

Proben ID
Musterbericht

Labor
Medizinische Universität
Wien

Entnahme
Norgen Biotek Corp.

Probennahme
31. Dezember XXXX

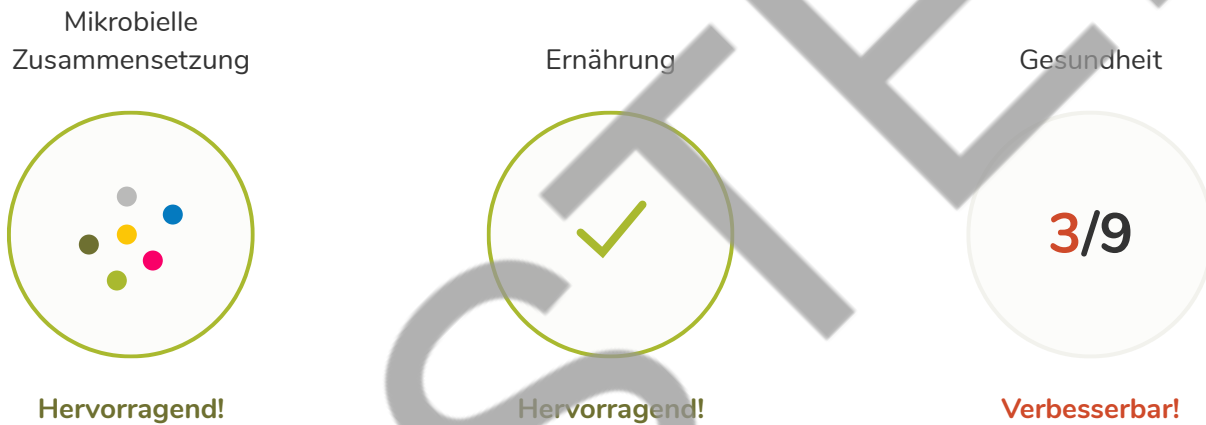
Eingelangt
31. Dezember XXXX

Material
Stuhl

Analysiert
31. Dezember XXXX

Dein persönlicher Mikrobiombericht

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



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

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

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

Zusammenfassung

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

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

Mikrobielle Zusammensetzung

Index	Wert	Durchschnitt	Beurteilung
✓ Diversität	6,15	5,92 - 6,60	Hervorragend!
✓ Artenreichtum	270	242 - 366	Hervorragend!
✓ Artengleichheit	0,76	0,74 - 0,79	Hervorragend!

Ernährung

Parameter	Ergebnis	Durchschnitt	Beurteilung
🌾 Enterotyp		-	Enterotyp 3 (Ruminococcus)
⊖ Kalorienaufnahme	0,2	1,1 - 1,8	Verbesserbar!
⊖ Gewicht			Verbesserbar!
✓ Zuckerstoffwechsel	128	100	Überdurchschnittlich gut!
✓ Fettstoffwechsel	178	100	Überdurchschnittlich gut!
✓ Vitaminstoffwechsel	104	100	Überdurchschnittlich gut!
✓ Proteinstoffwechsel	200	100	Überdurchschnittlich gut!

Gesundheit

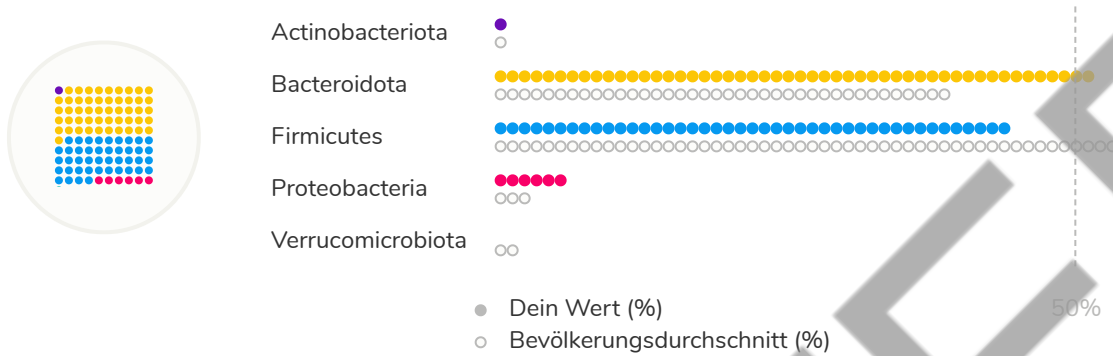
- | | |
|-------------------|---------------------|
| ⊖ Entzündung | ⊖ Darm-Leber-Achse |
| ✓ Darmschleimhaut | ⊖ Darm-Haut-Achse |
| ⊖ Reizdarmsyndrom | ✓ Insulinhaushalt |
| ✓ Darm-Hirn-Achse | ⊖ Gelenksgesundheit |
| ⊖ Darm-Herz-Achse | |

Inhaltsverzeichnis

	Mikrobielle Zusammensetzung	4
Finde heraus, wie	Übersicht aller Bakterien	4
unterschiedlich und	Diversität	5
einzigartig dein Mikrobiom	Artenreichtum und Artengleichheit	6
ist.	Probiotische Bakterien	7
	Ernährung	8
Finde heraus, welche	Enterotyp	8
Auswirkungen deine	Kalorienaufnahme	9
Darmbakterien auf deine	Gewicht	10
Nahrungsaufnahme haben.	Vitamin- und Proteinstoffwechsel	11
	Zucker- und Fettstoffwechsel	12
	Gesundheit	13
Finde heraus, mit welchen	Entzündung	13
Gesundheitszuständen deine	Darmschleimhaut	14
Bakterien assoziiert werden	Reizdarmsyndrom	15
können.	Darm-Hirn-Achse	16
	Darm-Herz-Achse	17
	Darm-Leber-Achse	18
	Darm-Haut-Achse	19
	Insulinhaushalt	20
	Gelenkgesundheit	21
	Verbesserungsvorschläge	22
	Bakterienliste	24
	Über den Test	27
	Literaturverzeichnis	28

Mikrobielle Zusammensetzung

Übersicht aller Bakterien



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

Erklärung

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

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

Im Kapitel Bakterienliste sind alle gefundenen Bakterienarten genau aufgelistet.

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

Detailinformationen

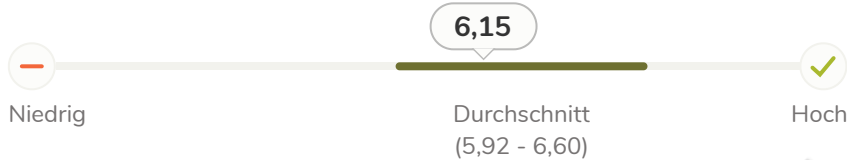
Abteilung	Du (%)	Bevölkerung (%)
Actinobacteriota	0,61 %	0,80 %
Bacteroidota	49,88 %	37,89 %
Firmicutes	43,13 %	51,76 %
Proteobacteria	5,97 %	2,78 %
Verrucomicrobiota	0,01 %	1,68 %

Diversität



Hervorragend!

Shannon Index (Verschiedenheit deines Mikrobioms)



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

Erklärung

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

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

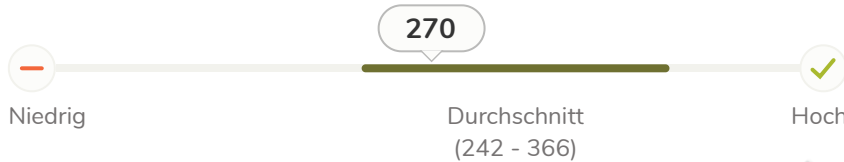
Risikofaktoren

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

Artenreichtum


Hervorragend!

Anzahl an unterschiedlichen Bakterienarten



Die Anzahl an unterschiedlichen Bakterienarten in deinem Darm beträgt 270. Damit ist die mikrobielle Artenvielfalt in deinem Darm in Ordnung. Das bedeutet, dass dich dein Mikrobiom sehr gut darin unterstützt, das Risiko für Krankheiten zu senken. Je ausgewogener du dich ernährst, desto mehr Bakterienarten kannst du füttern.

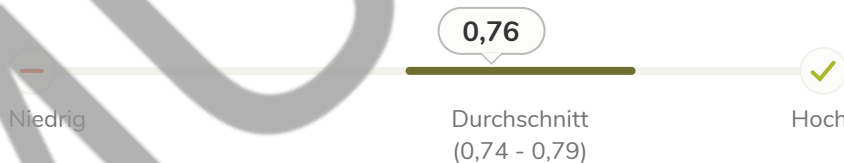
Erklärung

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

Artengleichheit


Hervorragend!

Pielou Index (Ausgewogenheit deines Mikrobioms)



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

Erklärung

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

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

Probiotische Bakterien



Hervorragend!

- ● ● ✓ sehr gut
- ● ● - verbesserbar

Du hast viele probiotische Bakterien.

Erklärung

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

Detailinformationen

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

Ernährung

Enterotyp



Enterotyp 3 (Ruminococcus)

Dieser Enterotyp kommt besonders häufig bei Gemischtköstler:innen vor – also Personen, die sich sehr ausgewogen ernähren. Dieser Enterotyp ist der häufigste in der westlichen Welt. Hier dominiert der Bakterienstamm Ruminococcus, welcher schnell und effektiv Nahrung in Energie umwandelt. Ruminococcus Bakterien produzieren vermehrt Enzyme, die unverdauliche Kohlenhydrate wie Zellulose spalten und im Anschluss in Energie umwandeln können. Zusätzlich können diese Bakterien Schleimproteine, die im Schleim der Darmschleimhaut vorkommen, abbauen. Dabei nutzen sie besonders effektiv die dabei entstehenden kleinen Zuckermoleküle. Dein Enterotyp ist besonders belastbar.

Erklärung

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

Man unterscheidet zwischen drei Enterotypen:



Enterotyp 1

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



Enterotyp 2

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



Enterotyp 3

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

Kalorienaufnahme



Verbesserbar!

Verhältnis Firmicutes zu Bacteroidetes



Das Verhältnis der Firmicutes zu Bacteroidetes in deinem Darm könnte besser sein. Ein hohes Verhältnis an Firmicutes wird oft mit Übergewicht assoziiert. Wohingegen ein Mangel an Firmicutes (niedriges Verhältnis) mit schlechter Kalorienverwertung und häufiger mit Untergewicht assoziiert ist. Wie du das Verhältnis deiner Firmicutes und Bacteroidetes verbessern kannst, erfährst du bei deinen Verbesserungsvorschlägen.

Erklärung

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

Gewicht












Verbesserbar!


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

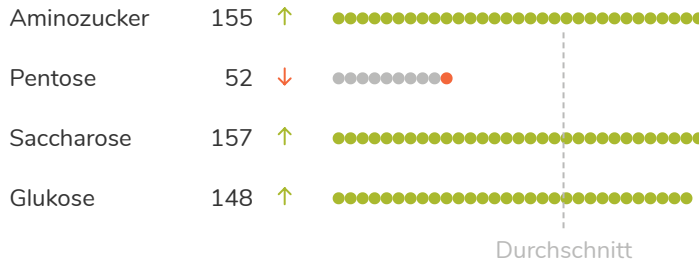
Erklärung

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

Assoziationen

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

Zuckerstoffwechsel

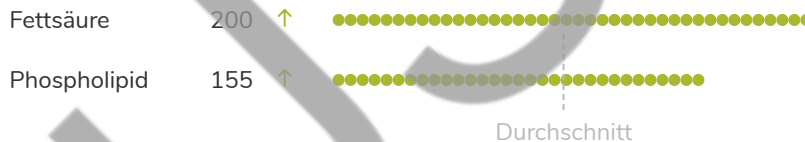


Erklärung

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

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

Fettstoffwechsel



Erklärung

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

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

Gesundheit

Entzündung


Verbesserbar!


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

Erklärung











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

Antiinflammatorische, also entzündungshemmende, Bakterien wirken sich schützend auf dein Mikrobiom aus.
160,161,162,163

Risikofaktoren

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

Assoziationen

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

Darmschleimhaut



Hervorragend!



Weiter so!

Erklärung

Die Darmschleimhaut gilt als Barriere und Schutzschicht vor Schadstoffen. Zusätzlich dient sie zur Aufnahme von Flüssigkeiten und Nährstoffen. Deine Bakterien bestimmen wie viel vom Schleim angeregt oder zersetzt wird. Der Schleim sorgt dafür, dass deine Darmbakterien genügend Abstand zur Schleimhaut halten, um die ansässigen Immunzellen nicht permanent zu reizen und so einen entzündlichen Prozess auszulösen. Regenerierende Bakterien helfen die Darmschleimwand intakt zu halten und Darmentzündungen zu vermindern. Wenn deine Bakterien in einem Ungleichgewicht sind, kann es zu einem vermehrten Abbau des Schleims kommen, was eine Reduktion dieser wichtigen Schutzschicht zur Folge hat. Eine Störungsart dieser Darmbarriere nennt sich "Leaky Gut". Bei einem "löchrigen Darm" werden die Verbindungen, sogenannte "tight junctions", zwischen den Schleimhautzellen gelockert. Dadurch entstehen ungewollte Zwischenräume, die es erlauben, dass Giftstoffe die Darmbarriere überwinden und somit in den Blutkreislauf eindringen können.

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

Risikofaktoren

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

Assoziationen

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

Reizdarmsyndrom


Verbesserbar!


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

Erklärung

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

Risikofaktoren

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

Assoziationen

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

Darm-Hirn-Achse


Hervorragend!


Weiter so!

Erklärung

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

Risikofaktoren

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

Assoziationen

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

Darm-Herz-Achse


Verbesserbar!


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

Erklärung

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

Risikofaktoren

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

Assoziationen

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

Darm-Leber-Achse



Verbesserbar!



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














Erklärung

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

Risikofaktoren

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

Assoziationen

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

Darm-Haut-Achse


Verbesserbar!


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

Erklärung

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

Risikofaktoren

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

Assoziationen

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

Insulinhaushalt



Hervorragend!



Weiter so!

Erklärung

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

Risikofaktoren

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

Assoziationen

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

Gelenksgesundheit


Verbesserbar!


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

Erklärung

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

Risikofaktoren

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

Assoziationen

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

Verbesserungsvorschläge

Persönliche Empfehlungen

Hier befinden sich deine persönlichen Vorschläge

MUSTER

Allgemeine Empfehlungen

Hier befinden sich die allgemeinen Empfehlungen

MUSTER

Bakterienliste

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

Phylum	Gattung	Abundanz (%)	Referenz (%)
Actinobacteriota	Bifidobacterium	0,22	0,02 - 0,74
Actinobacteriota	Olsenella	0,18 ↑	0,00 - 0,00
Actinobacteriota	Collinsella	0,20	0,02 - 0,28
Bacteroidota	Bacteroides	0,83 ↓	12,52 - 31,24
Bacteroidota	Barnesiella	0,04 ↓	0,14 - 2,04
Bacteroidota	Coprobacter	0,01	0,00 - 0,28
Bacteroidota	Butyricimonas	0,02	0,00 - 0,22
Bacteroidota	Odoribacter	0,07 ↓	0,12 - 0,44
Bacteroidota	Prevotella	48,07 ↑	0,00 - 10,38
Bacteroidota	Alistipes	0,30 ↓	1,56 - 5,44
Bacteroidota	Parabacteroides	0,28 ↓	1,00 - 3,48
Desulfobacterota	Bilophila	0,07	0,04 - 0,34
Firmicutes	Asteroleplasma	0,00 ↑	0,00 - 0,00
Firmicutes	Erysipelatoclostridium	0,01	0,00 - 0,06
Firmicutes	Erysipelotrichaceae UCG-003	0,02 ↓	0,02 - 0,38
Firmicutes	Holdemanella	0,20 ↑	0,00 - 0,06
Firmicutes	Holdemania	0,02	0,00 - 0,06
Firmicutes	Turicibacter	0,11 ↑	0,00 - 0,06
Firmicutes	Lactobacillus	0,27 ↑	0,00 - 0,00
Firmicutes	Streptococcus	0,08	0,02 - 0,24
Firmicutes	Christensenellaceae R-7 group	0,09	0,04 - 1,58
Firmicutes	Anaerostipes	0,06	0,02 - 0,30
Firmicutes	CAG-56	0,03 ↑	0,00 - 0,00
Firmicutes	Coprococcus	0,42	0,04 - 1,68
Firmicutes	GCA-900066575	0,09 ↑	0,00 - 0,08
Firmicutes	Howardella	0,03 ↑	0,00 - 0,00
Firmicutes	Lachnoclostridium	0,49	0,12 - 0,72
Firmicutes	Lachnospira	2,82 ↑	0,00 - 1,84
Firmicutes	Lachnospiraceae FCS020 group	1,24 ↑	0,02 - 0,30

Über den Test

Über myBioma

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

Die myBioma Darm-Mikrobiom-Analyse ist das Lifestyle Produkt der Firma Biome Diagnostics GmbH, welche mittels modernster Methoden, intelligenter Algorithmen und den neuesten wissenschaftlichen Publikationen den myBioma Mikrobiombericht erstellt. Die myBioma Analyse ist weltweit das einzig doppelt zertifizierte Produkt nach ISO 13485 und ISO 9001 im Mikrobiombereich, was für die Qualität der Analyse spricht. Um die Sicherheit des Produktes zu bewerkstelligen, besitzt Biome Diagnostics GmbH ein Qualitätsmanagementsystem, welches die relevanten Anforderungen erfüllt und Prozesse so weit optimiert, dass Risiken und Fehler vermieden bzw. so gut wie möglich minimiert werden. Die ISO 13485 regelt die Anforderungen an Qualitätsmanagementsysteme für Produzenten von Medizinprodukten, somit werden die hohen Standards an Entwicklung, Herstellung und Inverkehrbringen von Medizinprodukten sichergestellt. Die ISO 9001 gewährleistet zusätzlich, dass kontinuierliche Verbesserungen der Produkte sowie Maßnahmen zur Produktsicherung vorgenommen werden.

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

Methoden & Einschränkungen

Bei der myBioma Mikrobiom-Analyse wird aus der Stuhlprobe die bakterielle DNA extrahiert, ein 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. Biome Diagnostics analysiert die einzelnen DNA-Basenpaare von Darmbakterien, was die Identifizierung von kultivierbaren als auch nicht-kultivierbare Bakterien ermöglicht. Die Sequenzdaten werden unter Verwendung eines eigenen phylogenetischen Analysealgorithmus verarbeitet. Diese Analyse führt zur Identifizierung deines bakteriellen Darm-Mikrobioms.

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

Literaturverzeichnis

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