed food consumption and gut microbiota in senior subjects with overweight/obesity and metabolic syndrome. Frontiers in Nutrition. 2022.
[355] Bartlett A, et al. Dietary protein and the intestinal microbiota: an understudied relationship. iScience. 2022.
[356] Cataldi S, et al. The relationship between physical activity, physical exercise, and human gut microbiota in healthy and unhealthy subjects: A systematic review. Biology. 2022.
[357] Chassaing B, et al. Randomized controlled-feeding study of dietary emulsifier carboxymethylcellulose reveals detrimental impacts on the gut microbiota and metabolome. Gastroenterology. 2022.
[358] Choi Y, et al. A guide to dietary pattern–microbiome data integration. The Journal of Nutrition. 2022.
[359] Conforti C, et al. Acne and diet: a review. International Journal of Dermatology. 2022.
[360] Davis KF, et al. Prebiotics: what they are, health benefits and food sources. Molecules. 2022.
[361] Galle A, et al. Dietary interventions for the management of patients with inflammatory bowel diseases: a systematic review. Nutrients. 2022.
[362] Gaundal L, et al. Gut microbiota is associated with dietary intake and metabolic markers in healthy individuals. Food & Nutrition Research. 2022.
[363] González M, et al. Effects of probiotic and prebiotic interventions on gut microbiota and immune response: a systematic review. Nutrients. 2022.
[364] Gupta CC, et al. A time to rest, a time to dine: Sleep, time-restricted eating, and cardiometabolic health. Nutrients. 2022.

[365] Hur HJ, et al. Beneficial effects of a low-glycemic diet on serum metabolites and gut microbiota in obese women with Prevotella and Bacteroides enterotypes: a randomized clinical trial. Frontiers in Nutrition. 2022.
[366] Iao SI, et al. Associations between bedtime eating or drinking, sleep duration and wake after sleep onset: findings from the American time use survey. British Journal of Nutrition. 2022.
[367] Kyaw TS, et al. Monosodium glutamate consumption reduces the renal excretion of trimethylamine N-oxide and the abundance of Akkermansia muciniphila in the gut. Biochemical and Biophysical Research Communications. 2022.
[368] Lakshmanan AP, et al. Increased relative abundance of Ruminococcus is associated with reduced cardiovascular risk in an obese population. Frontiers in Nutrition. 2022.
[369] Marques C, et al. Impact of beer and nonalcoholic beer consumption on the gut microbiota: a randomized, double-blind, controlled trial. Journal of Agricultural and Food Chemistry. 2022.
[370] Moniaga CS, Tominaga M, Takamori K. An altered skin and gut microbiota are involved in the modulation of itch in atopic dermatitis. Cells. 2022.
[371] Pattnaik H, et al. Nutritional elements in sleep. Cureus. 2022.
[372] Phillips Michael M MD, et al. Abdominal bloating. MedlinePlus Medical Encyclopedia. 2022.
[373] Sánchez-Pérez S, et al. Intestinal dysbiosis in patients with histamine intolerance. Nutrients. 2022.
[374] Sanchez J, et al. Gastroesophageal reflux disease. Interventional Management of Chronic Visceral Pain Syndromes. 2022.
[375] Yuanita L, et al. Profile of hemoglobin, glucose, and triglycerides on the use of yacon prebiotic syrup as a natural supplement. RASAYAN Journal of Chemistry. 2022.
[376] Yuan MZ, et al. Research on the impact of regular exercise behavior of college students on academic stress and sleep quality during the COVID-19 pandemic. Healthcare (Basel). 2022.
[377] Abe 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.
[378] Abdi F, et al. Nutritional considerations in celiac disease and non-celiac gluten/wheat sensitivity. Nutrients. 2023.
[379] Alasalvar C, et al. Dried fruits: bioactives, effects on gut microbiota, and possible health benefits—an update. Nutrients. 2023.
[380] Aleman RS, et al. Leaky gut and the ingredients that help treat it: a review. Molecules. 2023.
[381] AOK. Was sollte man bei Durchfall (Diarrhoe) essen und trinken? AOK Gesundheitsmagazin. 2023.
[382] Atzeni A, et al. Carbohydrate quality, fecal microbiota and cardiometabolic health in older adults: a cohort study. Gut Microbes. 2023.
[383] Barber C, et al. Metabolic response of intestinal microbiota to guar gum consumption. Frontiers in Nutrition. 2023.
[384] Bartsch M, et al. Bridging the gap from enterotypes to personalized dietary recommendations: a metabolomics perspective on microbiome research. Metabolites. 2023.
[385] Benameur T, et al. The effects of curcumin on inflammasome: latest update. Molecules. 2023.
[386] Bielik V, et al. The effect of physical exercise and dairy probiotics (Lactobacillus casei) on gut microbiome in childhood cancer survivors. Neoplasma. 2023.
[387] Carvalho RDOD, et al. Functional Swiss-type cheeses promote beneficial effects in mice gut microbiome during homeostasis and inflammation. Food Bioscience. 2023.
[388] Conesa MPB, et al. Stabilizing histamine release in gut mast cells mitigates peripheral and central inflammation after stroke. Journal of Neuroinflammation. 2023.
[389] Dicks L MT, et al Our mental health is determined by an intrinsic interplay between the central nervous system, enteric nerves, and gut microbiota. International Journal of Molecular Sciences. 2023.
[390] Dempsey KW, et al. Wheat-derived fructans as prebiotics. Food Research International. 2023.
[391] De Souza Lopes A, et al. The impact of antimicrobial food additives and sweeteners on the growth and metabolite production of gut bacteria. Folia Microbiologica. 2023.
[392] Dicks LM, et al. Our mental health is determined by an intrinsic interplay between the central nervous system, enteric nerves, and gut microbiota. International Journal of Molecular Sciences. 2023.
[393] Escobar LA, et al. The effect of soluble dietary fibers on gut microbiota: a systematic review and meta-analysis. Frontiers in Nutrition. 2023.
[394] Fischer C, et al. Impact of dietary habits on gut microbiota and health: a systematic review. Nutrients. 2023.
[395] Foshati S, et al. The effects of ginger supplementation on common gastrointestinal symptoms in patients with relapsing-remitting multiple sclerosis: A double-blind randomized placebo-controlled trial. BMC Complementary Medicine and Therapies. 2023.
[396] Ghosh S, et al. Dietary polyphenols and their effects on gut microbiota in obesity: a review. Food Chemistry. 2023.
[397] González-Morales J, et al. Prebiotic dietary fibers: a review of health benefits. Nutrients. 2023.
[398] González-Orozco BD, et al. Metagenomic analysis and antibacterial activity of kefir microorganisms. Journal of Food Science. 2023.
[399] González-Revuelta I, et al. Fermented foods as potential modulators of the gut microbiota: a review. Nutrients. 2023.
[400] Gostimirovic M, et al. Resveratrol and gut microbiota synergy: Preventive and therapeutic effects. International Journal of Molecular Sciences. 2023.
[401] Griffiths A, et al. Effects of resistant starch on gut microbiota: a systematic review. Nutrients. 2023.

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

MINTA