

Proben ID

Labor

Entnahme

Probennahme

Medizinische Universität  
Wien

Copan FecalSwab

26. Juni 2019

Eingelangt

27. Juni 2019

Material

Stuhl

Analysiert

9. Juli 2019

## Dein persönlicher Mikrobiombericht

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

Mikrobielle  
Zusammensetzung**Hervorragend!**Ernährung und  
Nahrungsverwertung**Hervorragend!**

Gesundheit

**Verbesserbar!**

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

Deine persönlichen Verbesserungsvorschläge findest du auf Seite 35.

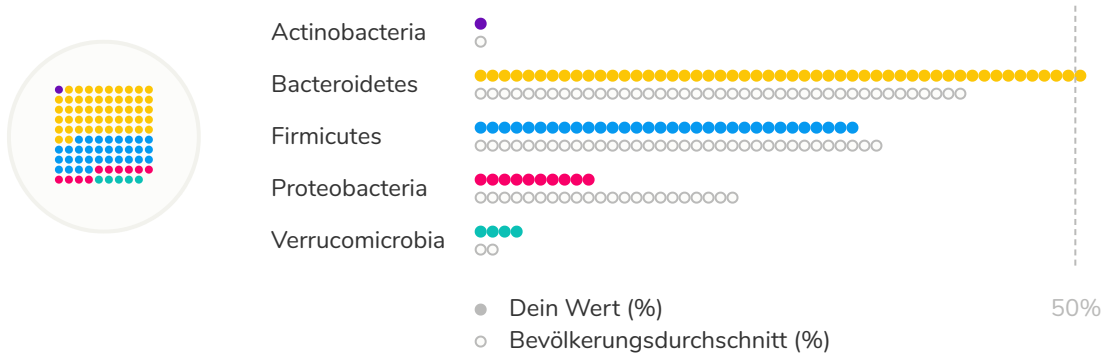
**Bitte beachte:** Der Nachweis eines Mikroorganismus durch diesen Test bedeutet nicht, dass es sich um eine Krankheit handelt. In ähnlicher Weise schließt ein Nichtnachweis eines Mikroorganismus durch diesen Test das Vorhandensein eines krankheitsverursachenden Mikroorganismus nicht aus. Auch können andere Organismen vorhanden sein, die durch diesen Test nicht nachgewiesen werden. Dieser Test ist kein Ersatz für etablierte Methoden zur Identifizierung von Mikroorganismen oder ihres antimikrobiellen Empfindlichkeitsprofils. Die bei den Gesundheitszuständen beschriebenen Bakterien und Ergebnisse geben lediglich eine Indikation von eventuellen Problemen. Es ist keine Diagnose und kann auch nicht als solche in Betracht bezogen werden.

# Inhaltsverzeichnis

	<b>Mikrobielle Zusammensetzung .....</b>	<b>3</b>
Finde heraus, wie	Übersicht aller Bakterien .....	3
unterschiedlich und	Artenreichtum .....	4
einzigartig dein Mikrobiom	Diversität .....	5
ist.	Artengleichheit .....	6
	Probiotische Bakterien .....	7
	<b>Ernährung und Nahrungsverwertung .....</b>	<b>8</b>
Finde heraus, welche	Enterotyp .....	8
Auswirkungen deine	Kalorienaufnahme .....	9
Darmbakterien auf deine	Zuckerstoffwechsel .....	10
Nahrungsaufnahme haben.	Fettstoffwechsel .....	11
	Vitaminstoffwechsel .....	12
	Proteinstoffwechsel .....	13
	<b>Gesundheit .....</b>	<b>14</b>
Finde heraus, mit welchen	Bauchschmerzen .....	14
Gesundheitszuständen deine	Blähungen und Blähbauch .....	15
Bakterien assoziiert werden	Verstopfung .....	16
können.	Durchfall .....	17
	Darmschleimhaut .....	18
	Reizdarmsyndrom .....	20
	Darm-Hirn-Achse .....	22
	Darm-Herz-Achse .....	24
	Darm-Leber-Achse .....	25
	Darm-Haut-Achse .....	27
	Metabolisches Syndrom .....	28
	Insulinhaushalt .....	30
	Nierensteine .....	32
	Gallensteine .....	33
	Gelenkgesundheit .....	34
	<b>Verbesserungsvorschläge .....</b>	<b>35</b>
	<b>Über den Test .....</b>	<b>43</b>
	<b>Literaturverzeichnis .....</b>	<b>44</b>

## Mikrobielle Zusammensetzung

### Übersicht aller Bakterien



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

### Erklärung

Im menschlichen Darm dominieren fünf Bakterienstämme - *Actinobacteria*, *Bacteroidetes*, *Firmicutes*, *Proteobacteria* und *Verrucomicrobia*.

Diese komplizierten Namen beschreiben die Taxonomie (=Einteilung) der Bakterienstämme. Je weiter du deinen Bericht durchstöberst, umso besser wird dein Verständnis dafür am Ende sein.

Hier haben wir die Zusammensetzung deiner Darm-Bakterien den Durchschnittswerten der Bevölkerung gegenübergestellt. Da dein Mikrobiom einzigartig ist, ist es normal, wenn deine Werte vom Durchschnitt abweichen.<sup>7,8</sup>

### Detailinformationen

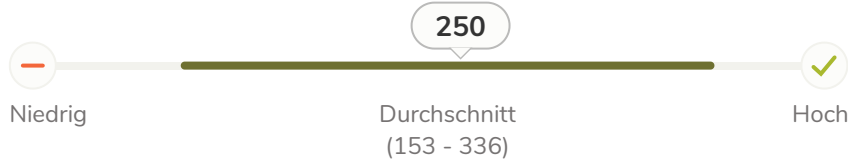
Abteilung	Du (%)	Bevölkerung (%)
Actinobacteria	0,00	0,01
Bacteroidetes	0,51	0,41
Firmicutes	0,32	0,34
Proteobacteria	0,10	0,22
Verrucomicrobia	0,04	0,02

## Artenreichtum



**Hervorragend!**

Anzahl an unterschiedlichen Bakterienarten



Die Anzahl der Bakterien in deinem Darm beträgt **250**. Damit ist die mikrobielle Artenvielfalt in deinem Darm hoch. Das bedeutet, dass dich dein Mikrobiom sehr gut darin unterstützt, das Risiko für Krankheiten zu senken. Eine ausgewogene Ernährung trägt dazu bei, dass sich viele verschiedene Bakterien bei dir wohlfühlen.

### Erklärung

Artenreichtum ist die Anzahl aller unterschiedlichen Arten von Bakterien in deinem Darm. In einem diverseren 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.<sup>9,10</sup>

## 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. Der Artenreichtum beschreibt wie viele unterschiedliche Bakterienarten in deinem Darm sind. Die Diversität zeigt zusätzlich auf, ob die unterschiedlichen Bakterienarten gleichmäßig im Darm vorkommen oder ob einige Bakterienarten dominieren. 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. <sup>6,10,11,12,13</sup>

### Risikofaktoren

Das persönliche Mikrobiom ist durch verschiedene Umwelteinflüsse, wie unter anderem Antibiotikaeinnahme, Infektionen, Auslandsaufenthalte, einseitige Ernährung oder Rauchen, individuell geprägt. Auch zunehmendes Alter bildet einen dieser Faktoren, die die Artenvielfalt und Diversität beeinflussen.

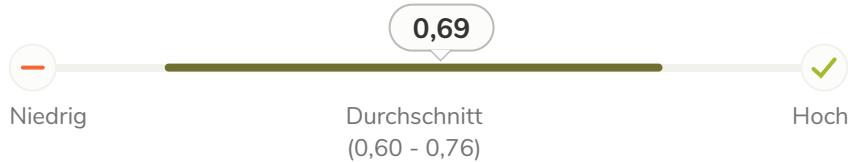
**i** Eine abwechslungsreiche Ernährung mit **vielen Ballaststoffen** fördert die Bakterienvielfalt. Vollkornprodukte, Naturreis, Obst und Gemüse enthalten viele Ballaststoffe. Erfahre mehr bei deinen Verbesserungsvorschlägen.

## Artengleichheit



### Hervorragend!

Pielou Index (= Ausgewogenheit deines Mikrobioms)



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

### Erklärung

Äquität, auch Artengleichheit genannt, ist ein weiteres Maß, um die Biodiversität deiner Darmbakterien zu charakterisieren. Sie drückt aus, wie häufig eine Bakterienart im Vergleich zu den anderen Bakterien in deinem Darm vorkommen. Je höher die Äquität, desto ausgewogener sind die unterschiedlichen Bakterien zwischen den Arten verteilt. Wenn beispielsweise in deinem Mikrobiom nur zwei Arten vorkommen, *Lactobacillus* und *Enterococcus*, dann wäre bei 2% *Lactobacilli* und 98% *Enterococci* nur eine geringe Äquität gegeben. Wenn aber 50% *Lactobacilli* und 50% *Enterococci* vorhanden sind, wäre die Artengleichheit sehr hoch.<sup>7,8</sup>

### Risikofaktoren

Genauso wie die Diversität wird die Artengleichheit durch verschiedene Umwelteinflüsse, insbesondere Infektionen, Antibiotikaeinnahme und einseitige Ernährung beeinflusst.

## 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 gängigen Nahrungsmitteln oder probiotischen Nahrungsergänzungsmitteln. Da es wichtig ist, immer im Hinterkopf zu behalten, dass dein Mikrobiom einzigartig ist, gilt es auch hier zu beachten, dass die Häufigkeit der einzelnen Bakterien nicht unbedingt mit negativen Auswirkungen auf deine Gesundheit in Zusammenhang stehen müssen. So vielfältig die Natur ist, gibt es durchaus auch gesunde Menschen, in deren Darm sich wenige probiotischen Bakterien nachweisen lassen.

### Detailinformationen

Bakterium	Dein Ergebnis	Nahrungsmittel, die das probiotische Bakterium enthalten
✓ Bifidobacterium 14 15 16 17 18 19 20	Normal	Naturjoghurt, Kefir
✓ Enterococcus 25 26	Normal	Mozzarella, Camembert, Ziegenkäse, grüne Oliven, Hirseprodukte
✓ Lactobacillus 21 22 23 24	Normal	Naturjoghurt, Käse, Kefir, Kombucha, Sauerkraut, Sauerteigbrot, Gewürzgurken, Oliven
✓ Lactococcus 26	Normal	Buttermilch, Kefir, Käse
✓ Streptococcus 24 26	Normal	Naturjoghurt, Kefir, Käse

**i** Die wissenschaftliche Lage zu probiotischen Bakterien ist noch nicht vollständig geklärt, daher ist eine generelle Empfehlung zur Einnahme von probiotischen Nahrungsergänzungsmitteln momentan nicht möglich. Jedoch können jene durch Ernährung oder auch Nahrungsergänzungsmitteln zugeführt werden.

# Ernährung und Nahrungsverwertung

## Enterotyp



### Enterotyp 1

Dieser Enterotyp kommt besonders häufig bei westlichen Fleischessern vor. Es dominiert die Bakteriengattung *Bacteroides*. Dieser hat sich auf die Energiegewinnung aus Mehrfachzuckern, tierischen Eiweißen und gesättigten Fettsäuren spezialisiert. Zusätzlich produzieren diese Bakterien vor allem die Vitamine B2 (Riboflavin), B5 (Pantothensäure), B7 (Biotin) und Vitamin C. Bei dir sind vor allem die Stoffwechselwege Glykolyse und Pentosephosphatweg sehr gut ausgeprägt. Daher gewinnt der Körper seine Energie hauptsächlich von Kohlenhydraten und Proteinen.

## Erklärung

Obwohl dein Mikrobiom so individuell wie dein Fingerabdruck ist, lässt es sich dennoch grob in ein Basis-Mikrobiom, den sogenannten Enterotypen, untergliedern. Der Enterotyp entwickelt sich während der ersten Lebensjahre. Er ist unabhängig von dem Geschlecht, fortschreitendem Alter oder geographischer Herkunft. Dein Enterotyp hängt vor allem mit deiner Genetik und deinen Essgewohnheiten zusammen. In jedem Enterotyp dominiert ein anderer Bakterienstamm. Der Enterotyp hat Auswirkungen auf die Energiegewinnung aus der Nahrung und auch auf die Produktion von Vitaminen.<sup>49,50,51,52</sup>

Man unterscheidet zwischen drei Enterotypen:



### Enterotyp 1

= Vor allem bei Menschen, die oft Fleisch essen: *Bacteriodes*<sup>49,50,51</sup>



### Enterotyp 2

= Vor allem bei Menschen, die sich vegan oder vegetarisch ernähren: *Prevotella*<sup>49,50,53,96</sup>



### Enterotyp 3

= Vor allem bei Menschen, die sich gerne ausgewogen ernähren: *Ruminococcus*<sup>49,51</sup>

## Detailinformationen

Bakterientyp	Verhältnis
Bacteroides	1,4 x
Prevotella	0,0 x
Ruminococcus	1,1 x



## Kalorienaufnahme



### Hervorragend!

Verhältnis Firmicutes zu Bacteroidetes



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

### Erklärung

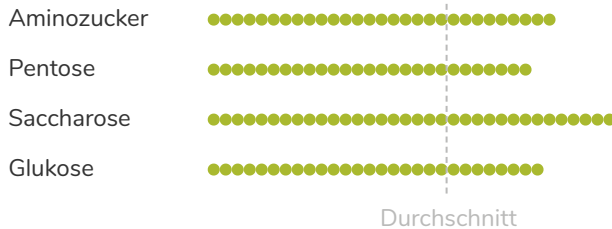
*Firmicutes* und *Bacteroidetes* sind die häufigsten Vertreter der Dickdarmbakterien. *Firmicutes* können nicht verdauliche Ballaststoffe spalten und speichern jene für „schlechte Zeiten“. Dadurch steht dem Körper mehr Energie zur Verfügung. Die Anzahl an *Bacteroidetes* steigt sobald das Gewicht wieder 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.  
50,54,67,137

**i** Du kannst die Anzahl an *Bacteroidetes* durch deine Nahrungsaufnahme verändern. *Bacteroidetes* bevorzugen z.B. ballaststoffreiche Kost, wie Leinsamen, Hülsenfrüchte und Vollkornprodukte.

## Zuckerstoffwechsel



### Überdurchschnittlich gut!



Dein Mikrobiom unterstützt dich überdurchschnittlich gut bei der Verwertung von Zucker.

### Erklärung

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

1. Zucker, wie zum Beispiel in Kristallzucker und Fruchtsäfte
2. Stärke, wie zum Beispiel in Reis und Getreide
3. Ballaststoffe, wie zum Beispiel in Gemüse und Nüssen. Eigentlich können wir Menschen keine Ballaststoffe verdauen, jedoch fördern sie dein Mikrobiom.

Die ersten beiden Kategorien – Zucker und Stärke – werden im Darm gespalten und aufgenommen. Aminosucker, Pentose, Saccharose und Glucose zählen zu den ersten beiden Kategorien. Dein Körper bezieht seine Energie durch die Verbrennung dieser Zuckermoleküle. Diese Energie kann auch in Fett umgewandelt werden und wird so für den späteren Gebrauch gespeichert.<sup>27,28,29</sup>

### Mikrobiom

Darmbakterien können zum Teil selbst diese Kohlenhydrate verwerten und beeinflussen auch wie viel Zucker du aufnimmst.

Diese prädiktive Funktionsanalyse der Darmbakterien verrät dir, wie die Aufgabenteilung bezüglich Verwertung von Zucker von deinen Darmbakterien ausgeführt wird. Als Referenz für diese Werte werden die Profilwerte der Bevölkerung (=100%) herangezogen.

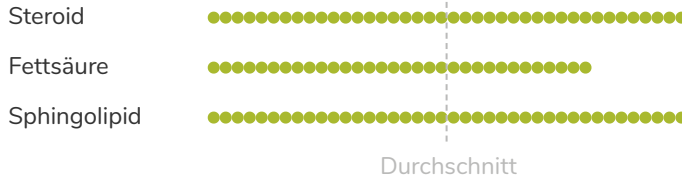
### Detailinformationen

Zucker	Dein Wert (%)
Aminosucker	145 ↑
Pentose	137 ↑
Saccharose	171 ↑
Glukose	141 ↑

## Fettstoffwechsel



### Überdurchschnittlich gut!



Dein Mikrobiom unterstützt dich überdurchschnittlich gut bei der Verwertung von Fetten.

### Erklärung

Der Fettstoffwechsel umfasst alle Prozesse, die am Abbau von Nahrungsfetten und am Aufbau von Fettsäuren im Darm beteiligt sind. Wichtige Bestandteile wie Triglyceride, Cholesterin und andere Fettsäuren werden von deinem Körper über deine Nahrung aufgenommen. <sup>27,28,29</sup>

### Mikrobiom

Steroide, Fettsäuren und Sphingolipide sind wichtige Vertreter von Fetten und werden von den Darmbakterien verarbeitet und weiterverwertet. Diese dienen als Energielieferanten, sind wichtig für dein Gehirn und Nervensystem, Zellbausteine und Grundlage für die Herstellung von Hormonen.

Diese prädiktive Funktionsanalyse der Darmbakterien verrät dir, wie die Aufgabenteilung bezüglich der Verwertung und Weiterverarbeitung von Fetten von deinen Darmbakterien ausgeführt wird. Als Referenz für diese Werte werden die Profilwerte der Bevölkerung (=100%) herangezogen.

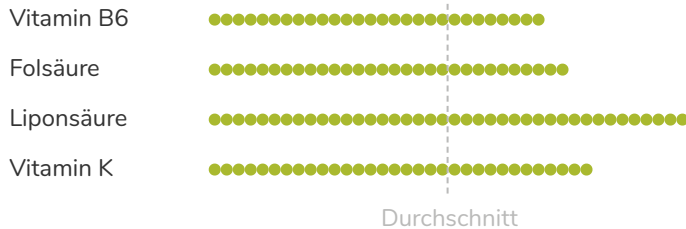
### Detailinformationen

Fett	Dein Wert (%)
Steroid	200 ↑
Fettsäure	162 ↑
Sphingolipid	200 ↑

## Vitaminstoffwechsel



### Überdurchschnittlich gut!



Dein Mikrobiom unterstützt dich überdurchschnittlich gut bei der Produktion von Vitaminen.

### Erklärung

Vitamine sind lebensnotwendige Substanzen und für die Energieproduktion, Immunfunktion, Blutgerinnung und andere Funktionen notwendig. Mineralien, die gemeinsam mit Vitaminen zu den Mikronährstoffen gehören, spielen eine wichtige Rolle für das Wachstum, die Knochengesundheit, den Flüssigkeitshaushalt und verschiedene andere Prozesse. Der Körper kann die meisten Mikronährstoffe selbst nicht produzieren. Daher müssen jene regelmäßig mit der Nahrung aufgenommen werden.<sup>27,28,29</sup>

### Mikrobiom

Einige Bakterien können selbst Vitamine herstellen. Sie produzieren unter anderem Vitamin B6, Vitamin K, Liponsäure und Folsäure, in geringen Mengen.

Diese prädiktive Funktionsanalyse der Darmbakterien verrät dir, wie die Aufgabenteilung bezüglich der Verwertung und Herstellung von Vitaminen von deinen Darmbakterien ausgeführt wird. Als Referenz für diese Werte werden die Profilwerte der Bevölkerung (=100%) herangezogen.

### Detailinformationen

Vitamin	Dein Wert (%)
Vitamin B6	142 ↑
Folsäure	148 ↑
Liponsäure	200 ↑
Vitamin K	159 ↑

## Proteinstoffwechsel



### Überdurchschnittlich gut!



Dein Mikrobiom unterstützt dich überdurchschnittlich gut bei der der Verwertung von Proteinen.

### Erklärung

Proteine - auch Eiweiße genannt – erledigen die meiste Arbeit in der Zelle und viele weitere verschiedene Aufgaben. Beispiele hierfür sind Wachstum und Aufrechterhaltung von Gewebe, Bildung von Enzymen und Hormonen, Regulierung der Konzentration von Säuren und Basen in deinem Blut und anderen Körperflüssigkeiten, und Bildung von Antikörper in deinem Immunsystem, um Infektionen zu bekämpfen. Ebenso besitzen Proteine eine Speicherfunktion (z.B. Ferritin, das Eisen speichert) und sie können deinen Körper mit Energie versorgen. Wichtige Proteinbausteine (=Aminosäuren) sind Phenylalanin, Arginin und Glutamin. <sup>27,28,29</sup>

### Mikrobiom

Deine Darmbakterien wirken an der richtigen Verstoffwechslung von Proteinen mit und helfen so, die zuvor beschriebenen Prozesse reibungslos am Laufen zu halten. Diese prädiktive Funktionsanalyse der Darmbakterien verrät dir, wie die Aufgabenteilung bezüglich der Verwertung und Weiterverarbeitung von Proteinen und deren Bausteinen von deinen Darmbakterien ausgeführt wird. Als Referenz für diese Werte werden die Profilwerte der Bevölkerung (=100%) herangezogen.

### Detailinformationen

Protein	Dein Wert (%)
Phenylalanin	147 ↑
Arginin	149 ↑
Glutamin	155 ↑

# Gesundheit

## Bauchschmerzen

● ● ● ● ● ✓ sehr gut  
● ● ● ● ● – verbesserbar

Hierbei handelt es sich um ein Symptom. Aus medizinischer und wissenschaftlicher Perspektive ist es momentan nicht möglich, zwischen kurzfristigen Beschwerden und langwierigen Symptomen mittels Mikrobiomanalyse zu unterscheiden. Daher können wir hier keine Gesamtbeurteilung geben.

### Erklärung

In der Medizin werden Symptome als alle Zeichen zusammengefasst, die in Zusammenhang mit einer Krankheit auftreten und von einer Person selbst oder auch von einem Arzt wahrnehmbar sind. Manche Symptome können nur kurzfristig auftreten, wie z.B. bei einer kleinen Darmverstimmung. Andere wiederum können sehr langwierig sein und deuten häufig auf Krankheiten hin.

Eines der häufigsten und auch unspezifischsten Symptomen sind Bauchschmerzen. Diese können ganz unterschiedlich sein, wie z.B. dumpf, stechend oder krampfartig empfunden werden, sowie diffus oder fokal, oder akut oder chronisch. Ebenso können chronische Bauchschmerzen als Indikator für einen gereizten Darm (Reizdarmsyndrom) gelten. Akute Bauchschmerzen werden, gegenteilig dazu, in den meisten Fällen durch Infektionen verursacht. Einige Bakterien sind mit Bauchschmerzen assoziiert.<sup>154</sup>

### Assoziationen

Damit assoziierte Bakterien	Dein Ergebnis	Davor schützende Bakterien	Dein Ergebnis
✓ Bifidobacterium 120 154 168	Normal	✓ Akkermansia muciniphila 91	Normal
✓ Blautia 154	Normal	✓ Prevotella 154	Normal
✓ Streptococcus 154	Normal		

**i** Pfefferminze: Das in der Minze enthaltene Menthol unterstützt dich dabei, Muskelkrämpfe in deinem Darm, sowie Schmerzen zu reduzieren.

## Blähungen und Blähbauch

● ● ● ● ● ✓ sehr gut  
● ● ● ● ● – verbesserbar

Hierbei handelt es sich um ein Symptom. Aus medizinischer und wissenschaftlicher Perspektive ist es momentan nicht möglich, zwischen kurzfristigen Beschwerden und langwierigen Symptomen mittels Mikrobiomanalyse zu unterscheiden. Daher können wir hier keine Gesamtbeurteilung geben.

### Erklärung

Blähungen und ein Blähbauch sind Symptome. Sie treten auf, wenn sich zu viel Gas im Darm befindet, das bei der Gärung von Nahrungsbestandteilen und durch die Stoffwechselprozesse deiner Darmbakterien entsteht. Man spricht von Blähungen (=Flatulenzen), sobald jene Gase über den Anus austreten. Diese können mitunter stark riechen. Ein Blähbauch (=Meteorismus) tritt dann auch, wenn die Gase nicht über den Anus als Winde entweichen können. Ein Blähbauch kann starke Bauchschmerzen verursachen und der Bauch bläht sich auf.  
156,157,158

### Ursachen

Häufig werden beide Symptome von hastigen Ess- und Ernährungsgewohnheiten ausgelöst. Hierbei wird zusätzlich viel Luft geschluckt. Weitere Ursachen sind falsche Ernährung, psychische Faktoren, Hormone (während der Menstruation & Schwangerschaft), sowie das Reizdarmsyndrom. Sehr üppiges, fettiges oder süßes Essen und übermäßiger Kaffee- und Alkoholkonsum können die Entstehung von Blähungen und dein Mikrobiom maßgeblich beeinflussen. Auch Zuckeraustauschstoffe wie Sorbit oder Xylit, die in vielen Diät-, Light- und zuckerfreien Produkten enthalten sind, können diese Symptome fördern. Einige Bakterien sind mit Blähungen bzw einem Blähbauch assoziiert.

### Assoziationen

Damit assoziierte Bakterien	Dein Ergebnis	Davor schützende Bakterien	Dein Ergebnis
✓ Blautia 99 121	Normal	✓ Oscillospira 121	Hoch
✓ Coprococcus 121	Normal		
✓ Desulfovibrio 99 118	Normal		
✓ Phascolarctobacterium 121	Normal		

**i** Ingwer enthält ätherische Öl und Bitterstoffe. Diese regen die Verdauungstätigkeit in Magen und Darm an. Das kann helfen, um angestaute Luft im Darm entweichen zu lassen.

## Verstopfung

● ● ● ● ● ● ● ● ● ✓ sehr gut  
● ● ● ● ● ● ● ● ● - verbesserbar

Hierbei handelt es sich um ein Symptom. Aus medizinischer und wissenschaftlicher Perspektive ist es momentan nicht möglich, zwischen kurzfristigen Beschwerden und langwierigen Symptomen mittels Mikrobiomanalyse zu unterscheiden. Daher können wir hier keine Gesamtbeurteilung geben.

### Erklärung

Verstopfung zählt auch zu den Symptomen. Zusätzlich wird Verstopfung bereits als Zivilisationskrankheit bezeichnet und zählt zu den häufigsten Beschwerden in den Industrieländern. Von einer Verstopfung ist die Rede, wenn du seltener als drei Mal die Woche Stuhlgang hast. Unterschieden wird zwischen einer akuten und chronischen Verstopfung. Größtenteils sind Verstopfungen als harmlos anzusehen. Sie können jedoch auch Symptom anderer Erkrankungen (z.B. Reizdarmsyndrom, Darmträgheit, Veränderungen oder Störungen im Enddarm) sein.<sup>124</sup>

### Ursachen

Oft liegen die Ursachen einer Verstopfung (=Obstipation) in deiner täglichen Bewegungsaktivität, deiner Ernährung oder deiner Flüssigkeitszufuhr. Einige Bakterien können mit Verstopfungen assoziiert werden.

### Assoziationen

Damit assoziierte Bakterien	Dein Ergebnis	Davor schützende Bakterien	Dein Ergebnis
✓ Butyricimonas 32	Normal	✓ Faecalibacterium prausnitzii 32 102 122	Normal
✓ Coprococcus 32 122	Normal	✓ Lactococcus 32	Normal
✓ Phascolarctobacterium 32	Normal	✗ Roseburia 32 104 122	Niedrig
✓ Ruminococcus 101 104 123	Normal		
✓ Veillonella 18	Normal		

**i** Feigen enthalten Laxantien, die dabei helfen, Verstopfungen zu lösen und so eine gesunde Verdauung anregen.



## Durchfall

● ● ● ● ● ● ● ● ● ● ✓ sehr gut  
● ● ● ● ● ● ● ● ● ● - verbesserbar

Hierbei handelt es sich um ein Symptom. Aus medizinischer und wissenschaftlicher Perspektive ist es momentan nicht möglich, zwischen kurzfristigen Beschwerden und langwierigen Symptomen mittels Mikrobiomanalyse zu unterscheiden. Daher können wir hier keine Gesamtbeurteilung geben.

## Erklärung

Durchfall ist ein häufiges Symptom und wird von der Stuhlfrequenz und Stuhlbeschaffenheit bestimmt. Man spricht bei Erwachsenen von Durchfall, wenn der Stuhlgang mehr als dreimal täglich auftritt. Dabei muss die Konsistenz flüssig sein und von einem heftigen Stuhldrang begleitet werden. Durchfallserkrankungen werden meist von Erbrechen, Übelkeit und Appetitlosigkeit begleitet. Man unterscheidet zwischen einem akuten und einem chronischen Durchfall.<sup>33</sup>

## Ursachen

Ursachen für akute Durchfallserkrankungen sind häufig Magen-Darm-Infekte, verderbliche Lebensmittel oder Unverträglichkeiten. Chronische Durchfallserkrankungen können oft in Zusammenhang mit einem Reizdarmsyndrom, Nahrungsmittel-Intoleranzen oder Stoffwechselerkrankungen stehen. Auch Stress kann eine Ursache für Durchfall sein. Einige Bakterien können mit Durchfall assoziiert werden.

## Assoziationen

Damit assoziierte Bakterien	Dein Ergebnis	Davor schützende Bakterien	Dein Ergebnis
<span style="color: red;">-</span> Bacteroides fragilis 30 31 35 101	Hoch	<span style="color: green;">✓</span> Collinsella 104 105	Normal
<span style="color: green;">✓</span> Eggerthella 101 201	Normal	<span style="color: green;">✓</span> Faecalibacterium prausnitzii 308	Normal
<span style="color: green;">✓</span> Parabacteroides 35 101	Normal	<span style="color: green;">✓</span> Lactobacillus 104 307	Normal
<span style="color: green;">✓</span> Prevotella 35 101	Normal		
<span style="color: green;">✓</span> Slackia 101	Normal		
<span style="color: green;">✓</span> Streptococcus 101 104	Normal		

**i** Die Schleimstoffe in den Schalen von Flohsamen können viel Wasser binden und können so als Quellmittel dienen. Sie vergrößern das Stuhlvolumen wodurch mehr Druck auf die Darmwand ausgeübt wird, dass wiederum die Darmperistaltik anregt.

## Darmschleimhaut



**Gut, leicht besserbar!**



Deine Darmbakterien unterstützen deine Darmschleimhaut. Mit kleinen Verbesserungen können deine Darmbakterien noch effizienter bei der Regenerierung der Darmschleimhaut helfen. Erfahre mehr bei deinen Verbesserungsvorschlägen.

### Erklärung

Der Schleim der Darmschleimhaut dient als Schutzschicht. Die Produktion sowie die Zersetzung des Schleims werden von deinen Bakterien angeregt. 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 und die Barrierefunktion zu stören. 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 der Darmbarriere nennt sich "Leaky Gut". Bei einem „löchrigen Darm“ werden die Verbindungen, sogenannte tight junctions, zwischen den Schleimhautzellen in deinem Dünndarm gelockert. Dadurch entstehen ungewollte Zwischenräume, die es erlauben, dass eine geringe Menge an Giftstoffen deine Darmbarriere überwinden und somit in deinen Blutkreislauf eindringen können.<sup>89,90,167</sup>

### Risikofaktoren

Zu den Auslösern von Leaky Gut zählen Infektionen, Medikamente, chronische Entzündungen, Verzehr von Giftstoffen (z.B.: Rauchen, Alkohol, zuckerreiches Essen, sowie eine veränderte Zusammensetzung der Gallensäuren).

## Assoziationen

Mit Leaky Gut assoziierte Bakterien	Dein Ergebnis	Regenerierende Bakterien	Dein Ergebnis
 Collinsella 191	Normal	 Akkermansia muciniphila 61 91 97	Normal
 Pseudomonas 86 167	<b>Hoch</b>	 Bifidobacterium bifidum 92 93 94	<b>Hoch</b>
 Salmonella enterica 41 42	Normal	 Catenibacterium 50	Normal
 Sutterella 87 177	<b>Hoch</b>	 Faecalibacterium prausnitzii 34 36 49	Normal
		 Prevotella 49 96	Normal
		 Roseburia 173 174	<b>Niedrig</b>
		 Ruminococcus gnavus 97 98	Normal

**i** Die wichtigste Maßnahme für eine gesunde Darmschleimhaut ist eine ausgewogene Ernährung. Deine Ernährung sollte reich an gesunden Fettsäuren, Ballaststoffen, Vitaminen und Mineralstoffen sein, diese helfen deinen Darm zu beruhigen und Entzündungen zu stoppen.

## Reizdarmsyndrom


**Hervorragend!**


Die Bakterien, die mit einem Reizdarmsyndrom assoziiert werden, sind bei dir im grünen Bereich.

### Erklärung

Das Reizdarmsyndrom ist eine funktionelle Störung des Verdauungssystems. Auch wenn diese Störung nicht lebensgefährlich ist, mindert sie oft die Lebensqualität. Dies äußert sich oft durch Verstopfung, Durchfall und Schmerzen. Gründe dafür können Probleme in der Verdauung und Absorption (z.B. Probleme mit der Gallensäure), eine gestörte Schutzbarriere deiner Darmschleimhaut (intestinale Permeabilität), dein Mikrobiom, Immunmodulationen und Entzündungen, sowie dein Nervensystem sein. In deinem Darm befindet sich ein sogenanntes „zweites Gehirn“, das enterische Nervensystem, das über die Darm-Hirn-Achse in ständiger Kommunikation mit deinem Kopf steht. Bist du nun gestresst, regt dies eine Reihe verschiedener Kreisläufe an, die über die Darm-Hirn-Achse kommuniziert werden. So hat dein Mikrobiom durch Immunveränderungen bedingt durch Darmschleimhautschäden und Bakteriendysbalancen, erheblichen Einfluss auf die Entstehung entzündlicher Prozesse in deinem Darm. <sup>101,171</sup>

### Risikofaktoren

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

## Assoziationen

Damit assoziierte Bakterien	Dein Ergebnis	Davor schützende Bakterien	Dein Ergebnis
✓ Blautia 101 201	Normal	✓ Akkermansia muciniphila 91 178	Normal
✓ Coprococcus 100 310	Normal	✓ Bifidobacterium 100 102 104 108 168 309	Normal
✓ Dialister 37 101	Normal	✓ Collinsella 18 35 104 105 311	Normal
✓ Dorea 101 104	<b>Niedrig</b>	✓ Faecalibacterium prausnitzii 109 152 178 201 308	Normal
✓ Enterobacteriaceae 101 103	Normal	✓ Odoribacter 101 152	Normal
✓ Roseburia 101 104	<b>Niedrig</b>	✓ Prevotellaceae 37 201	Normal
✓ Ruminococcus 100 101 104 105 106 107	Normal		
✓ Salmonella 40 170	Normal		
✓ Veillonella 177 309	Normal		

**i** Entspannung auf Druckknopf gibt es leider nicht. Es gibt auch kein „richtiges Ernährungsverhalten“ bei einem Reizdarmsyndrom, weil es sehr individuell ist. Man kann jedoch mit kleinen Schritten anfragen, wie z.B. Ruhe beim Essen und regelmäßige 5 Mahlzeiten am Tag.

## Darm-Hirn-Achse



Hervorragend!



Du scheinst alles im Griff zu haben! Deine Darmbakterien unterstützen dich bei der Stressbewältigung hervorragend.

### Erklärung

Darm über Kopf! Dein Darm beheimatet über 100 Millionen Nervenzellen, die zum Gehirn führen. Das sind sogar mehr Nervenzellen, als all jene die vom Gehirn zum gesamten Körper führen. Das heißt, dass dein Darm mit deinem Gehirn in einem ständigen Informationsaustausch steht. Das Nervensystem deines Darms verwendet die gleichen Neurotransmitter (Informationsüberträger zwischen Zellen) wie dein Gehirn. Neurotransmitter spielen z.B. einen wichtigen Part bei psychischen Erkrankungen, wie etwa Depressionen. Auch dein Mikrobiom ist darin ein unerlässlicher Mitspieler, denn der Stoffwechsel deiner Bakterien im Verdauungstrakt kann die Balance von diesen Hirnbotenstoffen wie Noradrenalin, Dopamin oder Serotonin stören und somit deinen Gemütszustand beeinflussen. <sup>146,153,172</sup>

### 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
✓ Actinomycetaceae 38 99	Normal	✓ Bifidobacterium 114 117 182 183	Normal
✓ Anaerostipes 41 153 180	Normal	✓ Coprococcus 112	Normal
✓ Anaerotruncus 100 181	Normal	✓ Dialister 112 153	Normal
✓ Bacteroides 39 41 100	Normal	– Dorea 41 113	<b>Niedrig</b>
✓ Blautia 153 180	Normal	✓ Faecalibacterium 110 111 153	Normal
✓ Lachnospiraceae 100 153 180	<b>Niedrig</b>	✓ Lactobacillus 112 114 115 116 117	Normal
✓ Verrucomicrobia 180 181	Normal	✓ Ruminococcus 41 111 153	Normal



Unser Darm kommuniziert eng mit unserem Gehirn, daher können wir unser Gemüt mittels Nahrung auch ein wenig beeinflussen. Omega-3-Fettsäuren, Folsäure und Vitamin B unterstützen deine gedanklichen Leistungen.

## Darm-Herz-Achse



**Hervorragend!**



Die Darmbakterien, die mit einer gesunden Darm-Herz-Achse in Verbindung gebracht werden konnten, sind bei dir im grünen Bereich. Das ist sehr gut.

### Erklärung

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

### Risikofaktoren

Bakterien verstoffwechseln bestimmte Substanzen wie Choline und L-Carnitin, die z.B. 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.<sup>42,43,44</sup>

### Assoziationen

Damit assoziierte Bakterien	Dein Ergebnis	Davor schützende Bakterien	Dein Ergebnis
✓ Blautia 203	Normal	✓ Bacteroides 203	Normal
✓ Collinsella 202	Normal	✓ Blautia 45	Normal
✓ Enterobacter 203 205	Normal	✓ Faecalibacterium 202 203	Normal
✓ Megamonas 205	Normal	– Roseburia 83 202 203 204	<b>Niedrig</b>
✓ Streptococcus 203	Normal		



Eine fettarme Diät hilft um deine Darm-Herz-Achse zu verbessern.



## Darm-Leber-Achse



**Gut, leicht besserbar!**



Deine Darmbakterien unterstützen die Funktionen deiner Leber gut. Hilf deinen Darmbakterien, dass sie ihren Job weiterhin gut machen. Erfahre mehr bei deinen Verbesserungsvorschlägen.

















### Erklärung


Deine Leber ist das wichtigste Stoffwechselorgan und ihre Gesundheit ist entscheidend für deine Lebensqualität. Als Entgiftungszentrale des Körpers befreit sie dich von Alkohol, Nikotin, Zucker und Medikamenten. Zusätzlich übernimmt sie wichtige Aufgaben im Metabolismus, wie z.B. die Produktion von Gerinnungsfaktoren und der 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 dieser Analyse haben wir uns vor allem auf die Assoziation zwischen nicht-alkoholischer Fettleber und den Darmbakterien konzentriert. <sup>84,161,221</sup>

### 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
 Alcaligenaceae 125 126	<b>Hoch</b>	 Coprococcus 66 142 144	Normal
 Dorea 66 145	<b>Niedrig</b>	 Lachnospiraceae 66 125 126	<b>Niedrig</b>
 Enterobacteriaceae 125 126	Normal	 Odoribacter 128 142	Normal
 Fusobacteriaceae 125 126	<b>Hoch</b>	 Oscillospira 85	<b>Hoch</b>
 Lactobacillus 66 85 185	Normal	 Prevotella 128 129	Normal
 Megasphaera 85 125 126 176	Normal	 Roseburia 66 144	<b>Niedrig</b>
 Peptoniphilus 144 145	Normal	 Ruminococcaceae 65 66 125 126 128 130	<b>Hoch</b>
 Porphyromonas 125 126 127 144	Normal		
 Streptococcus 85 128 179	Normal		

 Eine gesunde Leber steigert deine Lebensqualität und Leistung. Leberschäden entwickeln sich langsam und über Jahre, daher unterstütze deine Leber. Avocados enthalten viele Antioxidantien und Glutathion, die deine Leber unterstützen.

## Darm-Haut-Achse



**Hervorragend!**

● ● ● ● ● ● ● ✓ sehr gut  
● ● ● ● ● ● ● - verbesserbar

Die Darmbakterien, die mit einer funktionierenden Darm-Haut-Achse assoziiert werden, sind bei dir im grünen Bereich. Das ist optimal!

### 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, das das Immunsystem, das Hormonsystem (endokrines System), das metabolische System (Stoffwechsel) und das Nervensystem beinhaltet. Ein Ungleichgewicht der Darmbakterien konnte in jüngsten Studien mit Psoriasis, Rosacea (Kupferrose), atopischer Dermatitis und Akne in Verbindung gebracht werden. Bei unserer Analyse haben wir uns vor allem auf Assoziationen zwischen Psoriasis und den Darmbakterien konzentriert. <sup>119,160,162</sup>

### 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, welche wiederum die Beschaffenheit der Haut beeinflussen.

### Assoziationen

Damit assoziierte Bakterien	Dein Ergebnis	Davor schützende Bakterien	Dein Ergebnis
✓ Akkermansia 184	Normal	✓ Actinobacteria 198	Normal
✓ Faecalibacterium prausnitzii 184 197 200	Normal	✓ Bacteroides 184	Normal
✓ Ruminococcus 184	Normal	✓ Coprobacillus 198	<b>Hoch</b>
		✓ Lactobacillus 159	Normal

## Metabolisches Syndrom



Hervorragend!



Die Darmbakterien, die mit Fettleibigkeit wissenschaftlich assoziiert werden, befinden sich bei dir im grünen Bereich. Das ist optimal!

### Erklärung

Unser Körper unterliegt den Gesetzen der Thermodynamik. Daher führt ein „Zuviel“ an nicht benötigten Kalorien zu einer Gewichtszunahme. Das wiederum kann zu Adipositas (Ernährungs- und Stoffwechselkrankheit mit starkem Übergewicht - BMI > 30kg/m<sup>2</sup>) führen. In Folge dessen können Erkrankungen wie Insulinresistenz, Atherosklerose (Fetteinlagerung in den Arterienwänden) und hormonelle Probleme entstehen. Vor allem leidet aber auch dein Mikrobiom unter dieser Dysbalance. Deine Darmbakterien sind wesentlich an der Verwertung deiner Nahrung beteiligt und beeinflussen wie viel Kalorien aus der Nahrung gewonnen werden. In dieser Analyse haben wir uns auf die Assoziation von deinen Darmbakterien mit einem Übergewicht fokussiert.

76,77,78,138,140,172

### Risikofaktoren

Ungesunde Lebens- und Ernährungsgewohnheiten sind die Hauptursache für ein metabolisches Syndrom. Häufig liegt auch eine genetische Veranlagung vor, die durch einen ungesunden Lebensstil gefördert werden kann. Neben einer fett- und cholesterinreichen Nahrungszufuhr sind weitere Risikofaktoren ein erhöhter Alkoholkonsum, Rauchen und zu wenig körperliche Bewegung.

### Assoziationen

Damit assoziierte Bakterien	Dein Ergebnis	Davor schützende Bakterien	Dein Ergebnis
✓ Actinomyces 20 138	Normal	✓ Akkermansia muciniphila 60 61 62 63 137	Normal
✓ Adlercreutzia 138	Normal	✓ Anaerotruncus 56 64	Normal
✓ Lactobacillus 22 23 47	Normal	✓ Bacteroides fragilis 47 199	Hoch
✓ Prevotella 65 159	Normal	✓ Dialister 214	Normal
✓ Ruminococcus 60 137	Normal	✓ Lachnospira 20 137	Normal
		✓ Oscillospira 66 138	Hoch

**i** Gesättigte Fettsäuren erhöhen die Blutfette und das wirkt sich negativ auf die Herz-Kreislaufgesundheit aus und erhöht das Risiko für ein metabolisches Syndrom. Versuche jene zu reduzieren. Gesättigte Fettsäuren sind vor allem enthalten in Milkschokolade, fettem Fleisch und Wurst, Kokosöl oder Fertiggerichte.

## Insulinhaushalt



**Gut, leicht besserbar!**



Deine Darmbakterien unterstützen dich bei der Aufnahme und der Verwertung von Zucker gut! Das ist sehr gut. Unterstütze deine Bakterien mit ein paar kleinen Tricks. Diese findest du bei deinen Verbesserungsvorschlägen.

### Erklärung

Eine Zuckerstörung bedeutet, dass dein Körper die mittels einer Mahlzeit aufgenommene Glukose – also Zucker oder bestimmte Kohlenhydrate – mit Hilfe von Insulin nicht mehr richtig in deine Zellen befördern kann, wo diese der Energieversorgung dient. Normalerweise sinkt dadurch nach dem Essen die Glukose im Blut wieder. Wie schnell das geht, gibt Hinweis darauf, wie gut deine Körperzellen auf Insulin ansprechen. Sinken diese Werte aber nun nicht innerhalb eines bestimmten Zeitraums, kann eine Zuckerstörung vorliegen. Bei dieser Stoffwechselkrankheit sprechen die Körperzellen nun nicht mehr ausreichend auf das Insulin an. Der Zucker staut sich in den Gefäßen, was gesundheitliche Probleme mit sich bringen kann. Deine Darmbakterien beeinflussen die Aufnahme und Verwertung des Zuckers und somit deine Blutzuckerwerte. <sup>79,81,82,164</sup>

### Risikofaktoren

Oft begünstigen Bewegungsmangel, Übergewicht und Stress eine Störung des Insulinhaushalts. Doch auch Schlafmangel, Rauchen und Medikamente könnten bei der Entstehung von solch einer Störung maßgeblich beteiligt sein.

## Assoziationen

Damit assoziierte Bakterien	Dein Ergebnis	Davor schützende Bakterien	Dein Ergebnis
✓ Bacteroides 72 74	Normal	✓ Bifidobacterium 72 73 74	Normal
✗ Betaproteobacteria 75	<b>Hoch</b>	✓ Blautia 70 72 151 166	Normal
✓ Collinsella 69	Normal	✓ Butyricimonas 73	Normal
✓ Eggerthella 68 69 72	Normal	✓ Erysipelotrichaceae 68 166	Normal
✓ Lactobacillaceae 79	Normal	✓ Firmicutes 70 75 79 190	Normal
✓ Ruminococcus 70 166	Normal	✗ Lachnospiraceae 68 70 166	<b>Niedrig</b>
✓ Veillonella 72 73 165	Normal	✓ Megamonas 70	Normal
		✗ Roseburia 68 70	<b>Niedrig</b>

**i** Ausgewogene Kost mit komplexen Zuckern, wie z.B. Vollkornprodukte, können helfen den Insulinhaushalt konstant zu kontrollieren und zu stärken. Außerdem enthalten Vollkornprodukte wichtige Ballaststoffe, Vitamine und Mineralstoffe. Erfahre mehr bei deinen Verbesserungsvorschlägen.

## Nierensteine



### Hervorragend!

- ● ● ✓ sehr gut
- ● ● – verbesserbar

Die Darmbakterien, die mit der Bildung von Nierensteinen assoziiert sind, sind bei dir im grünen Bereich! Das ist optimal!

### Erklärung

Deine Nieren produzieren deinen Harn. Mit diesem werden wasserlösliche Substanzen wie schädliche Stoffwechselprodukte oder auch Arzneistoffe zusammen mit Wasser ausgeschieden. Ebenso stabilisieren sie deinen Blutdruck, indem sie das Flüssigkeitsvolumen im Körper überwachen. Außerdem kontrollieren deine Nieren den Salzgehalt in deinem Körper, denn: Zu viel Salz erhöht die Flüssigkeitsmenge, die wiederum den Blutdruck in die Höhe treibt.

Deine Darmbakterien helfen dabei dein Essen in Stoffwechselprodukte umzuwandeln. <sup>136</sup>

### Risikofaktoren

Ein Beispiel sind Oxalate. Oxalate sind Verbindungen aus Oxalsäure und Kalium, Kalzium oder Magnesium, die in deiner Nahrung vorkommen. Sie werden von bestimmten Bakterien in deinem Darm verstoffwechselt. Falls die Bakterien Oxalate nicht ausreichend zerlegen können, werden Oxalate zu deinen Nieren transportiert und bilden dort unangenehme Nierensteine.

### Assoziationen

Damit assoziierte Bakterien	Dein Ergebnis	Davor schützende Bakterien	Dein Ergebnis
✓ Bacteroides 131	Normal	✓ Oxalobacter formigenes 120 132 133 134 135	Normal
		✓ Prevotella 135 206	Normal

**i** Du kannst die Bildung von Oxalaten in deinem Körper reduzieren, indem du viel stilles Wasser trinkst und salzarm isst. Erfahre mehr bei deinen Verbesserungsvorschlägen.



## Gallensteine



**Gut, leicht besserbar!**

● ● ● ● ● ✓ sehr gut  
● ● ● ● ● ● - besserbar

Die meisten Darmbakterien, die mit der Bildung von Gallensteinen assoziiert sind, sind bei dir im grünen Bereich! Das ist gut! Um deine Bakterien weiterhin zu unterstützen haben wir ein paar Tipps für dich bei deinen Verbesserungsvorschlägen.

### Erklärung

Gallensteine treten häufig ab dem 40. Lebensjahr auf. Vor allem Frauen leiden öfters an Gallensteinen. Fast 90 % der gefundenen Gallensteine Cholesteringallensteine sind. Diese bestehen aus auskristallisierten Bestandteilen der Gallenflüssigkeit mit einem erhöhten Gallencholesteringehalt. Ob Beschwerden auftreten, hängt stark mit der Größe und der Lage der Gallensteine zusammen. Mögliche Beschwerden sind unangenehme, krampfartige Oberbauchschmerzen, die in Wellen auftreten, oder Völlegefühl, Blähungen, Übelkeit, und Aufstoßen. Deine Darmbakterien sind bei der Regulierung des Gallensäurerecyclingprozesses beteiligt und können sogar die Eigenschaften der Gallensäure verändern. Dies hängt mit deiner Ernährung und der Stoffwechselfähigkeit deiner Bakterien zusammen. Ein Ungleichgewicht der Bakterien kann so die Gallensteinbildung fördern.<sup>209,217,218</sup>

### Risikofaktoren

Risikofaktoren für Gallensteine sind unter anderem eine Cholesterin-reiche Ernährung, erhöhte Blutfettwerte sowie Stoffwechselerkrankungen.

### Assoziationen

Damit assoziierte Bakterien	Dein Ergebnis	Davor schützende Bakterien	Dein Ergebnis
<span style="color: green;">✓</span> Bilophila 88 177	Normal	<span style="color: green;">✓</span> Bacteroides uniformis 208	Normal
<span style="color: red;">-</span> Oscillospira 208 209	<b>Hoch</b>	<span style="color: green;">✓</span> Faecalibacterium 207	Normal
		<span style="color: green;">✓</span> Lachnospira 207	Normal
		<span style="color: red;">-</span> Roseburia 88 177 207 208	<b>Niedrig</b>

## Gelenksgesundheit



Hervorragend!



Die Darmbakterien, die mit rheumatoider Arthritis assoziiert sind, sind im grünen Bereich. Das ist sehr gut!

### Erklärung

Die rheumatoide Arthritis ist eine Autoimmunerkrankung und beschreibt die Gelenksgesundheit. Hierbei kommt es zu ständigen Entzündungen und Zerstörungen der Gelenke und Knochen, weil sich der Körper gegen seine eigenen Zellstrukturen richtet. Der Mechanismus dahin ist sehr komplex und abhängig von angeborenen und erworbenen Immunantworten. Hierbei spielen die Durchlässigkeit deiner Darmschleimhaut und Mikrobiomdysbalancen eine Rolle, weil sie das Immunsystem aus dem Gleichgewicht bringen.<sup>219</sup>

### Risikofaktoren

Rheumatoide Arthritis ist das Ergebnis aus genetischen, umweltbedingten und hormonellen Faktoren, wobei bakterielle und virale Komponenten als häufigste potenzielle Erreger festgestellt wurden.

### Assoziationen

Damit assoziierte Bakterien	Dein Ergebnis	Davor schützende Bakterien	Dein Ergebnis
✓ Bacilli 189	Normal	✓ Bacteroides 186 196	Normal
✓ Collinsella 191 193	Normal	✓ Bacteroides fragilis 187 188 190	Hoch
✓ Eggerthella 191 194	Normal	✓ Bifidobacterium 187 188 190	Normal
✓ Prevotella copri 186 192 195 220	Normal	✓ Faecalibacterium prausnitzii 189 191	Normal
		✓ Flavobacterium 189	Normal
		– Roseburia 175	Niedrig



Ein erhöhter Konsum von Kaffee (5-10 Tassen pro Tag) kann die Entstehung von rheumatoider Arthritis fördern. Daher ist eine Reduktion des Kaffeekonsums vorteilhaft.

## Verbesserungsvorschläge

### Über die Empfehlungen

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

### Persönliche Empfehlungen

#### **Iss mehr fermentierte Lebensmittel** — *Diversität*

Bakterien in fermentierten Lebensmitteln unterstützen die Verschiedenheit und den Artenreichtum in deinem Darm: Naturjoghurt, frisches Sauerkraut, Kefir, Miso. <sup>246,270</sup>

#### **Obst und Gemüse sind wichtig** — *Diversität*

Obst und Gemüse sind wichtig, um eine optimale Versorgung für möglichst viele unterschiedliche Bakterien in deinem Darm bereitzustellen. Besonders ballaststoffreiche Sorten sind: Artischocken, Fenchel, Kohl, Karotten, Nüsse, Avocados, Hafer und Endivien-Salat. <sup>236,271</sup>

#### **Äpfel und Apfelessig unterstützen dich** — *Diversität*

Äpfel enthalten Pektin, eine Fruchtsäure, die die Vermehrung der Darmbakterien unterstützt. Das meiste Pektin ist in der Schale des Apfels enthalten. Apfelessig enthält, aufgrund des Gärungsprozesses, Milchsäurebakterien. <sup>233,276</sup>

### **Enterotyp 1** — *Enterotyp*

Achte darauf, mehr Gemüse, Vollkornprodukte und Obst zu essen – so gestaltest du deine Ernährung ballaststoffreicher. Das bewirkt, dass dein Mikrobiom diverser (also mehr verschiedene Bakterien besitzt) und stabiler wird. Ebenso trägt eine ballaststoffreiche und pflanzenbasierte Ernährung wesentlich zu deiner Gesundheit bei. Kohlenhydrate und Eiweiße sind für eine ausgewogene Ernährung unerlässlich, können aber bei übermäßigem Verzehr zu Übergewicht und Gefäßerkrankungen, wie Atherosklerose und Zuckerstörungen, beitragen. Versuche daher bei deinen Mahlzeiten auf Folgendes zu achten:

Viele unterschiedliche Gemüse- und Obstsorten (je vielfältiger, desto besser)

Eiweiß: Weniger Fleisch, dafür mehr pflanzliche Eiweiße (Erbsen, Linsen, Bohnen, Kichererbsen...)

Kohlenhydrate: Weniger einfache Kohlenhydrate (Weißbrot, Nudeln, Reis), dafür mehr Vollkornprodukte (Wildreis, Vollkornbrot, Vollkornnudeln)

Fette: Weniger gesättigte Fette (tierisches Fett, Fertigprodukte), dafür mehr ungesättigte Fettsäuren (Nüsse, vor allem Walnüsse, Fisch, Leinöl, Avocado)

Vitamine: Achte auf ausreichend Vitamin A (Karotten), E (Sonnenblumenkerne, Weizenkeime), K (Blattgemüse) und Folsäure (Erbsen, Spinat)

### **Menthol (Pfefferminze) hilft bei Krämpfen** — *Bauchschmerzen*

Menthol hilft bei Muskelkrämpfen im Darm und kann Schmerzen reduzieren. Menthol stimuliert das Einströmen von Kalzium in die Zellen der glatten Muskulatur und führt so zu einer Entspannung dieser. Zusätzlich aktiviert Menthol einen „Anti-Schmerz-Kanal“ in den Wänden des Dickdarms. Dadurch kann bei einer Übersensibilisierung die Schmerzwahrnehmung gedämpft werden. Menthol kommt in natürlicher Weise in Pfefferminze vor. Probiere es daher mal mit frischem Pfefferminztee. Sei aber vorsichtig mit der Dosierung, solltest du anfällig für Reflux sein! <sup>239,240,241</sup>

### **Bitterstoffe und ätherische Öle (Ingwer) wirken unterstützend** — *Blähungen und Blähbauch*

Bitterstoffe und ätherische Öle sind beispielsweise in Ingwer enthalten. Sie aktivieren die Darmperistaltik und können so Blähungen lindern. Zusätzlich unterstützt Ingwer deinen Stoffwechsel. Versuche mal einen Ingwertee oder frischen Ingwer in deine Mahlzeiten einzubauen. Heutzutage sind Ingwerwurzeln bereits in fast jedem Supermarkt erhältlich. <sup>252,254</sup>

### **Stilles Wasser kann Wunder wirken** — *Verstopfung*

Reduzierter oder nicht ausreichender Wasserkonsum kann zu einer Dehydrierung und Bauchschmerzen führen. Dein Körper benötigt Wasser, um effizient Nährstoffe aus deinem Essen verdauen und absorbieren und damit dein Mikrobiom unterstützen zu können. Ebenso ist Wasser ein wichtiges Transportmittel für Giftstoffe, die aus deinem Körper ausgeschieden werden sollen. Unzureichende Wasserzufuhr erschwert die Verdauung. Daher solltest du mindestens 2,7 Liter stilles Wasser über den Tag verteilt trinken, sowie gezuckerte Getränke vermeiden.

**Versuche Wasser-bindende Schleimstoffe (Flohsamenschalen, Reis, Hafer) — Durchfall**

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

**Baue Samen (Lein-, Chiasamen, Flohsamenschalen) in deine Ernährung ein — Darmschleimhaut**

Leinsamen, Flohsamenschalen und Chiasamen unterstützen deine Darmschleimhaut bei der Schleimbildung. Hierbei ist es wichtig, dass du die Samen aufquellen lässt, bevor du sie zu dir nimmst. Zusätzlich enthalten Leinsamen Alpha-Linolensäure, die eine positive Wirkung auf den Cholesterinspiegel hat und diesen normalisiert.

**Präbiotische Lebensmittel (Artischocken, Auberginen, Honig, Lauch) helfen — Darmschleimhaut**

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

**Probiotische Lebensmittel (Buttermilch, Kefir, Kombucha) unterstützen — Darmschleimhaut**

Probiotische Lebensmittel enthalten unterschiedliche Bakterienstämme, die die Regeneration des Darms unterstützen. Beispiele für probiotische Lebensmittel sind Buttermilch, Kefir, roher Käse, Kombucha und Naturjoghurt (hier erfährst du wie du dein Joghurt selbst herstellen kannst).

**Iss mehr L-Glutamin (Fleisch, Milchprodukte, Spinat, Petersilie) — Darmschleimhaut**

L-Glutamin hilft dabei, die Darmschleimhaut aufzubauen. L-Glutamin ist in folgenden Lebensmitteln enthalten: Rindfleisch, Huhn, Fisch, Milchprodukte, Bohnen, Petersilie und Spinat.<sup>255,256</sup>

**Prolin und Glycin (Klare Fleischsuppe/brühe) wirken unterstützend — Darmschleimhaut**

Die Aminosäuren Prolin und Glycin sind entscheidend bei der Herstellung von Kollagen. Kollagen kann die „Festigkeit“ der Darmschleimhaut unterstützen, damit keine unerwünschten Moleküle durchgelassen werden. Eine klare Suppe/Fleischbrühe wird traditionell durch das Kochen von Knochen und Knorpeln von Rindern oder Hühnern hergestellt. So eine Suppe enthält viele beider Aminosäuren und sowie auch L-Glutamin. Eine klare wärmende Suppe kann zusätzlich auch Bauchschmerzen lindern. Versuche so eine warme Suppe langsam zu löffeln und jeden Löffel zu genießen.<sup>257,258</sup>

**Vermeide Zucker, Fast Food, Hülsenfrüchte, Alkohol** — *Darmschleimhaut*

Folgende Nahrungsmittel können negative Auswirkungen auf die Darmschleimhaut haben. Daher versuche jene zu reduzieren:

**Zucker** - vor allem industrieller Zucker – kann Entzündungsreaktionen in der Darmwand hervorrufen und so die Darmschleimhaut beschädigen.

**Fast Food** und industriell verarbeitetes Essen enthalten ungesunde Fette (Transfette) und Zusatzstoffe, die die Darmwand angreifen können.

**Hülsenfrüchte** enthalten Lektine, die für die Darmwand schlecht sein können.

**Alkohol** schadet nicht nur der Leber, sondern dem gesamten Körper. Alkohol kann zu einem Leaky Gut Syndrom beitragen, indem er direkt Entzündungen im Darm hervorruft.

<sup>272,273,274,275,</sup>

**Iss mehr Omega-3-Fettsäuren (Fisch, Avocado, Nüsse)** — *Darm-Hirn-Achse*

Omega-3-Fettsäuren reduzieren das Risiko für Erkrankungen, die in Verbindung mit dem Gehirn stehen und fördern positive Darmbakterien. Omega-3-Fettsäuren sind enthalten in öligem Fisch, wie z.B. Forellen, Lachs und Sardinen, Avocado, Spinat, Nüsse und Samen und auch in kaltgepresstem Bio-Olivenöl. <sup>260,262,263,264</sup>

**Baue Lycopin (Erdbeeren, Cranberries, roter Paprika) in deine Ernährung ein** — *Darm-Herz-Achse*

Lycopin (Carotinoid) ist in rotem Gemüse und Obst enthalten. Carotinoide werden ausschließlich von Pflanzen, Pilzen und Mikroorganismen hergestellt. Carotinoide zählen zu den Antioxidantien und gelten als Radikalfänger. Das heißt, es kann bestimmte reaktionsfreudige Moleküle, die deine Gene angreifen, unschädlich machen und dich so vor Krebs, Herz- und Lungenerkrankungen schützen. Carotinoide sind in Erdbeeren, Cranberries, Himbeeren, Tomaten, Kirschen, Äpfel, rote Beete, Wassermelone, rote Trauben, rote Paprika und rote Zwiebeln enthalten. <sup>284</sup>

**Zitrone verbessert** — *Gelenksgesundheit*

Zitronen sind reich an Vitamin C und verbessern den Verdauungsprozess. Zusätzlich stärken sie deine Leberenzyme und unterstützen die Entgiftung der Leber. Zitronen helfen auch, den Kohlenhydratspiegel im Blut zu regulieren und regen die Fettverbrennung an. Versuche, gleich nach dem Aufstehen ein Glas stilles Wasser mit ein wenig Zitronensaft auf nüchternen Magen zu trinken. <sup>244,292,293</sup>

**Vermeide Alkohol** — *Darm-Leber-Achse*

Trinke nicht zu viel Alkohol! Alkohol schadet nicht nur der Leber, sondern dem gesamten Körper. Unter anderem kann Alkohol zu einem Leaky Gut Syndrom beitragen. Achte deswegen auf einen gemäßigten Konsum. Frauen sollten nicht mehr als 10 g (ca. 1/8 l Wein), Männer nicht mehr als 20 g Alkohol (ca. 2/8 l Wein) pro Tag genießen. <sup>232</sup>

**Vermeide Zucker** — *Darm-Leber-Achse*

Weißer Zucker und Fructose sind zentral an der Leberverfettung beteiligt. Achte also darauf, weniger Zucker zu essen. Sowohl weißer Zucker als auch zu viel Fruchtzucker können schädlich sein. Fruchtzucker kommt vor allem in Sirup, vielen Softdrinks, Keksen, Süßigkeiten und Fruchtojoghurts vor. Versuche so den versteckten Zucker zu vermeiden.<sup>272,273,274,275</sup>

**Glutathion (Walnüsse, Brokkoli, Spinat) tut gut** — *Darm-Leber-Achse*

Glutathion unterstützt die Regeneration der Leber. Einen hohen Gehalt daran haben Walnüsse, Avocado, Brokkoli und Spinat.

**Omega-3-Fettsäuren (Fisch, Leinöl, Nüsse) unterstützen** — *Darm-Leber-Achse*

Omega-3-Fettsäuren sind ungesättigte Fettsäuren und unerlässlich für eine gesunde Leber und gesunde Blutfettwerte. So wird der Cholesterinspiegel reduziert und das Risiko, an Bluthochdruck und Diabetes zu erkranken sinkt. Reich an Omega-3-Fettsäuren sind Leinöl, Walnüsse und Fisch.<sup>260,262,263,264</sup>

**Versuche präbiotische Lebensmittel (Artischocken, Zwiebel, Knoblauch)** — *Metabolisches Syndrom*

Präbiotische Lebensmittel unterstützen dich hervorragend bei einer Gewichtsabnahme. Daher versuche möglichst viel präbiotische Nahrungsmittel in deinen Alltag einzubauen. Präbiotische Nahrungsmittel sind z.B. Chicorée, Spargel, Artischocken, Zwiebel, Knoblauch, Lauch, Pastinaken, Schwarzwurzeln und Hafer.

**Iss mehr Anthocyane (blaue und rote Beeren, Auberginen)** — *Insulinhaushalt*

Anthocyane haben antioxidative und entzündungshemmende Eigenschaften. Diese können helfen, das Gesamtcholesterin und den Blutzuckerspiegel zu regulieren. Anthocyane kommen in der Schale von Auberginen, Heidel-/Blaubeeren, Johannisbeeren, Kirschen, Aroniabeeren und Rotkohl vor.<sup>295,296</sup>

**Glutenfreie Kost (Reis, Hirse, Mais)** — *Insulinhaushalt*

Gluten ist ein Klebereiweiß und kommt z.B. in Weizen, Dinkel, Roggen, Hafer und Gerste vor. Manche Getreidesorten sind von Natur aus glutenfrei, wie z.B. Reis, Hirse, Mais, Buchweizen und Amaranth. Eine glutenfreie Ernährung kann dir helfen, deinen Insulinhaushalt ins Gleichgewicht zu bringen. Wenn du deine Ernährung drastisch umstellen möchtest, sprich bitte zuvor mit einem/r DiätologIn oder einem/r Arzt/Ärztin. Diese können dich auf deinem Weg am besten unterstützen.<sup>280</sup>

**Versuche Antioxidantien und Quebecol (Ahornsirup) — Insulinhaushalt**

Antioxidantien können vor Krebs und auch Diabetes schützen. Quebecol entsteht bei der Herstellung von Ahornsirup. Quebecol kann Enzyme hemmen, die bei einem Ungleichgewicht im Insulinhaushalt negative Wirkung haben. Zusätzlich enthält Ahornsirup Zink, Kalzium und Vitamin B1. Ahornsirup enthält jedoch auch sehr viel Zucker, weshalb man ihn nur mit Maß konsumieren sollte.<sup>294</sup>

**Iss mehr Flavonoide (Zimt, Mandeln) — Insulinhaushalt**

Das Flavonoid Proanthocyanidin kann Fettzellen zur Ausschüttung von Insulin animieren und so Blutzuckerwerte senken. Dieses Flavonoid ist z.B. in Zimt enthalten. Zusätzlich enthält Zimt auch Antioxidantien, die freie Radikale binden können und gleichzeitig den Stoffwechsel unterstützen.<sup>244,297</sup>

**Probiotische Lebensmittel (Miso, Kimchi, Sauerkraut) unterstützen — Insulinhaushalt**

Fermentierte Lebensmittel enthalten Milchsäurebakterien. Es wurde nachgewiesen, dass probiotische Lebensmittel zu einer Verbesserung des antioxidativen Status führen. Das wiederum beeinflusst das Gleichgewicht des Insulinhaushaltes. Beispiele für solche Nahrungsmittel sind Miso, Kimchi, Kefir, frisches Sauerkraut, Tempeh, Kombucha.<sup>286</sup>

**Baue Magnesium in deinen Alltag ein — Nierensteine**

Magnesium wirkt der Bildung von Oxalsäure-Steinen entgegen. Viel Magnesium findet sich in Vollkornprodukten, Sonnenblumenkernen, Kürbiskernen, Cashewkerne, Erdnüssen, Geflügel und Fisch.

**Ballaststoffreiche Diät — Gallensteine**

Eine ballaststoffreiche Diät schützt vor Galleinsteinen. So eine Kost inkludiert viele Vollkornprodukte, Obst und Gemüse. Versuche jedoch, blähende Gemüsesorten, wie Kohl und Hülsenfrüchte, zu vermeiden. Blähungen können nämlich auf die Gallenblase drücken. Gewürze wie Kümmel, Fenchel und Anis helfen, Blähungen zu vermeiden. Fleisch sollte eher vermieden werden. Besonders geeignete Lebensmittel sind Kürbis, Kartoffeln, Erbsen, Melonen, Äpfel, Birnen und Himbeeren.<sup>88</sup>

**Fettarme Kost (pflanzliche Fette, fettarme Milchprodukte) hilft — Gallensteine**

Eine fettarme Kost schützt vor Galleinsteinen. Bei fettreicher Kost muss die Gallenblase nämlich besonders viel Gallenflüssigkeit auf einmal ausschütten, was zu einem Zusammenziehen des Organs führt. Greife daher eher zu pflanzlichen Fetten und fettarmen Milchprodukten. Versuche, dein Gemüse zu dünsten oder zu kochen, anstatt es anzubraten. Bedenke jedoch, dass eine komplett fettfreie Diät auch nicht gesund ist, denn das kann zu einer Verdickung der Gallenflüssigkeit führen, sollte diese zu lange in der Gallenblase verweilen. Setze daher auf die richtigen Fette und probiere ein Mittelmaß zu finden.



## Allgemeine Empfehlungen

### Ernährung

Was und auch wie du isst hat großen Einfluss auf deine Verdauung und deine Darmbakterien. Eine ausgewogene Ernährung bedeutet, Nährstoffe in Form von Kohlenhydraten, Fetten, Eiweißen (pflanzliche und tierische), Vitaminen und Mineralstoffen in ausreichenden Mengen zu sich zu nehmen. Wichtig ist es dabei, vor allem auf ballaststoffreiche Nahrung, wie Obst und Gemüse, in Kombination mit genügend Flüssigkeit zu setzen.

Zu viel Zucker, die falsche Art an Fetten, zu wenig entzündungshemmende Nahrungsmittel (z.B. grünes Gemüse) und verarbeitete Lebensmittel (Tiefkühlessen und Fast Food), die zumeist Konservierungsstoffe beinhalten, bringen eine ausgewogene Ernährung oftmals aus dem Gleichgewicht. Dies hat häufig zur Folge, dass auch das Gleichgewicht der Zusammensetzung deiner Darmbakterien gefährdet wird (=Dysbiose), was wiederum Schmerzen hervorrufen kann.

Bestimmte Nahrungsmittel können deine Darmbakterien positiv unterstützen. Hierbei unterscheidet man zwischen Prä-, Pro- und Synbiotika:

Präbiotika sind nicht verdaubare Lebensmittelbestandteile, die dich günstig beeinflussen, indem sie gezielt das Wachstum und/oder die Aktivität einer oder mehrerer Bakterienarten im Dickdarm anregen und somit deine Gesundheit im Allgemeinen verbessern. Probiotika sind lebende Mikroorganismen, die verschiedenen Nahrungsmitteln zugesetzt werden. Sie haben gesundheitsfördernde Wirkungen. Unter Synbiotika versteht man die Kombination von Pro- und Präbiotika in einem Produkt.

**Präbiotische Nahrungsmittel:** Zwiebel, Knoblauch, Topinambur, Lauch, Spargel, Bohnen, Bananen, Chicorée, Artischocken, Löwenzahn, Äpfel, Leinsamen, Kohlgemüse

**Probiotische Nahrungsmittel:** Naturjoghurt (ungezuckert), Sauerkraut, Essiggurken, Oliven, Miso, Kimchi

Prinzipiell verändern kurzfristige diätische Umstellungen dein Mikrobiom schnell, diese sind jedoch auch wieder umkehrbar. Erst langfristige Ernährungsumstellungen (über sechs Monate) können eine permanente Veränderung in deinem Mikrobiom bewirken. Zusätzlich solltest du dir Zeit und Ruhe zum Essen nehmen. Setze dich hin und kaue dein Essen gut. Das erleichtert die Arbeit der Darmbakterien. <sup>48,222,223,224,270,271</sup>

## Sportliche Betätigung

Sportliche Betätigungen haben einen positiven Einfluss auf deinen Darm. Sie fördern die mikrobielle Diversität und auch die Vermehrung von Butyrat (=Buttersäure) produzierenden Darmbakterien, wie z.B. *Roseburia hominis* und *Faecalibacterium*. Die kurzkettige Fettsäure Butyrat ist die Hauptenergiequelle der Darmzellen, senkt den pH-Wert im Darm, steuert immunologische Abwehrkräfte und hilft dabei, die Darmschleimhaut zu stärken. Auch wenn es bei Schmerzen oft das letzte ist, auf das man gerade Lust hat, kann Bewegung und Sport für rasche Besserung in punkto Bauchschmerzen sorgen. Sportliche Aktivität regt die Durchblutung der Muskulatur an und kann somit auch deine Darmperistaltik beeinflussen. Schon ein simpler langsamer Spaziergang in der Natur kann dir also dabei helfen, dich besser zu fühlen! Studien empfehlen täglich 30 Minuten Bewegung mit moderater Intensität.<sup>78,225,226</sup>

## Schlafgewohnheit

Schlafentzug verursacht eine Verschiebung der Darmbakterien in Richtung eines erhöhten *Firmicutes-Bacteroidetes* Verhältnis. Chronischer Schlafmangel führt zu einer Verringerung von förderlichen *Lactobacilli*. Zusätzlich kann Schlafmangel, sowie auch Schlafstörungen zu einer verringerten Insulinsensitivität führen. Dies verstärkt das Hungergefühl und reduziert ebenso das spontane Bewegungsverhalten.<sup>227,228</sup>

## Stressbewältigung

Stress rüttelt an der Stabilität deines Mikrobioms. Studien haben gezeigt, dass hohe Stressbelastung die Diversität und den Artenreichtum des Mikrobioms verändert. Vor allem *Lactobacillen* werden durch zu viel Stress reduziert. Versuche dein Stressausmaß auf niedrigem Level zu halten oder durch gezielte Übungen, wie z.B. Meditation oder Yoga, in schwierigen Phasen besser damit umzugehen.<sup>229,230</sup>

## Giftbelastung

Über Alkohol, Süßstoffe, Nikotin, Medikamente, etc. freuen sich deine Darmbakterien weniger, denn diese sind als "Mikrobiom-Giftstoffe" anzusehen. Versuche deshalb, sie zu reduzieren, um dein Mikrobiom leistungsfähiger zu machen.

So verändert Rauchen nachweislich das Mikrobiom in deinem Mund und die in Zigaretten enthaltenen Chemikalien irritieren Gewebe. Auch das Verhältnis an *Firmicutes* zu *Bacteroidetes* in deinem Darm leidet darunter.

Alkohol ist schwer verdaulich und schädigt die Leber. Zusätzlich führt Alkohol zu Schleimhautschäden, sowie zu einer Ausuferung des Gleichgewichts des Mikrobioms (=Dysbiose) und erhöht das Risiko für einen "leaky gut".

Vermeide daher - vor allem erst recht, wenn du gerade unter Bauchschmerzen leidest, beide Stimuli!<sup>231,232</sup>

## Über den Test

### Über myBioma

In unserem Verdauungssystem ist das Mikrobiom von besonderer Wichtigkeit für Gesundheit und Krankheit. Das Mikrobiom sind alle Bakterien, Viren, Pilze und Organismen, die für das bloße Auge nicht sichtbar sind. Es trainiert unser Immunsystem von Geburt an und beeinflusst tiefgreifend die Entstehung vieler ernstzunehmender Erkrankungen wie Diabetes, Übergewicht, Reizdarmsyndrom, Parkinson und sogar Darmkrebs.

Wir – das Team von myBioma – entwickeln einfach durchführbare stuhlbasierende Analysetests und kombinieren diese mit intelligenten Algorithmen und einer wachsenden Wissensdatenbank.

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

### Methoden & Einschränkungen

Beim myBioma Selbsttest wird bakterielle DNA extrahiert, ein Marker, das in allen Bakterien vorhanden ist, durch Polymerase-Kettenreaktion (PCR) amplifiziert und anschließend mittels NGS analysiert. Die Sequenzdaten werden unter Verwendung eines eigenen phylogenetischen Analysealgorithmus verarbeitet. Diese Analyse führt zur Identifizierung deines bakteriellen Mikrobioms.

Unser wissenschaftliche Kooperationspartner ist die Medizinische Universität Wien. Dieser führt die Extraktions- und Sequenzierungsschritte nach einem standardisierten Protokoll durch, um so vergleichbare Daten zu generieren. Die Entwicklung des Analysetests, bioinformatische Analytik und Interpretation der Daten nach der Sequenzierung wird von myBioma durchgeführt. So gewährleisten wir eine Standardisierung der Verfahrensschritte, das für die Mikrobiom-Untersuchung essentiell ist und den Vergleich zu Folgeuntersuchungen ermöglicht.

## Literaturverzeichnis

- [1] Costea PI, et al. Towards standards for human fecal sample processing in metagenomic studies, *Nat Biotechnol.* 35(11):1069-1076 (2017).
- [2] Debelius J, et al. Tiny microbes, enormous impacts: what matters in gut microbiome studies? *Genome Biology* 17:217 (2016).
- [3] The Integrative HMP (iHMP) Research Network Consortium, The Integrative Human Microbiome Project: Dynamic Analysis of Microbiome-Host Omics Profiles during Periods of Human Health and Disease. *Cell Host Microbe*, 16(3): 276–289 (2014).
- [4] Knight R, et al. Best practices for analysing microbiomes. *Nat Rev Microbiol.* 16(7):410-422 (2018).
- [5] Huse SM, et al. A Core Human Microbiome as Viewed through 16S rRNA Sequence Clusters. *PLoS ONE* 7(6): e34242. (2012).
- [6] Human Microbiome Project Consortium, A framework for human microbiome research, *Nature* 486(7402):215-221. (2012).
- [7] Donaldson GP, Lee,MS, Mazmanian SK, Gut biogeography of the bacterial microbiota. *Nat Rev Microbiol* 14, 20–32 (2015).
- [8] Li J, et al. An integrated catalog of reference genes in the human gut microbiome. *Nat Biotechnol* 32, 834–841 (2014).
- [9] Chatelier E, et al. Richness of human gut microbiome correlates with metabolic markers. *Nature* 500, 541 (2013).
- [10] Cotillard A, et al. Dietary intervention impact on gut microbial gene richness. *Nature* 500, 585 (2013).
- [11] Lozupone CA, et al. Diversity, stability and resilience of the human gut microbiota. *Nature* 489, 220 (2012).
- [12] Yatsunenkov T, et al. Human gut microbiome viewed across age and geography. *Nature* 486, 222 (2012).
- [13] Human Microbiome Project Consortium, Structure, function and diversity of the healthy human microbiome, *Nature* 486:207-214. (2012).
- [14] 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.* 54(4):1137-43 (2004).
- [15] O'Callaghan A, et al. Bifidobacteria and Their Role as Members of the Human Gut Microbiota. *Front Microbiol.* 7: 925 (2016).
- [16] 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).
- [17] Khalif I, et al. Alterations in the colonic flora and intestinal permeability and evidence of immune activation in chronic constipation. *Digest Liver Dis* 37, 838–849 (2005).
- [18] Malinen E, et al. Association of symptoms with gastrointestinal microbiota in irritable bowel syndrome. *World J Gastroentero* 16, 4532–4540 (2010).
- [19] Turnbaugh PJ, et al. A core gut microbiome in obese and lean twins. *Nature* 457, 480 (2008).
- [20] Mayengbam S, et al. Impact of dietary fiber supplementation on modulating microbiota-host-metabolic axes in obesity. *J Nutritional Biochem* (2018).
- [21] 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).
- [22] Armougom F, et al. Monitoring Bacterial Community of Human Gut Microbiota Reveals an Increase in *Lactobacillus* in Obese Patients and Methanogens in Anorexic Patients. *Plos One* 4, e7125 (2009).
- [23] Million M, et al. Obesity-associated gut microbiota is enriched in *Lactobacillus reuteri* and depleted in *Bifidobacterium animalis* and *Methanobrevibacter smithii*. *Int J Obesity* 36, 817 (2011).
- [24] Marco ML, et al. Health benefits of fermented foods: microbiota and beyond, *Curr Opin Biotechnol.* 44:94-102. (2017)
- [25] Foulquie Moreno MR, et al. The role and application of enterococci in food and health, *Int J Food Microbiology*, 106(1):1-24 (2006)
- [26] Holzapfel WH, et al. Taxonomy and important features of probiotic microorganisms in food and nutrition , *American J Clinical Nutrition*,73(2):365S–373 (2001).
- [27] Langille MG, et al. Predictive functional profiling of microbial communities using 16S rRNA marker gene sequences. *Nature Biotechnology* 31:814–821 (2013).
- [28] Gao J, et al. Predictive functional profiling using marker gene sequences and community diversity analyses of microbes in full-scale anaerobic sludge digesters. *Bioprocess Biosyst Eng.* 39(7):1115-27 (2016).
- [29] Chen L, et al. Assessment of Bacterial Communities and Predictive Functional Profiling in Soils Subjected to Short-Term Fumigation-Incubation. *Microb Ecol.* 72(1):240-251 (2016).
- [30] Myers L, et al. Isolation of enterotoxigenic *Bacteroides fragilis* from humans with diarrhea. *J Clin Microbiol* 25, 2330–3 (1987).
- [31] Sears CL, et al. Association of Enterotoxigenic *Bacteroides fragilis* Infection with Inflammatory Diarrhea. *Clin Infect Dis* 47, 797–803 (2008).
- [32] Parthasarathy G, et al. Relationship Between Microbiota of the Colonic Mucosa vs Feces and Symptoms, Colonic Transit, and Methane Production in Female Patients With Chronic Constipation. *Gastroenterology* 150, 367–379.e1 (2016).
- [33] Pawlowski SW, et al. Diagnosis and Treatment of Acute or Persistent Diarrhea. *Gastroenterology* 136, 1874–1886 (2009).
- [34] Lopez-Siles M, et al. Mucosa-associated *Faecalibacterium prausnitzii* phylotype richness is reduced in patients with inflammatory bowel disease. *Appl Environ Microbiol.* 81(21):7582-92 (2015).

- [35] Jalanka-Tuovinen J, et al. Faecal microbiota composition and host-microbe cross-talk following gastroenteritis and in postinfectious irritable bowel syndrome. *Gut* 63, 1737 (2014).
- [36] Miquel S, et al. Identification of Metabolic Signatures Linked to Anti-Inflammatory Effects of Faecalibacterium prausnitzii. *MBio* 6:2 (2015).
- [37] Lopetuso LR, et al. Gut Microbiota in Health, Diverticular Disease, Irritable Bowel Syndrome, and Inflammatory Bowel Diseases: Time for Microbial Marker of Gastrointestinal Disorders. *Dig Dis.* 36(1):56-65 (2018).
- [38] Kleinman SC, et al. The Intestinal Microbiota in Acute Anorexia Nervosa and During Renourishment: Relationship to Depression, Anxiety, and Eating Disorder Psychopathology. *Psychosom Med.* 77(9):969-81 (2015).
- [39] McGaughey KD, et al. Relative abundance of Akkermansia spp. and other bacterial phylotypes correlates with anxiety- and depressive-like behavior following social defeat in mice. *Nature Sci Rep.* 9(1):3281 (2019).
- [40] Mearin F, et al. Dyspepsia and Irritable Bowel Syndrome After a Salmonella Gastroenteritis Outbreak: One-Year Follow-up Cohort Study. *Gastroenterology* 129, 98-104 (2005).
- [41] Andrew M et al. Associations among diet, the gastrointestinal microbiota, and negative emotional states in adults, *Nutr Neurosci.* 22:1-10 (2019).
- [42] Ferguson JF, et al. Nutrigenomics, the Microbiome, and Gene-Environment Interactions: New Directions in Cardiovascular Disease Research, Prevention, and Treatment. A Scientific Statement from the American Heart Association. *Circ Cardiovasc Genet* (2016).
- [43] Tang WHW, et al. Dietary metabolism, the gut microbiome, and heart failure. *Nat Rev Cardiol.* ;16(3):137-154 (2019).
- [44] Jonsson AL, et al. Role of gut microbiota in atherosclerosis. *Nat Rev Cardiol.* 14(2):79-87 (2017).
- [45] Luedde M, et al. Heart failure is associated with depletion of core intestinal microbiota. *ESC Heart Fail.* 4, 282-290 (2017).
- [46] Kummen M, et al. The gut microbial profile in patients with primary sclerosing cholangitis is distinct from patients with ulcerative colitis without biliary disease and healthy controls. *Gut* 66, 611-619 (2017).
- [47] Haro C. et al, The gut microbial community in metabolic syndrome patients is modified by diet. *J Nutr Biochem.* 27:27-31 (2016).
- [48] Jandhyala SM, et al. Role of the normal gut microbiota. *World J Gastroenterol.* 21(29):8787-803 (2015).
- [49] Arumugam M, et al. Enterotypes of the human gut microbiome. *Nature* 473, 174 (2011).
- [50] Wu GD, et al. Linking Long-Term Dietary Patterns with Gut Microbial Enterotypes. *Science* 334, 105-108 (2011).
- [51] Costea PI, et al. Enterotypes in the landscape of gut microbial community composition. *Nat Microbiol* 3, 8-16 (2018).
- [52] Schmidt T, et al. The Human Gut Microbiome: From Association to Modulation. *Cell* 172, 1198-1215 (2018).
- [53] Hayashi, H, et al. *Prevotella copri* sp. nov. and *Prevotella stercorea* sp. nov., isolated from human faeces. *Int J Syst Evol Micr* 57, 941-946 (2007).
- [54] Ley RE, et al. Microbial ecology: Human gut microbes associated with obesity. *Nature* 444, 1022 (2006).
- [55] Schloss PD, et al. Status of the Archaeal and Bacterial Census: an Update. *Mbio* 7, e00201-16 (2016).
- [56] Zhernakova A., et al. Population-based metagenomics analysis reveals markers for gut microbiome composition and diversity. *Science* 352, 565-569 (2016).
- [57] Cornejo-Pareja I, et al. Importance of gut microbiota in obesity, *Nature* (2018)
- [58] Hildebrandt MA, et al. High-Fat Diet Determines the Composition of the Murine Gut Microbiome Independently of Obesity. *Gastroenterology* 137, 1716-1724.e2 (2009).
- [59] Verdum FJ, et al. Human intestinal microbiota composition is associated with local and systemic inflammation in obesity. *Obesity* 21, E607-E615 (2013).
- [60] Forslund K, et al. Disentangling type 2 diabetes and metformin treatment signatures in the human gut microbiota. *Nature* 528, 262 (2015).
- [61] Everard A, et al. Cross-talk between Akkermansia muciniphila and intestinal epithelium controls diet-induced obesity. *Proc National Acad Sci* 110, 9066-9071 (2013).
- [62] Dao M, et al. Akkermansia muciniphila and improved metabolic health during a dietary intervention in obesity: relationship with gut microbiome richness and ecology. *Gut* 65, 426 (2016).
- [63] Schneeberger M, et al. Akkermansia muciniphila inversely correlates with the onset of inflammation, altered adipose tissue metabolism and metabolic disorders during obesity in mice. *Sci Rep-uk* 5, srep16643 (2015).
- [64] Zupancic ML, et al. Analysis of the Gut Microbiota in the Old Order Amish and Its Relation to the Metabolic Syndrome. *Plos One* 7, e43052 (2012).
- [65] Zhu L, et al. Characterization of gut microbiomes in nonalcoholic steatohepatitis (NASH) patients: A connection between endogenous alcohol and NASH. *Hepatology* 57, 601-609 (2013).
- [66] Raman M, et al. Fecal Microbiome and Volatile Organic Compound Metabolome in Obese Humans With Nonalcoholic Fatty Liver Disease. *Clin Gastroenterol H* 11, 868-875.e3 (2013).
- [67] Schwartz A, et al. Microbiota and SCFA in Lean and Overweight Healthy Subjects. *Obesity* 18, 190-195 (2010).
- [68] Qin J, et al. A metagenome-wide association study of gut microbiota in type 2 diabetes. *Nature* 490, 55 (2012).
- [69] Lambeth SM, et al. Composition, Diversity and Abundance of Gut Microbiome in Prediabetes and Type 2 Diabetes, *J Diabetes Obes.* 2(3): 1-7, (2015).

- [70] Zhang X, et al. Human Gut Microbiota Changes Reveal the Progression of Glucose Intolerance. *Plos One* 8, e71108 (2013).
- [71] Pedersen H, et al. Human gut microbes impact host serum metabolome and insulin sensitivity. *Nature* 535, 376 (2016).
- [72] Murri M, et al. Gut microbiota in children with type 1 diabetes differs from that in healthy children: a case-control study. *Bmc Med* 11, 46 (2013).
- [73] Moreno-Indias I, et al. Insulin resistance is associated with specific gut microbiota in appendix samples from morbidly obese patients. *Am J Transl Res* 8, 5672–5684 (2016).
- [74] Wu X, et al. Molecular Characterisation of the Faecal Microbiota in Patients with Type II Diabetes. *Curr Microbiol* 61, 69–78 (2010).
- [75] Larsen N, et al. Gut Microbiota in Human Adults with Type 2 Diabetes Differs from Non-Diabetic Adults. *Plos One* 5, e9085 (2010).
- [76] Clarke SF, et al. The gut microbiota and its relationship to diet and obesity. *Gut Microbes* 3, 186–202 (2012).
- [77] Santacruz A, et al. Gut microbiota composition is associated with body weight, weight gain and biochemical parameters in pregnant women. *Brit J Nutr* 104, 83–92 (2010).
- [78] Clarke SF, et al. Exercise and associated dietary extremes impact on gut microbial diversity. *Gut* 63, 1913 (2014).
- [79] Karlsson FH, et al. Gut metagenome in European women with normal, impaired and diabetic glucose control. *Nature* 498, 99 (2013).
- [80] Cani PD, Human gut microbiome: hopes, threats and promises. *Gut*; 67(9): 1716–1725 (2018).
- [81] Sohail MU, et al. Role of the Gastrointestinal Tract Microbiome in the Pathophysiology of Diabetes Mellitus. *Journal of Diabetes Research* 2017:9631435, 9 (2017).
- [82] Wang N, et al. Proteomics, metabolomics and metagenomics for type 2 diabetes and its complications. *Life Science* 1;212:194-202 (2018).
- [83] Maslowski KM, et al. Regulation of inflammatory responses by gut microbiota and chemoattractant receptor GPR43. *Nature* 461, 1282 (2009).
- [84] Mokhtari Z, et al. Nonalcoholic Fatty Liver Disease, the Gut Microbiome, and Diet. *Adv Nutr.* 8(2):240-252 (2017).
- [85] Nistal E, et al. An altered fecal microbiota profile in patients with non- alcoholic fatty liver disease (NAFLD) associated with obesity. *Rev Esp Enferm Dig.* 111(4):275-282 (2019).
- [86] Madi A, et al. *Pseudomonas fluorescens* alters epithelial permeability and translocates across Caco-2/TC7 intestinal cells. *Gut Pathog* 2, 16 (2010).
- [87] Hiippala K, et al. Mucosal Prevalence and Interactions with the Epithelium Indicate Commensalism of *Sutterella* spp. *Front Microbiol* 7, 1706 (2016).
- [88] David LA, et al. Diet rapidly and reproducibly alters the human gut microbiome. *Nature* 505, 559 (2014).
- [89] Mu Q, et al. Leaky Gut As a Danger Signal for Autoimmune Diseases. *Front Immunol*; 8:598 (2017).
- [90] Sicard JF, et al. Interactions of Intestinal Bacteria with Components of the Intestinal Mucus. *Front Cell Infect Microbiol*;7:387 (2017).
- [91] Cruz-Aguliar RM, et al. An Open-Labeled Study on Fecal Microbiota Transfer in Irritable Bowel Syndrome Patients Reveals Improvement in Abdominal Pain Associated with the Relative Abundance of *Akkermansia muciniphila*. *Digestion* 1–12 (2018).
- [92] Turrone F, et al. Role of sortase-dependent pili of *Bifidobacterium bifidum* PRL2010 in modulating bacterium–host interactions. *Proc National Acad Sci* 110, 11151–11156 (2013).
- [93] Fanning, S. et al. Bifidobacterial surface-exopolysaccharide facilitates commensal-host interaction through immune modulation and pathogen protection. *Proc National Acad Sci* 109, 2108–2113 (2012).
- [94] Coyne MJ, et al. Human Symbionts Use a Host-Like Pathway for Surface Fucosylation. *Science* 307, 1778–1781 (2005).
- [95] Huang JY, et al. The human commensal *Bacteroides fragilis* binds intestinal mucin. *Anaerobe* 17, 137–141. (2011).
- [96] Ley RE. Gut microbiota in 2015: *Prevotella* in the gut: choose carefully. *Nat Rev Gastroenterology Hepatology* 13, 69–70 (2016).
- [97] Png CW, et al. Mucolytic bacteria with increased prevalence in IBD mucosa augment in vitro utilization of mucin by other bacteria. *Am J Gastroenterol.*, 105(11):2420-8 (2010).
- [98] Crost EH, et al. Utilisation of mucin glycans by the human gut symbiont *Ruminococcus gnavus* is strain-dependent. *PLoS One*;8(10):e76341 (2013).
- [99] Jeffery IB, et al. An irritable bowel syndrome subtype defined by species-specific alterations in faecal microbiota. *Gut* 61, 997 (2012).
- [100] Peter J, et al. A Microbial Signature of Psychological Distress in Irritable Bowel Syndrome. *Psychosom Med.*, 80(8): 698–709 (2018).
- [101] Rajilić-Stojanović M, et al. Intestinal Microbiota And Diet in IBS: Causes, Consequences, or Epiphenomena? *Am J Gastroenterology* 110, 278 (2015).
- [102] Rajilić-Stojanović M, et al. Global and Deep Molecular Analysis of Microbiota Signatures in Fecal Samples From Patients With Irritable Bowel Syndrome. *Gastroenterology* 141, 1792–1801 (2011).
- [103] Frank DN, et al. Disease phenotype and genotype are associated with shifts in intestinal-associated microbiota in inflammatory bowel diseases. *Inflamm Bowel Dis* 17, 179–184 (2011).
- [104] Kassinen A, et al. The Fecal Microbiota of Irritable Bowel Syndrome Patients Differs Significantly From That of Healthy Subjects. *Gastroenterology* 133, 24–33 (2007).
- [105] Lyra A, et al. Diarrhoea-predominant irritable bowel syndrome distinguishable by 16S rRNA gene phylotype quantification. *World J Gastroentero* 15, 5936–5945 (2009).



- [106] Hynönen U, et al. Isolation and whole genome sequencing of a Ruminococcus-like bacterium, associated with irritable bowel syndrome. *Anaerobe* 39, 60–67 (2016).
- [107] Salonen A, de Vos, W. M., & Palva, A. Gastrointestinal microbiota in irritable bowel syndrome: present state and perspectives. *Microbiology*, 156(11), 3205–3215 (2010).
- [108] Kerckhoffs AP, et al. Lower Bifidobacteria counts in both duodenal mucosa-associated and fecal microbiota in irritable bowel syndrome patients. *World J Gastroentero* 15, 2887–2892 (2009).
- [109] Sokol H, et al. Faecalibacterium prausnitzii is an anti-inflammatory commensal bacterium identified by gut microbiota analysis of Crohn disease patients. *Proc National Acad Sci* 105, 16731–16736 (2008).
- [110] Mangiola F, et al. Gut microbiota in autism and mood disorders. *World J Gastroentero* 22, 361–368 (2016).
- [111] Jiang, H, et al. Altered fecal microbiota composition in patients with major depressive disorder. *Brain Behav. Immun.* 48, 186–194 (2015).
- [112] Valles-Colomer M, et al. The neuroactive potential of the human gut microbiota in quality of life and depression. *Nature Microbiology* (2019).
- [113] Huang Y, et al. Possible association of Firmicutes in the gut microbiota of patients with major depressive disorder, *Neuropsychiatric Disease and Treatment* 14 3329–3337 (2018).
- [114] Messaoudi M, et al. Assessment of psychotropic-like properties of a probiotic formulation (Lactobacillus helveticus R0052 and Bifidobacterium longum R0175) in rats and human subjects, *British Journal of Nutrition* 105:5 755-764 (2011).
- [115] Taverniti V, et al. health-promoting properties of Lactobacillus helveticus, *Frontiers in Mircobiology* 3:392 (2012).
- [116] Pedersen N, et al. Ehealth: Low FODMAP diet vs Lactobacillus rhamnosus GG in irritable bowel syndrome, *Gastroenterology* 20:43 16215 (2014).
- [117] Aizawa E, et al. Possible association of Bifidobacterium and Lactobacillus in the gut microbiota of patients with major depressive disorder, *Journal of Affective Disorders* (2016).
- [118] Bolca, S. & Verstraete, W. Microbial equol production attenuates colonic methanogenesis and sulphidogenesis in vitro. *Anaerobe* 16, 247–252 (2010).
- [119] Vaughn AR, et al. Skin-gut axis: The relationship between intestinal bacteria and skin health. *World J Dermatol.* 6(4): 52-58 (2017).
- [120] Jalanka-Tuovinen J, et al. Intestinal Microbiota in Healthy Adults: Temporal Analysis Reveals Individual and Common Core and Relation to Intestinal Symptoms. *Plos One* 6, e23035 (2011).
- [121] Manichanh C, et al. Anal gas evacuation and colonic microbiota in patients with flatulence: effect of diet. *Gut* 63, 401 (2014).
- [122] Mancabelli L, et al. Unveiling the gut microbiota composition and functionality associated with constipation through metagenomic analyses. *Sci Rep-uk* 7, 9879 (2017).
- [123] Chassard C, et al. Functional dysbiosis within the gut microbiota of patients with constipated-irritable bowel syndrome. *Aliment Pharm Therap* 35, 828–838 (2012).
- [124] Zhao Y, Yu, YB Intestinal microbiota and chronic constipation. *Springerplus* 5, 1130 (2016).
- [125] Bajaj JS, et al. Linkage of gut microbiome with cognition in hepatic encephalopathy. *Am J Physiol-gastr L* 302, G168–G175 (2012).
- [126] Bajaj JS, et al. Colonic mucosal microbiome differs from stool microbiome in cirrhosis and hepatic encephalopathy and is linked to cognition and inflammation. *Am J Physiol-gastro* 303, G675–G685 (2012).
- [127] Henao-Mejia J, et al. Inflammasome-mediated dysbiosis regulates progression of NAFLD and obesity. *Nature* 482, 179 (2012).
- [128] Jiang, W, et al. Dysbiosis gut microbiota associated with inflammation and impaired mucosal immune function in intestine of humans with non-alcoholic fatty liver disease. *Sci Rep-uk* 5, 8096 (2015).
- [129] Boursier J, et al. The severity of nonalcoholic fatty liver disease is associated with gut dysbiosis and shift in the metabolic function of the gut microbiota, *Hepatology*, 63(3):764-75 (2016).
- [130] Mouzaki M, et al. Intestinal microbiota in patients with nonalcoholic fatty liver disease. *Hepatology* 58, 120–127 (2013).
- [131] Stern JM, et al. Evidence for a distinct gut microbiome in kidney stone formers compared to non-stone formers. *Urolithiasis* 44, 399–407 (2016).
- [132] Stewart CS, et al. Oxalobacter formigenes and its role in oxalate metabolism in the human gut. *Fems Microbiol Lett* 230, 1–7 (2004).
- [133] Sidhu H, et al. Absence of Oxalobacter formigenes in cystic fibrosis patients: a risk factor for hyperoxaluria. *Lancet* 352, 1026–1029 (1998).
- [134] Duncan SH, et al. Oxalobacter formigenes and Its Potential Role in Human Health. *Appl Environ Microb* 68, 3841–3847 (2002).
- [135] Barnett C, et al. The Presence of Oxalobacter formigenes in the Microbiome of Healthy Young Adults. *J Urology* 195, 499–506 (2016).
- [136] Mehta M, et al. The role of the microbiome in kidney stone formation. *Int J Surg* 36, 607–612 (2016).
- [137] Whisner CM, et al. Diet, physical activity and screen time but not body mass index are associated with the gut microbiome of a diverse cohort of college students living in university housing: a cross-sectional study. *BMC Microbiol.*;18(1):210 (2018).
- [138] Del Chierico F, et al. Gut Microbiota Markers in Obese Adolescent and Adult Patients: Age-Dependent Differential Patterns. *Front Microbiol.* 9:1210 (2018).
- [139] Xu J, et al. Evolution of symbiotic bacteria in the distal human intestine. *PLoS Biol.* 5(7):e156 (2007).

- [140] Wang K, et al. Parabacteroides distasonis Alleviates Obesity and Metabolic Dysfunctions via Production of Succinate and Secondary Bile Acids. *Cell Rep.*26(1):222-235 (2019).
- [141] Haro C, et al. The gut microbial community in metabolic syndrome patients is modified by diet. *J Nutr Biochem.* 27:27-31 (2016).
- [142] DaSilva HE, et al. Nonalcoholic fatty liver disease is associated with dysbiosis independent of body mass index and insulin resistance. *Sci Rep.* 8(1):1466 (2018).
- [143] Jiang W, et al. Dysbiosis gut microbiota associated with inflammation and impaired mucosal immune function in intestine of humans with non-alcoholic fatty liver disease. *Sci Rep.* 5:8096 (2015).
- [144] Zhu L, et al. Characterization of gut microbiomes in nonalcoholic steatohepatitis (NASH) patients: a connection between endogenous alcohol and NASH. *Hepatology* 57(2):601-9 (2013).
- [145] Del Chierico F, et al. Gut microbiota profiling of pediatric nonalcoholic fatty liver disease and obese patients unveiled by an integrated meta-omics-based approach. *Hepatology*, 65(2):451-464 (2017).
- [146] Khlevner J, et al. Brain-Gut Axis: Clinical Implications. *Gastroenterol Clin North Am.* 47(4):727-739 (2018).
- [147] Hwang N, et al. Genes and Gut Bacteria Involved in Luminal Butyrate Reduction Caused by Diet and Loperamide. *Genes (Basel)* 28;8(12) (2017).
- [148] Lin HX, et al. The long term effect of metabolic profile and microbiota status in early gastric cancer patients after subtotal gastrectomy. *PLoS One.*;13(11):e0206930 (2018).
- [149] Medina-Vera I, et al. A dietary intervention with functional foods reduces metabolic endotoxaemia and attenuates biochemical abnormalities by modifying faecal microbiota in people with type 2 diabetes. *Diabetes Metab.:* S1262-3636(18)30175-7 (2018).
- [150] Díaz-Rizzolo DA, et al. Healthy dietary pattern and their corresponding gut microbiota profile are linked to a lower risk of type 2 diabetes, independent of the presence of obesity. *Clin Nutr.:* S0261-5614(19)30089-5 (2019).
- [151] Wie S, et al. Intermittent administration of a fasting-mimicking diet intervenes in diabetes progression, restores  $\beta$  cells and reconstructs gut microbiota in mice. *Nutr Metab* ;15:80 (2018).
- [152] Hod K, et al. The effect of a multispecies probiotic on microbiota composition in a clinical trial of patients with diarrhea-predominant irritable bowel syndrome. *Neurogastroenterol Motil.* 30(12):e13456 (2018).
- [153] Cheung SG, et al. Systematic Review of Gut Microbiota and Major Depression. *Front Psychiatry.* 10:34 (2019).
- [154] Hadizadeh F, et al. Faecal microbiota composition associates with abdominal pain in the general population. *Gut* 67(4):778-779 (2018).
- [155] Baron E, *Bifidobacterium wadsworthia*: a Unique Gram-negative Anaerobic Rod. *Anaerobe* 3, 83–86 (1997).
- [156] Suarez F, et al. Identification of gases responsible for the odour of human flatus and evaluation of a device purported to reduce this odour. *Gut* 43, 100 (1998).
- [157] Mari A, et al. Bloating and Abdominal Distension: Clinical Approach and Management. *Adv Ther.* 2019 (2019).
- [158] Malagelada JR, et al. Bloating and Abdominal Distension: Old Misconceptions and Current Knowledge. *Am J Gastroenterol.* 112(8):1221-1231 (2018).
- [159] Zhang H, et al. Human gut microbiota in obesity and after gastric bypass. *Proc Natl Acad Sci U S A* 106(7):2365-70 (2009).
- [160] Giancchetti E, Fierabracci A, Recent Advances on Microbiota Involvement in the Pathogenesis of Autoimmunity. *Int. Journal of Mol Science* 20(283) (2019).
- [161] Safari Z, Gerard P, The links between the gut microbiome and non-alcoholic fatty liver disease (NAFLD), *Cellular and Molecular Life Sciences* 76(8):1541-1558, (2019).
- [162] Salem I, et al. The Gut Microbiome as a Major Regulator of the Gut-Skin Axis. *Front. Microbiol.* 9:1459 (2019).
- [163] Chiu CM, et al. Systematic Analysis of the Association between Gut Flora and Obesity through High-Throughput Sequencing and Bioinformatics Approaches. *BioMed Research International* 2014: 906168 (2014).
- [164] Kim YA, et al. Probiotics, prebiotics, synbiotics and insulin sensitivity. *Nutrition Research Reviews* 2017: 1-17 (2017).
- [165] Al-Otaibi FE, Al-Mohizea MM, Non-vertebral *Veillonella* species septicemia and osteomyelitis in a patient with diabetes: a case report and review of the literature, *J Med Case Rep.* 8:365 (2014).
- [166] Lippert K, et al. Gut microbiota dysbiosis associated with glucose metabolism disorders and the metabolic syndrome in older adults. *Benef Microbes.* 8(4):545-556 (2017).
- [167] Barreau F, Hugot J, Intestinal barrier dysfunction triggered by invasive bacteria. *Curr Opin Microbiol* 17, 91–98 (2014).
- [168] Mazzawi T, et al. The kinetics of gut microbial community composition in patients with irritable bowel syndrome following fecal microbiota transplantation. *PLoS ONE* 13(11): e0194904 (2018).
- [169] Dunlop SP, et al. Relative importance of enterochromaffin cell hyperplasia, anxiety, and depression in postinfectious IBS. *Gastroenterology* 125, 1651–1659 (2003).
- [170] Spiller RC, Role of infection in irritable bowel syndrome. *J Gastroenterol* 42, 41–47 (2007).
- [171] Simren M, et al. Intestinal microbiota in functional bowel disorders: a Rome foundation report. *Gut* 62(1):159–176 (2013).
- [172] Niccolai E, et al. The Gut–Brain Axis in the Neuropsychological Disease Model of Obesity: A Classical Movie Revised by the Emerging Director “Microbiome”. *Nutrients* 11:156 (2019).



- [173] Duncan SH, et al. Proposal of *Roseburia faecis* sp. nov., *Roseburia hominis* sp. nov. and *Roseburia inulinivorans* sp. nov., based on isolates from human faeces. *Int. J. Syst. Evol. Microbiol.* 56, 2437–2441 (2006).
- [174] Louis P, Flint HJ, Formation of propionate and butyrate by the human colonic microbiota. *Environ. Microbiol.* 19, 29–41 (2017).
- [175] Forbes JD, et al. A comparative study of the gut microbiota in immune-mediated inflammatory diseases—does a common dysbiosis exist? *Microbiome* 6:221 (2018).
- [176] Caussy C, et al. A gut microbiome signature for cirrhosis due to nonalcoholic fatty liver disease. *Nat Commun.* 10(1):1406 (2019).
- [177] Tana C, et al. Altered profiles of intestinal microbiota and organic acids may be the origin of symptoms in irritable bowel syndrome. *Neurogastroenterol Motil.* 22(5):512-9, e114-5 (2010).
- [178] Lopes-Siles M, et al. Alterations in the Abundance and Co-occurrence of *Akkermansia muciniphila* and *Faecalibacterium prausnitzii* in the Colonic Mucosa of Inflammatory Bowel Disease Subjects. *Front Cell Infect Microbiol.* 8:281 (2018).
- [179] Qin N, et al. Alterations of the human gut microbiome in liver cirrhosis. *Nature* 513:59–64 (2014).
- [180] Zheng P, et al. Gut microbiome remodeling induces depressive-like behaviors through a pathway mediated by the host's metabolism. *Mol Psychiatry.* 21(6):786-96 (2016).
- [181] Mack I, et al. Weight gain in anorexia nervosa does not ameliorate the faecal microbiota, branched chain fatty acid profiles, and gastrointestinal complaints. *Sci. Rep.* 6:26752 (2016).
- [182] Allen AP, et al. *Bifidobacterium longum* 1714 as a translational psychobiotic: Modulation of stress electrophysiology and neurocognition in health volunteers. *Translational Psychiatry* 6:11 e939 (2016).
- [183] Guyonnet D, et al. Effect of a fermented milk containing *Bifidobacterium animalis* DN-173 010 on the health-related quality of life and symptoms in irritable bowel syndrome in adults in primary care: a multicenter, randomized, double-blind, controlled trial. *Alimentary Pharmacology & Therapeutics* 26:3 475-486 (2007).
- [184] Codoñer FM, et al. Gut microbial composition in patients with psoriasis. *Sci. Rep.* 8:3812 (2018).
- [185] Loomba R, et al. Gut microbiome-based metagenomic signature for non-invasive detection of advanced fibrosis in human nonalcoholic fatty liver disease. *Cell Metab* 25(5):1054–1062.e1055 (2017).
- [186] Scher JU, et al. Expansion of intestinal *Prevotella copri* correlates with enhanced susceptibility to arthritis. *Elife* 2, e01202 (2013).
- [187] Kimura Y, et al. Periodontal pathogens participate in synovitis in patients with rheumatoid arthritis in clinical remission: a retrospective case–control study. *Rheumatology* 54, 2257–2263 (2015).
- [188] Yeoh, N, et al. The role of the microbiome in rheumatic diseases. *Curr. Rheumatol. Rep.* 15 (2013).
- [189] Picchianti-Diamanti A, et al. Analysis of Gut Microbiota in Rheumatoid Arthritis Patients: Disease-Related Dysbiosis and Modifications Induced by Etanercept. *Int. J. Mol. Sci.* 19:2938. (2018).
- [190] Mclean MH, Dieguez D, Miller LM, Young HA. Does the microbiota play a role in the pathogenesis of autoimmune diseases? *Gut*, 64(2):332-41 (2015).
- [191] Chen J, et al. An expansion of rare lineage intestinal microbes characterizes rheumatoid arthritis. *Genome Med.* 8:43 (2016).
- [192] Alpizar-Rodriguez D, et al. *Prevotella copri* in individuals at risk for rheumatoid arthritis. *Ann Rheum Dis* 78(5):590-593 (2019).
- [193] Horta-Baas G, et al. Intestinal dysbiosis and rheumatoid arthritis: a link between gut microbiota and the pathogenesis of rheumatoid arthritis. *J Immunol Res.* 2017:1–13 (2017).
- [194] Forbes JD, et al. A comparative study of the gut microbiota in immune-mediated inflammatory diseases—does a common dysbiosis exist? *Microbiome* 6(1):2212 (2018).
- [195] Pianta, A. et al. Evidence of the Immune Relevance of *Prevotella copri*, a Gut Microbe, in Patients With Rheumatoid Arthritis. *Arthritis Rheumatol* 69, 964–975 (2017).
- [196] Moen K, et al. Immunoglobulin G and A Antibody Responses to *Bacteroides forsythus* and *Prevotella intermedia* in Sera and Synovial Fluids of Arthritis Patients. *Clin Diagn Lab Immunol* 10, 1043–1050 (2003).
- [197] Eppinga H, et al. Similar depletion of protective *Faecalibacterium prausnitzii* in psoriasis and inflammatory bowel disease, but not in *Hidradenitis suppurativa*. *J. Crohn's Colitis* (2015).
- [198] Scher JU, et al. Decreased bacterial diversity characterizes the altered gut microbiota in patients with psoriatic arthritis, resembling dysbiosis in inflammatory bowel disease. *Arthritis Rheumatol.* 67, 128–139 (2015).
- [199] Santacruz A, et al. Interplay between weight loss and gut microbiota composition in overweight adolescents. *Obesity (Silver Spring)* 17(10):1906-15 (2009).
- [200] Song, H, et al. *Faecalibacterium prausnitzii* subspecies-level dysbiosis in the human gut microbiome underlying atopic dermatitis. *J. Allergy Clin. Immunol.* 137, 852–860 (2016).
- [201] Vich Vila A, et al. Gut microbiota composition and functional changes in inflammatory bowel disease and irritable bowel syndrome. *Sci. Transl. Med.* 10, eaap8914 (2018).
- [202] Karlsson FH, et al. Symptomatic atherosclerosis is associated with an altered gut metagenome. *Nat Commun* 3, 1245 (2012).
- [203] Jie Z, et al. The gut microbiome in atherosclerotic cardiovascular disease. *Nat Commun.* 8(1):845 (2017).
- [204] Kasahara K, et al. Interactions between *Roseburia intestinalis* and diet modulate atherogenesis in a murine model. *Nat. Microbiol.* 3:1461–1471 (2018).
- [205] Kelly TN, et al. Gut Microbiome Associates With Lifetime Cardiovascular Disease Risk Profile Among Bogalusa Heart Study Participants. *Circ Res* 119, 956–964 (2016).

- [206] Johnson DI, Yersinia spp. In: Bacterial Pathogens and Their Virulence Factors. Springer, Cham 407-421 (2018).
- [207] Wu et al. Gut microbiota dysbiosis and bacterial community assembly associated with cholesterol gallstones in large-scale study. BMC Genomics 14:669 (2013).
- [208] Keren N, et al. Interactions between the intestinal microbiota and bile acids in gallstones patients. Environ Microbiol Rep 7:874 – 880 (2015).
- [209] Konikoff T, et al. Oscillospira: a Central, Enigmatic Component of the Human Gut Microbiota. Trends Microbiol. 24(7):523-524 (2017).
- [210] Qin J, et al. A human gut microbial gene catalogue established by metagenomic sequencing: commentary. Inflamm. Bowel Dis. Monit. 11:28 (2010).
- [211] Patterson AM, et al. Human Gut Symbiont Roseburia hominis Promotes and Regulates Innate Immunity. Front Immunol. 8: 1166 (2017).
- [212] Rodríguez NE, et al. Eosinophils and mast cells in leishmaniasis. Immunol. Res. 59, 129–141 (2014).
- [213] Tamanai-Shacoori Z, et al., Roseburia spp.: a marker of health?, Future Microbiol., 12:157-17 (2017).
- [214] Haro C, et al. Intestinal Microbiota Is Influenced by Gender and Body Mass Index. Plos ONE 11, e0154090 (2016).
- [215] von Ossowski, I. et al. Mucosal Adhesion Properties of the Probiotic Lactobacillus rhamnosus GG SpaCBA and SpaFED Pilin Subunits. Appl Environ Microb 76, 2049–2057 (2010).
- [216] Torres J, et al. The features of mucosa-associated microbiota in primary sclerosing cholangitis Aliment Pharmacol Ther. 43(7):790-801 (2016).
- [217] Chiang YL, et al. Bile Acid Metabolism in Liver Pathobiology. Gene Expression, The Journal of Liver Research 18(2):71-87(17) (2018).
- [218] DiCiaula A, et al. An update on the pathogenesis of cholesterol gallstone disease. Curr Opin Gastroenterol. 34(2):71-80 (2018).
- [219] Campbell AW et al. Autoimmunity and the Gut, Autoimmune Diseases (2014).
- [220] Scher JU, et al. Expansion of intestinal Prevotella copri correlates with enhanced susceptibility to arthritis. eLife ; 2: e01202 (2013).
- [221] Pierantonelli I, et al. Nonalcoholic Fatty Liver Disease: Basic Pathogenetic Mechanisms in the Progression From NAFLD to NASH. Transplantation. 103(1):e1-e13 (2019).
- [222] Ramakrishna BS, Role of the gut microbiota in human nutrition and metabolism. J Gastroenterol Hepatol 28 Suppl 4:9-17 (2013).
- [223] Biesalski HK, Nutrition meets the microbiome: micronutrients and the microbiota. Ann NY Acad Sci 1372, 53–64 (2016).
- [224] Galanakis C, Trends in Personalized Nutrition. American Press, 1st Edition, ISBN 9780128164037 (2019).
- [225] 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).
- [226] Mitchell CM, et al. Does Exercise Alter Gut Microbial Composition? A Systematic Review. Med Sci Sports Exerc. 51(1):160-167 (2019).
- [227] Sleep and Circadian Alterations and the Gut Microbiome: Associations or Causality?
- [228] "St-Onge MP, et al. Reciprocal Roles of Sleep and Diet in Cardiovascular Health: a Review of Recent Evidence and a Potential Mechanism. Curr Atheroscler Rep. 21(3):11 (2019).
- [229] Tetel MJ, et al. Steroids, stress and the gut microbiome-brain axis. J Neuroendocrinol. (2019)
- [230] Allen AP, et al. A psychology of the human brain–gut–microbiome axis. Soc Personal Psychol Compass. 11(4): e12309 (2017).
- [231] Savin Z, et al. Smoking and the intestinal microbiome. Arch Microbiol. 200(5):677-684 (2018).
- [232] Capurso G, Lahner E, The interaction between smoking, alcohol and the gut microbiome. Best Pract Res Clin Gastroenterol. 31(5):579-588 (2017).
- [233] Tingirikari JMR, Microbiota-accessible pectic poly- and oligosaccharides in gut health. Food Funct. 9(10):5059-5073 (2018).
- [234] Vital M et al. Metagenomic Insights into the Degradation of Resistant Starch by Human Gut Microbiota. Appl Environ Microbiol. 84(23) (2018).
- [235] Sheflin AM, et al. Linking dietary patterns with gut microbial composition and function. Gut Microbes. 8(2):113-129 (2017).
- [236] 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).
- [237] Filippis F, et al. High-level adherence to a Mediterranean diet beneficially impacts the gut microbiota and associated metabolome. Gut 65, 1812 (2016).
- [238] Hjorth MR, et al. Pre-treatment microbial Prevotella-to-Bacteroides ratio, determines body fat loss success during a 6-month randomized controlled diet intervention. Int J Obes (Lond). 42(3):580-583 (2018).
- [239] 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).
- [240] 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).
- [241] Beißner F, et al. Therapeutische Empfehlungen, Akupunkt 61: 2 (2018).

- [242] Schmid CM, Characterization of agonistic (aroma-active and physiologically active) compounds in thyme, oregano and marjoram, Techn Univ München (2018).
- [243] 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).
- [244] Europäisches Arzneibuch (<http://www.edqm.eu>)
- [245] 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).
- [246] Pallister T, Spector TD, Food: a new form of personalised (gut microbiome) medicine for chronic diseases? *J R Soc Med*. 109(9):331-6 (2016).
- [247] 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).
- [248] Capili B, Addressing the Role of Food in Irritable Bowel Syndrome Symptom Management. *J Nurse Pract*. 12(5):324-329. (2016).
- [249] Gentile L, et al. Oleuropein: Molecular Dynamics and Computation. 24(39):4315-4328 (2017).
- [250] 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).
- [251] 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).
- [252] Rowland I, et al. Gut microbiota functions: metabolism of nutrients and other food components. *Eur J Nutr* 57: 1 (2018).
- [253] 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).
- [254] Tianthong W, Phupong V. 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).
- [255] Achamrah N et al. Glutamine and the regulation of intestinal permeability: from bench to bedside. *Curr Opin Clin Nutr Metab Care*. 20(1):86-91. (2017).
- [256] Burrin DG, Stoll B, Metabolic fate and function of dietary glutamate in the gut. *Am J Clin Nutr*. 90(3):850S-856S (2009).
- [257] Mahida YR, et al. Enhanced production of interleukin 1-beta by mononuclear cells isolated from mucosa with active ulcerative colitis of Crohn's disease. *Gut*. 30(6):835-8 (1989).
- [258] Di Sabatino A, et al. Transforming growth factor beta signalling and matrix metalloproteinases in the mucosa overlying Crohn's disease strictures. *Gut*. 58(6):777-89 (2009).
- [259] Basilisco, G. & Coletta, M. Chronic constipation: A critical review. *Digest Liver Dis* 45, 886–893 (2013).
- [260] Menni C, Omega-3 fatty acids correlate with gut microbiome diversity and production of N-carbamylglutamate in middle aged and elderly women *Sci Rep*. 7: 11079 (2017).
- [261] Singh RP, et al. Cuminum cyminum – A Popular Spice: An Updated Review. *Pharmacogn J*. 9(3):292-301 (2017).
- [262] Robertson RC, et al. Omega-3 polyunsaturated fatty acids critically regulate behaviour and gut microbiota development in adolescence and adulthood. *Brain Behav Immun*. 59:21-37 (2017).
- [263] Mocking RJT, et al. Meta-analysis and meta-regression of omega-3 polyunsaturated fatty acid supplementation for major depressive disorder. *Transl Psychiatry*. 6(3): e756. (2016).
- [264] Calder PC, Omega-3 polyunsaturated fatty acids and inflammatory processes: nutrition or pharmacology? *Br J Clin Pharmacol*. 75(3):645-62 (2013).
- [265] Hayek N, Chocolate, gut microbiota, and human health. *Front Pharmacol*. 4:11 (2013).
- [266] Brickman AM, et al. Enhancing dentate gyrus function with dietary flavanols improves cognition in older adults. *Nat Neurosci*. 17(12):1798–1803 (2014).
- [267] Waclawiková B, El Aidy S, Role of Microbiota and Tryptophan Metabolites in the Remote Effect of Intestinal Inflammation on Brain and Depression. *Pharmaceuticals (Basel)*. 11(3): 63 (2018).
- [268] O'Mahony SM, et al. Serotonin, tryptophan metabolism and the brain-gut-microbiome axis. *Behav Brain Res*. 277:32-48 (2015).
- [269] Lindseth G, et al. The Effects of Dietary Tryptophan on Affective Disorders. *Arch Psychiatr Nurs*. 29(2):102–107 (2015).
- [270] 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).
- [271] Schmidt K, et al. Prebiotic intake reduces the waking cortisol response and alters emotional bias in healthy volunteers. *Psychopharmacology* 232(10): 1793–1801 (2015).
- [272] Jørgensen PB, et al. A possible link between food and mood: dietary impact on gut microbiota and behavior in BALB/c mice. *PLoS One* 9(8):e103398 (2014).
- [273] Owen L, et al. The role of diet and nutrition on mental health and wellbeing. *Proc Nutr Soc*. 76(4):425-426 (2017).
- [274] Noble EE, et al. Gut to Brain Dysbiosis: Mechanisms Linking Western Diet Consumption, the Microbiome, and Cognitive Impairment. *Front Behav Neurosci*. 11:9 (2017).
- [275] Oriachad CS, et al. Food for thought: The role of nutrition in the microbiota-gut-brain axis. *Clin Nut Experimental* 6:25-38 (2016).

- [276] Ndeh D, et al. Complex pectin metabolism by gut bacteria reveals novel catalytic functions. *Nature* 544(7648):65-70 (2017).
- [277] Reddel S, et al. The Impact of Low-FODMAPs, Gluten-Free, and Ketogenic Diets on Gut Microbiota Modulation in Pathological Conditions. *Nutrients*. 11(2) (2019).
- [278] Heianza Y, et al. Changes in Gut Microbiota-Related Metabolites and Long-term Successful Weight Loss in Response to Weight-Loss Diets: The POUNDS Lost Trial. *Diabetes Care*. 41(3):413-419 (2018).
- [279] Altobelli E, et al. Low-FODMAP Diet Improves Irritable Bowel Syndrome Symptoms: A Meta-Analysis. *Nutrients* 9(9) (2017).
- [280] Haupt-Jorgensen M, et al Possible Prevention of Diabetes with a Gluten-Free Diet. *Nutrients* ;10(11) (2018)
- [281] Korakas E, et al. Dietary Composition and Cardiovascular Risk: A Mediator or a Bystander? *Nutrients* 10(12) (2018).
- [282] Costabile A, et al. Whole-grain wheat breakfast cereal has a prebiotic effect on the human gut microbiota: A double-blind, placebo-controlled, crossover study. *Br J Nutr* 99:110-120 (2008).
- [283] Zhang S, et al. Curcumin attenuates atherosclerosis in apolipoprotein-E knockout mice by inhibiting Toll-like receptor 4 expression. *J. Agric. Food Chem.* 66:449-456 (2018).
- [284] McNulty H, et al. Biologic activity of carotenoids related to distinct membrane physicochemical interactions. *Am. J. Cardiol.* 101:20-S29 (2008).
- [285] Foerster J, The influence of whole grain products and red meat on intestinal microbiota composition in normal weight adults: a randomized crossover intervention trial. *PLoS One*. 9(10):e109606 (2014).
- [286] Ejtahed, H. S. et al. Probiotic yogurt improves antioxidant status in type 2 diabetic patients. *Nutrition* 28, 539-543 (2012).
- [287] Zielińska A, Nowak I, Abundance of active ingredients in sea-buckthorn oil. *Lipids Health Dis.* 16: 95 (2017).
- [288] Olas B, The beneficial health aspects of sea buckthorn (*Elaeagnus rhamnoides* (L.) A.Nelson) oil. *J Ethnopharmacol.* ;213:183-190 (2018).
- [289] Yang B, Kortensniemi M, Clinical evidence on potential health benefits of berries. *Curr Op Food Science* 2:36-42 (2015).
- [290] Dreher ML, et al. Starch digestibility of foods: a nutritional perspective. *Crit Rev Food Sci Nutr.* 20(1):47-71. (1984)
- [291] Lin AH, Structure and Digestion of Common Complementary Food Starches. *J Pediatr Gastroenterol Nutr.* 66 Suppl 3:S35-S38 (2018).
- [292] Abu-Elsaad NM, et al. Modified citrus pectin stops progression of liver fibrosis by inhibiting galectin-3 and inducing apoptosis of stellate cells. *Can J Physiol Pharmacol.* 94(5):554-62 (2016).
- [293] Lascala A, et al. Analysis of proautophagic activities of Citrus flavonoids in liver cells reveals the superiority of a natural polyphenol mixture over pure flavones. *J Nutr Biochem.* 58:119-130 (2018).
- [294] Cardinal S, Anti-inflammatory properties of quebecol and its derivatives. *Bioorg Med Chem Lett.* 26(2):440-444 (2016).
- [295] Gaiz AA, et al. Potential of Anthocyanin to Prevent Cardiovascular Disease in Diabetes. *Altern Ther Health Med.* 24(3):40-47. (2018).
- [296] Celli GB, et al. Gastroretentive systems - a proposed strategy to modulate anthocyanin release and absorption for the management of diabetes. *Drug Deliv.* 23(6):1892-901 (2016).
- [297] Tulini F, et al. Development of solid lipid microparticles loaded with a proanthocyanidin-rich cinnamon extract (*Cinnamomum zeylanicum*): Potential for increasing antioxidant content in functional foods for diabetic population. *Food Res Int.* 85:10-18 (2016).
- [298] Loo R, et al. Characterization of metabolic responses to healthy diets and association with blood pressure: application to the Optimal Macronutrient Intake Trial for Heart Health (OmniHeart), a randomized controlled study. *Am J Clin Nutr.* 107(3):323-334 (2018).
- [299] Fraga CG, The effects of polyphenols and other bioactives on human health. *Food Funct.* 10(2):514-528 (2019).
- [300] Kunnumakara AB, et al. Curcumin, the golden nutraceutical: Multitargeting for multiple chronic diseases. *Br. J. Pharmacol* 174, 1325-1348 (2017).
- [301] Goszcz K, et al. Bioactive polyphenols and cardiovascular disease: Chemical antagonists, pharmacological agents or xenobiotics that drive an adaptive response? *Br. J. Pharmacol.* 174, 1209-1225 (2017).
- [302] De Bruyne T, et al. Dietary Polyphenols Targeting Arterial Stiffness: Interplay of Contributing Mechanisms and Gut Microbiome-Related Metabolism. *Nutrients*. 11:3 (2019).
- [303] Deutsche Rheuma-Liga e.V. Bundesverband: Merkblatt 5.2 Ernährung bei Rheuma. 9. Auflage (2018).
- [304] Kuno habil Hottenrott, Präventionsstudie: Evaluation des Gesundheitsfastens nach dem Konzept der Deutschen Fastenakademie. *Zeitschrift für Komplementärmedizin* 08(02): 63-68 (2016).
- [305] Höfer S, Sprengart P, *Praktische Diätetik*. Wissenschaftl. Verlagsgesellschaft Stuttgart, XII (2018).
- [306] Felson DT, Bischoff-Ferrari HA, Dietary fatty acids for the treatment of OA, including fish oil. *Ann Rheum Dis* 75:1-2 (2016).
- [307] Kale-Pradhan PR, et al. Role of *Lactobacillus* in the Prevention of Antibiotic-Associated Diarrhea: A Meta-analysis. *Pharmacother J Hum Pharmacol Drug Ther* 30:119-126 (2010).
- [308] Carroll IM, et al. Alterations in composition and diversity of the intestinal microbiota in patients with diarrhea-predominant irritable bowel syndrome. *Neurogastroenterol Motil.* 24(6):521-30, e248 (2012).
- [309] Malinen E, et al. Analysis of the Fecal Microbiota of Irritable Bowel Syndrome Patients and Healthy Controls with Real-Time PCR. *Am J Gastroenterology* 100, ajg200561 (2005).
- [310] Labus JS, et al. Evidence for an association of gut microbial *Clostridia* with brain functional connectivity and gastrointestinal sensorimotor function in patients with irritable bowel syndrome, based on tripartite network analysis. *Microbiome*, 7:45 (2019).