

Отчёт о результатах теста микробиоты

# «Атлас»



atlas

# Исходные данные

Имя	Демо Ru Микробиота
Номер баркода	958-703-354
Источник биоматериала	Кал
Дата получения био образца	12.02.2020
Метод исследования	Секвенирование бактериального гена 16S рРНК
Дата составления отчета	29.10.2021

# Оглавление отчета

Сравнение отчетов	4	
Защищенность от заболеваний	5	
Разнообразие микробиоты	11	
Тип микробиоты	12	
Пробиотические и другие полезные бактерии	14	
Патогенные и условно-патогенные бактерии	27	
Пищевые волокна и масляная кислота	31	
Синтез витаминов	36	
Гражданство бактерий	55	
Рекомендованные продукты	56	
Исходные данные	59	
Научная литература	88	

# Сравнение отчетов

Баркод	Сбор образца	Готовность отчета	Разнообразие	Пробиотики	Пищевые волокна	Бутират	Аномальность
119-369-22 0	12.02.2020	06.02.2020	7	6	7	4	Нет
958-703-35 4	12.02.2020	06.02.2020	10	9	5	7	Нет
295-440-28 3	15.02.2020	-					Нет

# Защищенность от заболеваний

Микробиота кишечника вовлечена в обмен веществ и воспалительные процессы в организме. По результатам исследований ученые описали черты микробиоты, характерные для разных заболеваний. Чем меньше ваш профиль микробиоты похож на профиль при заболевании, тем выше защищенность. Показатель оценивается по шкале от 1 до 10.

Заболевание	Описание
Болезнь Крона	Ваш состав микробиоты способствует низкой защищенности от заболевания
Ишемическая болезнь сердца	Ваш состав микробиоты способствует средней защищенности от заболевания
Ожирение	Ваш состав микробиоты способствует средней защищенности от заболевания
Язвенный колит	Ваш состав микробиоты способствует средней защищенности от заболевания
Сахарный диабет 2 типа	Ваш состав микробиоты способствует высокой защищенности от заболевания

# Болезнь Крона

**Уровень защищенности: 4 из 10**

Известно, что наибольшее число иммунных клеток сосредоточено именно в кишечнике. Здесь они взаимодействуют с микробиотой кишечника, которая может оказывать существенное влияние как на работу иммунной системы, так и на состояние стенки кишечника. Основываясь на результатах исследований, ученые смогли описать профиль микробиоты, наблюдаемый при болезни Крона.

Чем меньше ваш профиль микробиоты похож на профиль при заболевании, тем выше защищенность. Показатель оценивается по шкале от 1 до 10. При болезни Крона изменяется соотношение условно-патогенных бактерий, запускающих процессы воспаления, и полезных бактерий. При болезни Крона зачастую резко снижается представленность полезных бактерий – производителей масляной кислоты, которая защищает кишечник от воспаления.

## Исходные данные

Род бактерий, участвующих в синтезе	Представленность в микробиоте	Эффект
Faecalibacterium	9.54%	Увеличивает защищенность
Ruminococcus Lachnospiraceae	1.4%	Уменьшает защищенность
Providencia	0%	Уменьшает защищенность
Actinomyces	0%	Уменьшает защищенность
Clostridium innocuum group	0%	Уменьшает защищенность
Lachnoclostridium 5	0%	Уменьшает защищенность
Corynebacterium group 1	0%	Увеличивает защищенность
Staphylococcus	0%	Увеличивает защищенность
Ezakiella	0%	Увеличивает защищенность
Lactococcus	0%	Увеличивает защищенность

# Ишемическая болезнь сердца

Уровень защищенности: 7 из 10

Микробиота кишечника связана с процессами метаболизма холестерина и работой иммунной системы. Результаты исследований говорят не только о взаимосвязи состава бактерий со здоровьем сердечно-сосудистой системы, но и предполагают, что микробиота кишечника влияет на развитие сердечно-сосудистых патологий. Чем меньше ваш профиль микробиоты похож на профиль при заболевании, тем выше защищенность.

Показатель оценивается по шкале от 1 до 10. Некоторые бактерии преобразуют фосфатидилхолин, L-карнитин и бетаин в вещество триметиламин (ТМА). В печени триметиламин окисляется в триметиламин-N-оксид (ТМАО). Высокие уровни ТМАО связаны с атерогенезом и развитием сердечно-сосудистых заболеваний.

## Исходные данные

Род бактерий, участвующих в синтезе	Представленность в микробиоте	Эффект
Anaerostipes	0.78%	Увеличивает защищенность
Papillibacter	0.77%	Увеличивает защищенность
Collinsella	0.37%	Уменьшает защищенность
Terrisporobacter	0.17%	Уменьшает защищенность
Turicibacter	0.02%	Увеличивает защищенность
Tyzzerella	0.01%	Увеличивает защищенность
Veillonella	0.01%	Уменьшает защищенность
Clostridium innocuum group	0%	Уменьшает защищенность
Actinomyces	0%	Уменьшает защищенность

# Ожирение

Уровень защищенности: 7 из 10

Исследования последних лет говорят о том, что микробиота кишечника может быть связана с развитием метаболических нарушений, в том числе ожирения. Ожирение – состояние, на которое в первую очередь влияет образ жизни, и значит, его можно предотвратить. По результатам исследований ученые описали профиль микробиоты, наблюдаемый при ожирении.

Чем меньше ваш профиль микробиоты похож на профиль при заболевании, тем выше защищенность. Показатель оценивается по шкале от 1 до 10. Важно помнить, что бактерии, защищающие нас от воспалений, оказывают профилактическое действие и предотвращают набор лишнего веса.

## Исходные данные

Род бактерий, участвующих в синтезе	Представленность в микробиоте	Эффект
Ruminiclostridium group 9	2.45%	Увеличивает защищенность
Papillibacter	0.77%	Увеличивает защищенность
Collinsella	0.37%	Уменьшает защищенность
Methanobrevibacter	0.36%	Увеличивает защищенность
Eubacterium eligens group	0.33%	Увеличивает защищенность
Lactobacillus	0.02%	Уменьшает защищенность
Candidatus Soleaferrea	0.01%	Уменьшает защищенность
UBA1819	0%	Уменьшает защищенность
Acidaminococcus	0%	Уменьшает защищенность



# Язвенный колит

Уровень защищенности: 7 из 10

Микробиота кишечника — важный фактор в поддержании здоровья стенок кишечника. По результатам исследований ученые описали профиль микробиоты, наблюдаемый при язвенном колите. Чем меньше ваш профиль микробиоты похож на профиль при заболевании, тем выше защищенность.

Показатель оценивается по шкале от 1 до 10. Благодаря алгоритму машинного обучения исследователям удалось построить модель для определения сходства состава микробиоты с составом, наблюдаемым при болезни Крона. Такая микробиота может иметь необычные черты — может быть снижено количество бактерий, производящих масляную кислоту, может быть повышен уровень условных патогенов.

Иногда могут в чрезмерном количестве встречаться бактерии, которые мы привыкли считать хорошими. Это еще раз подтверждает то, насколько для микробиоты важен баланс.

## Исходные данные

Род бактерий, участвующих в синтезе	Представленность в микробиоте	Эффект
Agathobacter	3.31%	Увеличивает защищенность
Unknown Erysipelotrichaceae	1.51%	Уменьшает защищенность
Dorea	0.4%	Уменьшает защищенность
Akkermansia	0.38%	Увеличивает защищенность
Lachnospira	0.28%	Увеличивает защищенность
Bifidobacterium	0.18%	Уменьшает защищенность
Phascolarctobacterium	0.02%	Увеличивает защищенность
Peptostreptococcus	0.01%	Уменьшает защищенность
Acidaminococcus	0%	Уменьшает защищенность
Corynebacterium group 1	0%	Увеличивает защищенность

# Сахарный диабет 2 типа

Уровень защищенности: 10 из 10

Микробиота кишечника может оказывать влияние на метаболизм глюкозы в организме. Основываясь на результатах исследований, ученые описали профиль микробиоты, наблюдаемый при сахарном диабете 2 типа. Чем меньше ваш профиль микробиоты похож на профиль при заболевании, тем выше защищенность.

Показатель оценивается по шкале от 1 до 10. Взаимосвязь микробиоты кишечника и сахарного диабета может быть не очевидна на первый взгляд. Но исследования говорят о том, что при сахарном диабете может повышаться количество бактерий, которые ассоциированы с «западным образом жизни».

Эти бактерии способны стимулировать процессы вялотекущего воспаления, лежащего в основе развития инсулинорезистентности и сахарного диабета. При увеличении этого показателя может быть снижен уровень бактерий, синтезирующих масляную кислоту, которая подавляет воспалительные процессы.

## Исходные данные

Род бактерий, участвующих в синтезе	Представленность в микробиоте	Эффект
Faecalibacterium	9.54%	Увеличивает защищенность
Victivallis	0.12%	Увеличивает защищенность
Erysipelotrichaceae UCG-003	0.05%	Увеличивает защищенность
Slackia	0%	Уменьшает защищенность
Rothia	0%	Уменьшает защищенность
Unknown Burkholderiaceae	0%	Увеличивает защищенность
Acinetobacter	0%	Увеличивает защищенность

# Разнообразие микробиоты

**Ваш показатель: 10 из 10**

У вас высокое разнообразие микробиоты

Разнообразие микробиоты указывает на примерное число видов бактерий, обитающих в кишечнике каждого человека. У каждого вида бактерий свои функции и задачи, при этом они часто «подстраховывают» друг друга. Чем больше видов бактерий, тем больше возможных механизмов регуляции и компенсации, и тем устойчивее система в целом.

При переходе на несбалансированное питание или после приема антибиотиков, если из сообщества исчезнет один или несколько ключевых видов, в разнообразной микробиоте их функции подхватят другие виды. В бедном сообществе такая реакция может не произойти, и возникнет дисбиоз – нарушение видового состава микробиоты.

Дисбиоз может привести к заболеваниям. Например, у пациентов с воспалительными заболеваниями кишечника и метаболическими нарушениями разнообразие микробиоты значительно ниже, чем у здоровых людей. Такая же картина наблюдается после приема антибиотиков и у пациентов с однообразным рационом.

# Тип микробиоты

Мы отнесли ваш образец микробиоты к одному из трех типов, вычисленных после обработки тысяч образцов со всего мира. Широкомасштабные метагеномные исследования микробиоты выявили так называемые энтеротипы – устойчивые сочетания бактерий, представляющие собой характерные типы сообществ. Микробиоту каждого человека можно условно отнести к одному из этих типов. Они соответствуют определенным стилям питания людей. Тип микробиоты у человека изменяется при направленном изменении диеты на протяжении длительного времени или при воздействии других факторов.

## Ваш тип микробиоты – Деревенский крестьянин

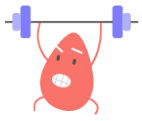
К третьему типу относится профиль микробиоты, в котором преобладают бактерии родов *Eubacterium*, *Dorea*, *Ruminococcus*, *Anaerostipes*, *Blautia*, неклассифицированные *Lachnospiraceae* и, в меньшей степени, *Collinsella*. В основном это фирмикуты, которые производят масляную кислоту. Они ассоциируются со здоровым кишечником и защищают его от воспалительных процессов. Такой портрет кишечного сообщества бактерий часто встречается у людей, в диете которых много устойчивого крахмала и пищевых волокон. Бактерии микробиоты третьего типа привередливы в еде. В отличие от других видов, они едят не всё подряд, а только определенные вещества. По составу сообщества этот тип напоминает оригинальный третий энтеротип, описанный в работе М. Арумугама (Arumugam et al., 2011).



Для этого типа характерно большое количество бутират-производящих бактерий из семейств *Clostridiaceae* и *Ruminococcaceae*, ассоциированных со здоровым кишечником.



Третий тип часто встречается у сельского населения России.



Бактерия *Eubacterium* – представитель нормофлоры, которая предотвращает избыточное накопление лактата в организме.



*Eubacterium* способен снижать активность некоторых канцерогенов.



Представленность *Eubacterium* в кишечнике человека возрастает при употреблении крахмалистых продуктов: бананов, картофеля, ячменя, овсяных хлопьев.



Важный компонент здоровой микрофлоры. За сутки бактерии рода *Dorea* способны вырабатывать до 30 г необходимого кишечнику ацетата. Это полезное вещество, которое защищает организм от воспалений. Уровень бактерии понижается при болезни Крона (воспалительное заболевание кишечника). Бактерии *Dorea* производят газы, поэтому избыточное содержание этих микробов ассоциировано с синдромом раздраженного кишечника и колита. Обычно эти газы «перехватывают» бактерии рода *Blautia*, которые производят ацетат. Поэтому два рода *Dorea* и *Blautia* часто встречаются вместе.

# Пробиотические и другие полезные бактерии

Ряд бактерий, которые населяют наш кишечник, связаны с лучшими показателями состояния здоровья. Они преобладают у людей с низким уровнем системного воспаления и здоровой системой пищеварения. Среди таких бактерий есть пробиотики. К ним относятся те микроорганизмы, потребление которых доказано улучшает здоровье человека.

Пробиотики положительно влияют на иммунитет, обмен веществ и усваиваемость продуктов. Остальные бактерии, для которых не установлена причинно-следственная связь, но которые ассоциируются со здоровьем кишечника, называются в этом разделе «полезными».

**Ваш показатель: 9 из 10**




В вашей микробиоте повышенное содержание полезных и пробиотических бактерий

Высокое содержание полезных и пробиотических бактерий позволяет поддерживать синтез витаминов и масляной кислоты, работу иммунитета и защиту от воспалений.

# Список пробиотиков




Производят молочную кислоту

Общий уровень содержания пробиотических бактерий в микробиоте

	Lactococcus lactis	Средний уровень
	Lactobacillus	0.02%
	Bifidobacterium	0.18%



Обладают уникальными метаболическими свойствами

Общий уровень содержания пробиотических бактерий в микробиоте

	Adlercreutzia	0%
	Barnesiella	0.17%
	Oxalobacter	0.04%





Способствуют снижению веса и защищают от ожирения

Общий уровень содержания пробиотических бактерий в микробиоте

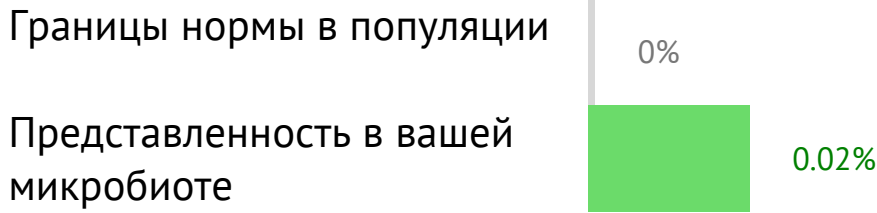
	Akkermansia	0.38%
	Christensenella	0.01%

Производят масляную кислоту

Общий уровень содержания пробиотических бактерий в микробиоте

	Roseburia	0.99%
	Eubacterium hallii group	1.29%
	Coprococcus	0%
	Faecalibacterium	9.54%

# Количество бактерии Lactobacillus



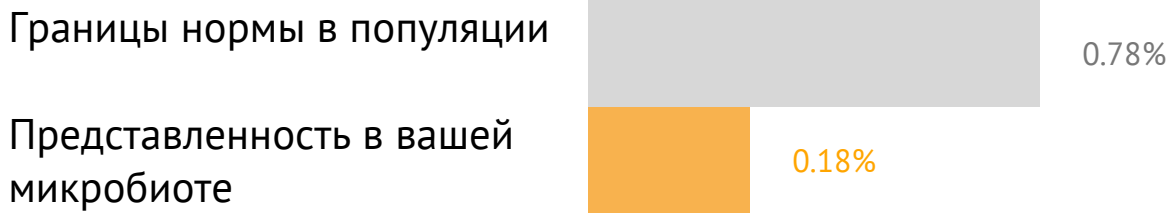
Нормальный представитель микрофлоры. В организме человека бактерии этого рода могут встречаться в ротовой полости, в тонком кишечнике и мочеполовом тракте; выделяются с грудным молоком. Отдельные штаммы некоторых видов *Lactobacillus* считаются пробиотиками.

Попадая в кишечник извне, они вырабатывают лактат и антимикробные вещества, подавляющие размножение патогенной микрофлоры. Лактобациллы положительно влияют на иммунную систему и другие функции организма, включая высшую нервную деятельность. Присутствие ряда лактобацилл в кишечнике снижает вероятность развития синдрома раздраженного кишечника.

Виды бактерии	Статус бактерий
<i>Lactobacillus acidophilus</i>	✓
<i>Lactobacillus delbrueckii</i>	✓
<i>Lactobacillus paracasei</i>	✓
<i>Lactobacillus casei</i>	✓
<i>Lactobacillus brevis</i>	✓
<i>Lactobacillus rhamnosus</i>	✓
<i>Lactobacillus johnsonii</i>	✓



# Количество бактерии Bifidobacterium



Бифидобактерии — нормальная микрофлора здорового кишечника. Эти бактерии присутствуют в составе микробиоты человека практически с рождения. У детей до трех лет они составляют до 90% от числа всех бактерий, но с возрастом доля бифидобактерий падает до 5%.

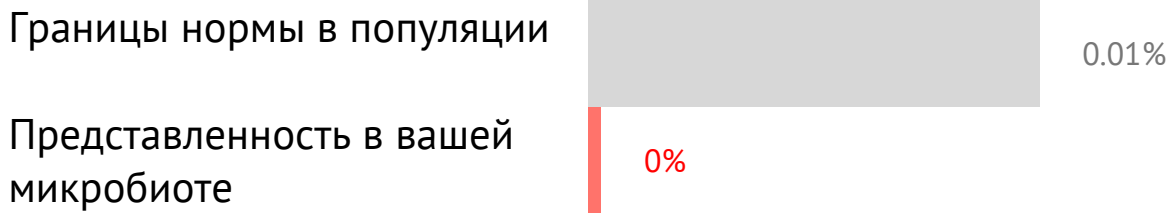
При постоянном приеме кисломолочных продуктов (йогурт или кефир), доля бифидобактерий может повышаться, если они обогащены этими бактериями. Бифидобактерии расщепляют сложные углеводы — фруктаны и пектины. Эти соединения организм человека не способен самостоятельно переварить.

Поддержать численность бифидобактерий можно с помощью сложного углевода инулина, которым богаты цикорий и топинамбур. Бифидобактерии производят ацетат, витамины группы В, антиоксиданты. Снижают риск аллергических реакций и могут контролировать интенсивность воспаления.

Бифидобактерии преобразуют лактозу в молочную кислоту. От этого повышается уровень кислотности в кишечнике, который сдерживает рост патогенной флоры и снижает риск раковых заболеваний.

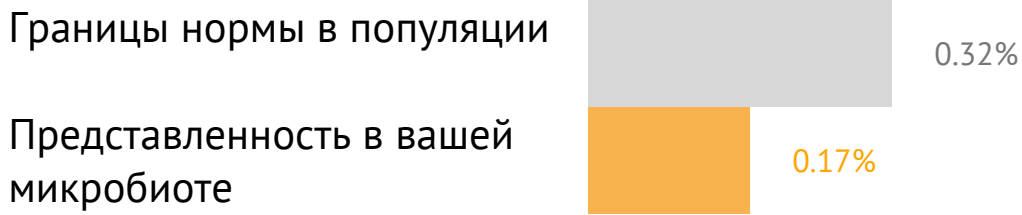
Виды бактерии	Статус бактерий
Bifidobacterium breve	✓
Bifidobacterium bifidum	✓
Bifidobacterium animalis	✓
Bifidobacterium longum	✓

# Количество бактерии *Adlercreutzia*



Типичный представитель этого рода — вид *Adlercreutzia equolifaciens*. Он обладает редким для кишечных бактерий свойством — способностью перерабатывать дайдзеин и генистеин (вещества, содержащиеся в сое) в эквол, который положительно влияет на здоровье человека. Уровень *Adlercreutzia equolifaciens* часто повышен у вегетарианцев, даже если в их рационе не так много соевых продуктов.

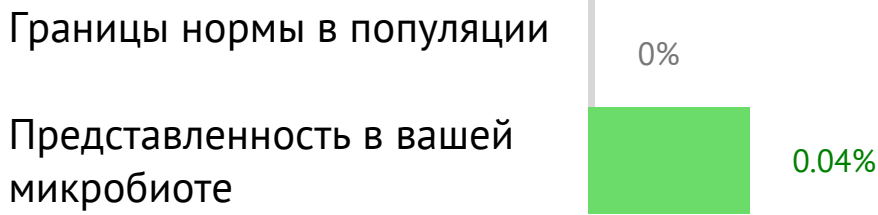
# Количество бактерии *Barnesiella*



Недавно открытый обитатель кишечника здоровых людей. Бактерии рода *Barnesiella* представлены мало. По данным исследований, они препятствуют колонизации кишечника патогенными ванкомицин-резистентными энтерококками.

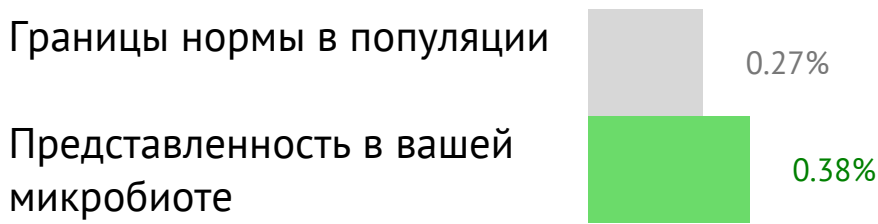
Эта функция бактерии важна для здоровья человека. *Barnesiella* — перспективный «онкомикробиотик»: бактерия способна повышать эффективность иммуномодулирующей терапии при некоторых видах рака.

# Количество бактерии Oxalobacter



Бактерии рода *Oxalobacter* являются полезными обитателями кишечника, так как метаболизируют вещество оксалат, которое остается в толстом кишечнике после переваривания пищи. В частности, им богаты пиво, ревень, шпинат, большинство орехов. Исследователи предполагают, что избыточное потребление продуктов, содержащих оксалат или его предшественников, при отсутствии *Oxalobacter* может вызывать гипероксалурию и способствовать развитию мочекаменной болезни.

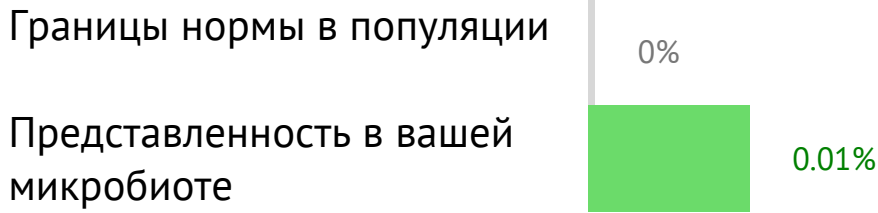
# Количество бактерии Akkermansia



Этот род бактерий по родству дальше всех отстоит от остальных микробов кишечника. Обитает в слизистой оболочке кишечника, которая состоит в основном из муцина. Присутствие аккермансии – биомаркер нормального метаболизма и веса.

Повышение её представленности наблюдается у худых людей и связано с нормальным обменом глюкозы. При воспалительных процессах и диабете 2 типа уровень представленности бактерии снижается. Численность Akkermansia значительно повышается при длительном голодании: в условиях отсутствия нутриентов бактерия получает преимущество перед другими видами, потому что может получать питание из пристеночного слоя муцина.

# Количество бактерии *Christensenella*



Типичный представитель рода – *Christensenella minuta*. Это малочисленная важная бактерия, которая препятствует ожирению и набору веса. Она ассоциирована с пониженным уровнем триглицеридов в крови.

*C. minuta* передается от родителей потомству. Она часто встречается у худых людей. Эксперименты на мышах показали, что подсадка этой бактерии в микробиоту особей с ожирением ведет к снижению веса.

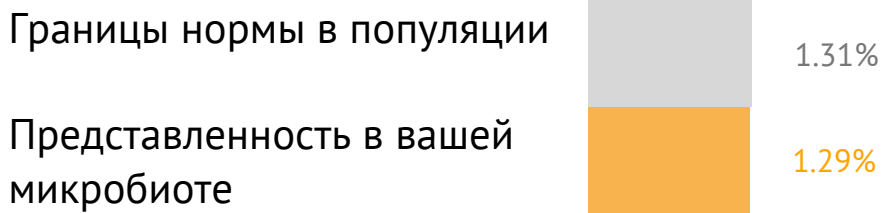
# Количество бактерии Roseburia



Важная часть симбиотической микрофлоры человека. Представленность бактерии повышается, когда в рационе присутствуют продукты с высоким содержанием растительных волокон. По данным исследований, если следовать низкокалорийной диете и диете с низким содержанием клетчатки, то популяция Roseburia может упасть на 80%.

Roseburia вносит вклад в защиту от воспалительных заболеваний кишечника. Из пищевых волокон она синтезирует масляную кислоту, которая обладает противораковой и противовоспалительной активностью. При воспалении кишечника уровень Roseburia снижается.

# Количество бактерии *Eubacterium hallii* group

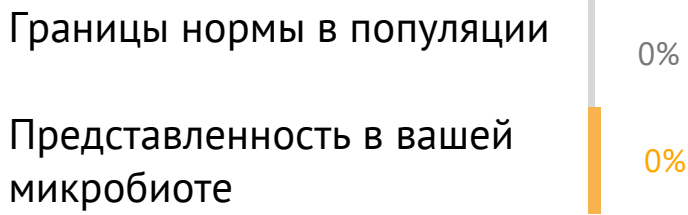


Нормальный обитатель кишечника человека. В симбиозе с бифидобактериями производит из ацетата и лактата масляную кислоту. Так бактерии вида обеспечивают клетки стенки кишечника питанием и защищают кишечник от воспаления.

Уровень *Eubacterium* повышается при цельнозерновой диете. Это ассоциировано с улучшением обмена веществ.

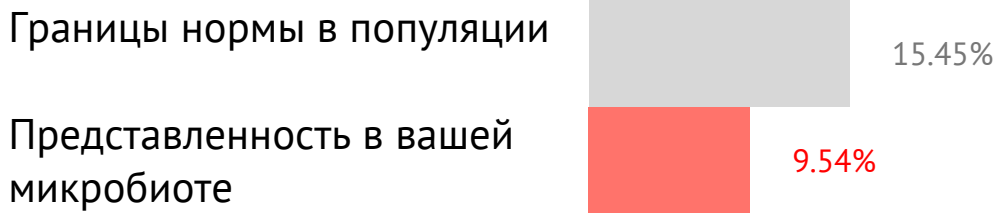


# Количество бактерии Coprococcus



Представитель нормальной микрофлоры кишечника. Микробиота с повышенным уровнем копрококков генетически богата и обладает большим набором функций. Копрококки перерабатывают углеводы в короткоцепочечные жирные кислоты: масляную кислоту, ацетат, формиат и пропионат. Повышение численности этих бактерий ассоциировано с пониженным риском синдрома раздраженного кишечника.

# Количество бактерии Faecalibacterium



Широко представлены в кишечной микрофлоре человека. Род Faecalibacterium и его основной вид *F. prausnitzii* обеспечивают организм масляной кислотой – важным противовоспалительным веществом.

Faecalibacterium – один из немногих родов, способных расщеплять сложные углеводы, например пектин, который часто содержится в растительных продуктах. Бактерия Faecalibacterium встречается у людей с нормальным метаболизмом. Её высокая представленность связана со здоровым кишечником и высокой защищённостью от воспалительных процессов. Поддерживать сбалансированную представленность бактерий помогут цельнозерновые продукты, фрукты и овощи.

# Патогенные и условно-патогенные бактерии















**В вашей микробиоте нормальное содержание потенциально вредных бактерий**

Бактерии в кишечнике условно разделяются на «плохих» и «хороших». «Хорошие» по большей части приносят нам пользу. «Плохие» бактерии могут вызывать заболевания – это безусловные патогены.

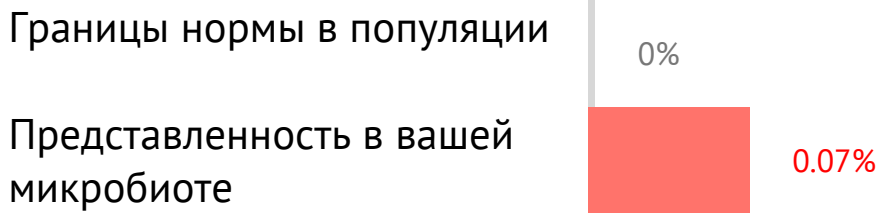
Условные патогены, как правило, в малых количествах присутствуют в микробиоте большинства людей, но в чрезмерных количествах могут оказывать неблагоприятное действие на организм человека.

Полезные бактерии микробиоты в том числе выполняют защитную функцию, не позволяя заселяться болезнетворным бактериям и не давая размножаться условно патогенным.

В вашей микробиоте средняя представленность вредных бактерий и здоровое микробное сообщество.

Патогенные и условно-патогенные бактерии	Общий уровень содержания патогенных и условно-патогенных бактерий в микробиоте
 Enterococcus	0.07%
 Escherichia-Shigella	0.05%
 Pseudomonas	< 0,02%
 Staphylococcus	< 0,02%
 Citrobacter	< 0,02%
 Fusobacterium	< 0,02%
 Eggerthella	< 0,02%
 Campylobacter	< 0,02%
 Yersinia	< 0,02%
 Vibrio	< 0,02%
 Enterobacter	< 0,02%
 Clostridioides	< 0,02%
 Salmonella	< 0,02%
 Sphingomonas	< 0,02%

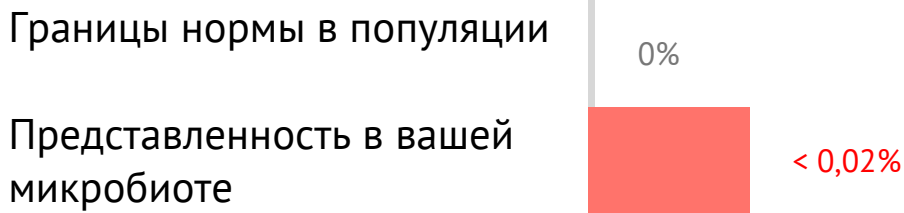
# Количество бактерии Enterococcus



Часто встречающиеся представители нормальной микробиоты кишечника человека и других млекопитающих. Для здорового человека относительно безопасны. Однако могут снижать эффективность некоторых лекарственных средств, в том числе Леводопы.

Некоторые представители Enterococcus могут быть опасными для пациентов из групп повышенного риска (людей в преклонном возрасте или пациентов с тяжелыми заболеваниями, ослабленной иммунной системой, длительно находящихся в стационаре), особенно если приобретают устойчивость к антибактериальным препаратам широкого спектра действия. Могут стать причиной воспаления мочевыводящих путей, бактериемии, бактериального эндокардита.

# Количество бактерии *Pseudomonas*



*Pseudomonas* (в большей мере речь идет о *aeruginosa*, но патогенными могут быть и другие виды) — бактерии, которые редко встречаются в образцах кала здоровых людей. Могут быть ассоциированы с легким недомоганием у относительно здоровых лиц или с развитием яркой клинической картины у ослабленных лиц. Было зарегистрировано большое разнообразие клинических состояний, ассоциированных с инфекцией *Pseudomonas*, в т.ч. бактериемия, поражения суставов, мочевыводящих путей, нервной системы, эндокардит, глазные инфекции.

# Пищевые волокна и масляная кислота

Человеческий организм не может самостоятельно усваивать сложные углеводы (например, клетчатку). Нам помогают бактерии, которые расщепляют пищевые волокна до более простых соединений – короткоцепочечных жирных кислот. Одна из них, масляная кислота, защищает кишечник от воспалений. Чем больше в вашем организме бактерий, способных переваривать клетчатку, тем больше они синтезируют масляной кислоты, и тем лучше ваш кишечник защищен от заболеваний.

Признак	Результат
Уровень потребления пищевых волокон	У вашей микробиоты нормальный потенциал к расщеплению пищевых волокон
Масляная кислота	У вашей микробиоты нормальный потенциал к синтезу масляной кислоты

# Уровень потребления пищевых волокон

**Ваш показатель: 5 из 10**

У вашей микробиоты нормальный потенциал к расщеплению пищевых волокон

Человеческий организм самостоятельно усваивает только несколько видов сложных углеводов, например, растительный крахмал и животный гликоген. А в пище содержится несколько десятков видов таких соединений. В толстом кишечнике бактерии преобразуют их до усваиваемых веществ, например, масляной кислоты.

Пищевые волокна – основной источник энергии для нормофлоры кишечника. Клетчатка нормализует время прохождения пищи через кишечник и предотвращает запоры. Пищевые волокна положительно влияют на сердечно-сосудистую систему, снижают уровень холестерина в крови, артериальное давление и риски ряда заболеваний. Ваша микробиота нормально справляется с расщеплением пищевых волокон и обеспечивает синтез необходимых веществ в необходимом количестве.

Бактерии преобразуют клетчатку в короткоцепочечные жирные кислоты, которые благоприятно влияют на здоровье кишечника и всего организма.

Ваша микробиота нормально справляется с расщеплением пищевых волокон и обеспечивает синтез необходимых веществ в необходимом количестве.

Бактерии преобразуют клетчатку в короткоцепочечные жирные кислоты, которые благоприятно влияют на здоровье кишечника и всего организма.

## Волокна

Достаточное количество

Недостаточное количество

Арабинан	10	Фруктоолигосахариды	3
Галактан	8	Глюкоолигосахариды	3
Пуллулан	8	Инулин	3
Гуаровая камедь	6	Пектин	3
Ксилоглюкан	6	Устойчивый крахмал	3



Изомальтоолигосахариды	5
Полидекстроза	5
Пиродекстрин	5

Арабиногалактан	4
Арабиноксилан	4
Бета-глюкан	4
Декстрин	4
Лактулоза	4
Маннан-олигосахариды	4
Ксилоолигосахариды	4
Ксилан	4

# Масляная кислота

**Ваш показатель: 7 из 10**

**У вашей микробиоты нормальный потенциал к синтезу масляной кислоты**

Масляная кислота, или бутират – одна из необходимых организму короткоцепочечных жирных кислот (КЖК), производимых кишечными бактериями из пищевых волокон. К КЖК относятся также уксусная и пропионовая кислоты, которые обеспечивают 15 % необходимой организму энергии.

Масляная кислота – основной источник энергии для клеток эпителия кишечника. Она регулирует состав микробиоты и не дает размножаться вредным бактериям. Также эта КЖК защищает от онкологических заболеваний и воспалений, регулирует иммунитет и обмен веществ.

Бактерии производят масляную кислоту и другие КЖК из пищевых волокон, которые содержатся во фруктах, овощах и цельных злаках. Пищевые волокна представляют собой олиго- и полисахариды, которые человеческий организм не способен переваривать самостоятельно. Здесь на помощь приходят бактерии. Наиболее активно производят масляную кислоту бактерии порядка Clostridiales: Anaerostipes, Faecalibacterium, Roseburia и Eubacterium.

По результатам исследования мы рассчитали потенциал вашей микробиоты к синтезу масляной кислоты.

Чтобы поддерживать нормальный уровень масляной кислоты, употребляйте достаточно продуктов с высоким содержанием пищевых волокон. Тогда представленность бактерий – производителей масляной кислоты будет оставаться на необходимом уровне. Состав вашей микробиоты говорит о нормальном потенциале к синтезу масляной кислоты. Этого должно быть достаточно для поддержания защитных функций в норме.

Не сокращайте количество продуктов с клетчаткой в рационе, и этот важный потенциал вашей микробиоты сохранится.

Состав вашей микробиоты говорит о нормальном потенциале к синтезу масляной кислоты. Этого должно быть достаточно для поддержания защитных функций в норме.

Не сокращайте количество продуктов с клетчаткой в рационе, и этот важный потенциал вашей микробиоты сохранится.

## Исходные данные

Род бактерий, участвующих в синтезе	Представленность в микробиоте	Уровень представленности
Faecalibacterium	9.54%	Низкий уровень
Eubacterium hallii group	1.29%	Средний уровень
Roseburia	0.99%	Низкий уровень
Anaerostipes	0.78%	Средний уровень
Butyricoccus	0.78%	Высокий уровень
Butyrivibrio	0.56%	Высокий уровень
Butyricimonas	0.19%	Высокий уровень
Flavonifractor	0.1%	Средний уровень
Odoribacter	0.05%	Средний уровень
Coprococcus	0%	Средний уровень

# Синтез витаминов

Витамины участвуют в обмене веществ в качестве коферментов для многих реакций. Витамины поступают с пищей, а также синтезируются бактериями кишечника. Чем выше представленность некоторых бактерий, тем выше вероятность, что они производят достаточное количество витамина.

Витамин	Описание
Витамин B5	Нормальный потенциал микробиоты к синтезу витамина B5
Витамин B9	Нормальный потенциал микробиоты к синтезу витамина B9
Витамин B2	Нормальный потенциал микробиоты к синтезу витамина B2
Витамин B6	Нормальный потенциал микробиоты к синтезу витамина B6
Витамин К	Нормальный потенциал микробиоты к синтезу витамина К
Витамин B3	Повышенный потенциал микробиоты к синтезу витамина B3
Витамин B7	Повышенный потенциал микробиоты к синтезу витамина B7
Витамин B1	Повышенный потенциал микробиоты к синтезу витамина B1

# Витамин B5

## Уровень представленности: 5 из 10

Ваша микробиота способна производить много витамина B5. В кишечнике этот витамин активно используется самими бактериями. Небольшое его количество может транспортироваться в кровеносное русло человека. Потенциал микробиоты к синтезу витаминов – важный показатель для микробного сообщества кишечника и для поддержания его нормальной работы. Стоит учитывать, что речь идет о витаминах, которые синтезируют бактерии в основном сами для себя, поэтому невозможно судить об уровне витамина в организме в целом.

Организм человека не может синтезировать витамины группы B, включая B5 – пантотеновую кислоту. В организм она может поступить из пищи, а также ее могут производить кишечные бактерии. Ранее считалось, что водорастворимые витамины всасываются только в тонком кишечнике, но недавние исследования показали, что всасывание витаминов группы B возможно и в толстом кишечнике – основном месте обитания кишечной микробиоты.

Мы проанализировали метаболические пути бактерий и выявили те, что гипотетически могут производить витамин B5. В этом разделе рассчитывается потенциал микробиоты к синтезу витамина B5 на основе представленности этих бактерий.

## Исходные данные

Род бактерий, участвующих в синтезе	Представленность в микробиоте	Уровень представленности
Bacteroides	5.94%	Низкий уровень
Roseburia	0.99%	Низкий уровень
Anaerostipes	0.78%	Средний уровень
Papillibacter	0.77%	Высокий уровень
Parabacteroides	0.57%	Средний уровень
Alistipes	0.52%	Низкий уровень
Akkermansia	0.38%	Высокий уровень
Collinsella	0.37%	Высокий уровень
Victivallis	0.12%	Высокий уровень
Enterorhabdus	0.08%	Высокий уровень

Odoribacter	0.05%	Средний уровень
Phascolarctobacterium	0.02%	Низкий уровень
Paenibacillus	0%	Средний уровень
Streptomyces	0%	Средний уровень
Adlercreutzia	0%	Низкий уровень
Sellimonas	0%	Средний уровень
Anaerofustis	0%	Средний уровень
Pseudobutyrvibrio	0%	Средний уровень
Libanicoccus	0%	Средний уровень
Anaerococcus	0%	Средний уровень
Paraprevotella	0%	Средний уровень
Arcobacter	0%	Средний уровень
Megamonas	0%	Средний уровень
Sediminibacterium	0%	Средний уровень
Prevotella	0%	Средний уровень
Bacillus	0%	Средний уровень
Pseudarthrobacter	0%	Средний уровень
Geobacillus	0%	Средний уровень

# Витамин В9

## Уровень представленности: 5 из 10

Ваша микробиота способна производить много витамина В9. В кишечнике этот витамин активно используется самими бактериями. Небольшое его количество может транспортироваться в кровеносное русло человека. Потенциал микробиоты к синтезу витаминов – важный показатель для микробного сообщества кишечника и для поддержания его нормальной работы. Стоит учитывать, что речь идет о витаминах, которые синтезируют бактерии в основном сами для себя, поэтому невозможно судить об уровне витамина в организме в целом.

Организм человека не может синтезировать витамины группы В, включая В9 – фолиевую кислоту. В организм она может поступить из пищи, а также ее могут производить кишечные бактерии. Ранее считалось, что водорастворимые витамины всасываются только в тонком кишечнике, но недавние исследования показали, что всасывание витаминов группы В возможно и в толстом кишечнике – основном месте обитания кишечной микробиоты.

Мы проанализировали метаболические пути бактерий и выявили те, что гипотетически могут производить витамин В9. В этом разделе рассчитывается потенциал микробиоты к синтезу витамина В9 на основе представленности этих бактерий.

## Исходные данные

Род бактерий, участвующих в синтезе	Представленность в микробиоте	Уровень представленности
Bacteroides	5.94%	Низкий уровень
Blautia	3.04%	Средний уровень
Parabacteroides	0.57%	Средний уровень
Alistipes	0.52%	Низкий уровень
Butyricimonas	0.19%	Высокий уровень
Bifidobacterium	0.18%	Средний уровень
Coprobacter	0.06%	Высокий уровень
Odoribacter	0.05%	Средний уровень
Pseudarthrobacter	0%	Средний уровень
Bacillus	0%	Средний уровень

Prevotella	0%	Средний уровень
Paenibacillus	0%	Средний уровень
Megasphaera	0%	Средний уровень
Lactonifactor	0%	Средний уровень
Geobacillus	0%	Средний уровень



# Витамин B2

## Уровень представленности: 6 из 10

В составе микробиоты вашего кишечника наблюдается средний уровень бактерий, способных синтезировать витамин B2. В кишечнике этот витамин активно используется самими бактериями. Небольшое его количество может транспортироваться в кровеносное русло человека. Потенциал микробиоты к синтезу витаминов – важный показатель для микробного сообщества кишечника и для поддержания его нормальной работы. Стоит учитывать, что речь идет о витаминах, которые синтезируют бактерии в основном сами для себя, поэтому невозможно судить об уровне витамина в организме в целом.

Организм человека не может синтезировать витамины группы B, включая B2 – рибофлавин. В организм он может поступить из пищи, а также его могут производить кишечные бактерии. Считалось, что водорастворимые витамины всасываются только в тонком кишечнике, но недавние исследования показали, что всасывание витаминов группы B возможно и в толстом кишечнике – основном месте обитания кишечной микробиоты.

Мы проанализировали метаболические пути бактерий и выявили те, что гипотетически могут производить витамин B2. В этом разделе рассчитывается потенциал микробиоты к синтезу витамина B2 на основе представленности этих бактерий.

## Исходные данные

Род бактерий, участвующих в синтезе	Представленность в микробиоте	Уровень представленности
Faecalibacterium	9.54%	Низкий уровень
Bacteroides	5.94%	Низкий уровень
Agathobacter	3.31%	Высокий уровень
Blautia	3.04%	Средний уровень
Lachnoclostridium	1.31%	Средний уровень
Roseburia	0.99%	Низкий уровень
Anaerostipes	0.78%	Средний уровень
Butyricoccus	0.78%	Высокий уровень
Parabacteroides	0.57%	Средний уровень

Butyrivibrio	0.56%	Высокий уровень
Alistipes	0.52%	Низкий уровень
Ruminiclostridium	0.52%	Высокий уровень
Dorea	0.4%	Средний уровень
Intestinibacter	0.38%	Высокий уровень
Akkermansia	0.38%	Высокий уровень
Senegalimassilia	0.3%	Высокий уровень
Lachnospira	0.28%	Низкий уровень
Butyricimonas	0.19%	Высокий уровень
Bifidobacterium	0.18%	Средний уровень
Barnesiella	0.17%	Средний уровень
Romboutsia	0.16%	Высокий уровень
Muribaculum	0.13%	Высокий уровень
Victivallis	0.12%	Высокий уровень
Coprobacter	0.06%	Высокий уровень
Odoribacter	0.05%	Средний уровень
Lactobacillus	0.02%	Высокий уровень
Phascolarctobacterium	0.02%	Низкий уровень
Tyzzarella	0.01%	Низкий уровень
Streptomyces	0%	Средний уровень
Arcobacter	0%	Средний уровень
Adlercreutzia	0%	Низкий уровень
Allisonella	0%	Средний уровень
Pseudarthrobacter	0%	Средний уровень
Bacillus	0%	Средний уровень
Olsenella	0%	Средний уровень
Prevotella	0%	Средний уровень
Sediminibacterium	0%	Средний уровень
Megamonas	0%	Средний уровень
Cloacibacillus	0%	Средний уровень
Leuconostoc	0%	Средний уровень
Acidaminococcus	0%	Средний уровень
Paenibacillus	0%	Средний уровень
Lactonifactor	0%	Средний уровень
Sanguibacteroides	0%	Средний уровень
Megasphaera	0%	Средний уровень

Coprobacillus	0%	Средний уровень
Lactococcus	0%	Средний уровень
Paraprevotella	0%	Средний уровень
Faecalitalea	0%	Средний уровень
Anaerococcus	0%	Средний уровень
Pseudobutyrvibrio	0%	Средний уровень
Weissella	0%	Средний уровень
Geobacillus	0%	Средний уровень
Anoxytrichum	0%	Средний уровень
Eubacterium	0%	Средний уровень
Cetobacterium	0%	Средний уровень

# Витамин B6

## Уровень представленности: 7 из 10

Ваша микробиота способна производить много витамина B6. В кишечнике этот витамин активно используется самими бактериями. Небольшое его количество может транспортироваться в кровеносное русло человека. Потенциал микробиоты к синтезу витаминов – важный показатель для микробного сообщества кишечника и для поддержания его нормальной работы. Стоит учитывать, что речь идет о витаминах, которые синтезируют бактерии в основном сами для себя, поэтому невозможно судить об уровне витамина в организме в целом.

Организм человека не может синтезировать витамины группы B, включая B6 – пиридоксин. В организм он может поступить из пищи, а также его могут производить кишечные бактерии. Ранее считалось, что водорастворимые витамины всасываются только в тонком кишечнике, но недавние исследования показали, что всасывание витаминов группы B возможно и в толстом кишечнике – основном месте обитания кишечной микробиоты.

Мы проанализировали метаболические пути бактерий и выявили те, что гипотетически могут производить витамин B6. В этом разделе рассчитывается потенциал микробиоты к синтезу витамина B6 на основе представленности этих бактерий.

## Исходные данные

Род бактерий, участвующих в синтезе	Представленность в микробиоте	Уровень представленности
Bacteroides	5.94%	Низкий уровень
Agathobacter	3.31%	Высокий уровень
Blautia	3.04%	Средний уровень
Roseburia	0.99%	Низкий уровень
Anaerostipes	0.78%	Средний уровень
Parabacteroides	0.57%	Средний уровень
Butyrivibrio	0.56%	Высокий уровень
Alistipes	0.52%	Низкий уровень
Ruminiclostridium	0.52%	Высокий уровень
Dorea	0.4%	Средний уровень

Intestinibacter	0.38%	Высокий уровень
Akkermansia	0.38%	Высокий уровень
Collinsella	0.37%	Высокий уровень
Methanobrevibacter	0.36%	Высокий уровень
Senegalimassilia	0.3%	Высокий уровень
Lachnospira	0.28%	Низкий уровень
Butyricimonas	0.19%	Высокий уровень
Bifidobacterium	0.18%	Средний уровень
Romboutsia	0.16%	Высокий уровень
Odoribacter	0.05%	Средний уровень
Lactobacillus	0.02%	Высокий уровень
Turicibacter	0.02%	Высокий уровень
Phascolarctobacterium	0.02%	Низкий уровень
Christensenella	0.01%	Высокий уровень
Sanguibacteroides	0%	Средний уровень
Cloacibacillus	0%	Средний уровень
Adlercreutzia	0%	Низкий уровень
Allisonella	0%	Средний уровень
Pseudarthrobacter	0%	Средний уровень
Halorubrum	0%	Средний уровень
Bacillus	0%	Средний уровень
Olsenella	0%	Средний уровень
Prevotella	0%	Средний уровень
Sediminibacterium	0%	Средний уровень
Megamonas	0%	Средний уровень
Leuconostoc	0%	Средний уровень
Streptomyces	0%	Средний уровень
Arcobacter	0%	Средний уровень
Gordonibacter	0%	Средний уровень
Eisenbergiella	0%	Средний уровень
Paenibacillus	0%	Средний уровень
Methanobacterium	0%	Средний уровень
Anaerococcus	0%	Средний уровень
Libanicoccus	0%	Средний уровень
Ezakiella	0%	Средний уровень
Geobacillus	0%	Средний уровень

Eubacterium	0%	Средний уровень
Halobacterium	0%	Средний уровень

# Витамин К

## Уровень представленности: 7 из 10

Ваша микробиота способна производить много витамина К. В кишечнике этот витамин активно используется самими бактериями. Небольшое его количество может транспортироваться в кровеносное русло человека. Потенциал микробиоты к синтезу витаминов – важный показатель для микробного сообщества кишечника и для поддержания его нормальной работы. Стоит учитывать, что речь идет о витаминах, которые синтезируют бактерии в основном сами для себя, поэтому невозможно судить об уровне витамина в организме в целом.

Способность некоторых бактерий синтезировать витамин К изучена хорошо. Этот витамин участвует в процессах коагуляции – свертывании крови. Эта группа витаминов подразделяется на витамин К1 и группу менахинонов, объединенную названием К2.

Витамин К1 мы получаем в большей степени с пищей (около 90 % поступающего с пищей витамина К – это К1), например, брокколи, шпинат и разные зеленые овощи. Витамин К2 также присутствует в пище, но в значительно меньших количествах. Бактерии синтезируют именно витамин К2. Уровень витамина К, как правило, остается на нормальном уровне даже при дефиците его в питании.

Витамин К участвует в процессах минерализации костей. Есть предположения, что витамин К может благотворно влиять на сердечно-сосудистую систему, но этот вопрос изучен не полностью. Мы проанализировали метаболические пути бактерий и выявили те, что гипотетически могут производить витамин К. В этом разделе рассчитывается потенциал микробиоты к синтезу витамина К на основе представленности этих бактерий.

## Исходные данные

Род бактерий, участвующих в синтезе	Представленность в микробиоте	Уровень представленности
Lactobacillus	0.02%	Высокий уровень
Bacillus	0%	Средний уровень
Geobacillus	0%	Средний уровень

# Витамин В3

## Уровень представленности: 8 из 10

Ваш кишечник населяет много бактерий, способных синтезировать витамин В3. В кишечнике этот витамин активно используется самими бактериями. Небольшое его количество может транспортироваться в кровеносное русло человека. Потенциал микробиоты к синтезу витаминов – важный показатель для микробного сообщества кишечника и для поддержания его нормальной работы. Стоит учитывать, что речь идет о витаминах, которые синтезируют бактерии в основном сами для себя, поэтому невозможно судить об уровне витамина в организме в целом.

Организм человека не может синтезировать витамины группы В, включая В3 – никотиновую кислоту. В организм она может поступить из пищи, а также ее могут производить кишечные бактерии. Ранее считалось, что водорастворимые витамины всасываются только в тонком кишечнике, но недавние исследования показали, что всасывание витаминов группы В возможно и в толстом кишечнике – основном месте обитания кишечной микробиоты.

Мы проанализировали метаболические пути бактерий и выявили те, что гипотетически могут производить витамин В3. В этом разделе рассчитывается потенциал микробиоты к синтезу витамина В3 на основе представленности этих бактерий.

## Исходные данные

Род бактерий, участвующих в синтезе	Представленность в микробиоте	Уровень представленности
Bacteroides	5.94%	Низкий уровень
Agathobacter	3.31%	Высокий уровень
Blautia	3.04%	Средний уровень
Lachnoclostridium	1.31%	Средний уровень
Roseburia	0.99%	Низкий уровень
Anaerostipes	0.78%	Средний уровень
Papillibacter	0.77%	Высокий уровень
Parabacteroides	0.57%	Средний уровень
Ruminiclostridium	0.52%	Высокий уровень
Alistipes	0.52%	Низкий уровень



Dorea	0.4%	Средний уровень
Intestinibacter	0.38%	Высокий уровень
Akkermansia	0.38%	Высокий уровень
Collinsella	0.37%	Высокий уровень
Methanobrevibacter	0.36%	Высокий уровень
Lachnospira	0.28%	Низкий уровень
Butyricimonas	0.19%	Высокий уровень
Bifidobacterium	0.18%	Средний уровень
Barnesiella	0.17%	Средний уровень
Muribaculum	0.13%	Высокий уровень
Victivallis	0.12%	Высокий уровень
Flavonifractor	0.1%	Средний уровень
Coprobacter	0.06%	Высокий уровень
Odoribacter	0.05%	Средний уровень
Lactobacillus	0.02%	Высокий уровень
Catenisphaera	0%	Средний уровень
Paenibacillus	0%	Средний уровень
Pseudarthrobacter	0%	Средний уровень
Halorubrum	0%	Средний уровень
Bacillus	0%	Средний уровень
Olsenella	0%	Средний уровень
Prevotella	0%	Средний уровень
Sediminibacterium	0%	Средний уровень
Megamonas	0%	Средний уровень
Acidaminococcus	0%	Средний уровень
Arcobacter	0%	Средний уровень
Megasphaera	0%	Средний уровень
Sanguibacteroides	0%	Средний уровень
Streptomyces	0%	Средний уровень
Paraprevotella	0%	Средний уровень
Methanobacterium	0%	Средний уровень
Faecalitalea	0%	Средний уровень
Libanicoccus	0%	Средний уровень
Pseudobutyrvibrio	0%	Средний уровень
Anaerofustis	0%	Средний уровень
Coprococcus	0%	Средний уровень

Halobacterium	0%	Средний уровень
Geobacillus	0%	Средний уровень
Eubacterium	0%	Средний уровень
Lactonifactor	0%	Средний уровень
Sellimonas	0%	Средний уровень

# Витамин В7

## Уровень представленности: 8 из 10

Ваш кишечник населяет много бактерий, способных синтезировать витамин В7. В кишечнике этот витамин активно используется самими бактериями. Небольшое его количество может транспортироваться в кровеносное русло человека. Потенциал микробиоты к синтезу витаминов – важный показатель для микробного сообщества кишечника и для поддержания его нормальной работы. Стоит учитывать, что речь идет о витаминах, которые синтезируют бактерии в основном сами для себя, поэтому невозможно судить об уровне витамина в организме в целом.

Организм человека не может синтезировать витамины группы В, включая В7 – биотин. В организм он может поступить из пищи, а также его могут производить кишечные бактерии. Ранее считалось, что водорастворимые витамины всасываются только в тонком кишечнике, но недавние исследования показали, что всасывание витаминов группы В возможно и в толстом кишечнике – основном месте обитания кишечной микробиоты.

Мы проанализировали метаболические пути бактерий и выявили те, что гипотетически могут производить витамин В7. В этом разделе рассчитывается потенциал микробиоты к синтезу витамина В7 на основе представленности этих бактерий.

## Исходные данные

Род бактерий, участвующих в синтезе	Представленность в микробиоте	Уровень представленности
Bacteroides	5.94%	Низкий уровень
Parabacteroides	0.57%	Средний уровень
Alistipes	0.52%	Низкий уровень
Akkermansia	0.38%	Высокий уровень
Intestinibacter	0.38%	Высокий уровень
Butyricimonas	0.19%	Высокий уровень
Barnesiella	0.17%	Средний уровень
Romboutsia	0.16%	Высокий уровень
Victivallis	0.12%	Высокий уровень
Coprobacter	0.06%	Высокий уровень

Odoribacter	0.05%	Средний уровень
Arcobacter	0%	Средний уровень
Paenibacillus	0%	Средний уровень
Sanguibacteroides	0%	Средний уровень
Streptomyces	0%	Средний уровень
Cetobacterium	0%	Средний уровень
Sediminibacterium	0%	Средний уровень
Paraprevotella	0%	Средний уровень
Bacillus	0%	Средний уровень
Pseudarthrobacter	0%	Средний уровень
Geobacillus	0%	Средний уровень

# Витамин В1

## Уровень представленности: 8 из 10

Ваш кишечник населяет много бактерий, способных синтезировать витамин В1. В кишечнике этот витамин активно используется самими бактериями. Небольшое его количество может транспортироваться в кровеносное русло человека. Потенциал микробиоты к синтезу витаминов – важный показатель для микробного сообщества кишечника и для поддержания его нормальной работы. Стоит учитывать, что речь идет о витаминах, которые синтезируют бактерии в основном сами для себя, поэтому невозможно судить об уровне витамина в организме в целом.

Организм человека не может синтезировать витамины группы В, включая В1 – тиамин. В организм он может поступить из пищи, а также его могут производить кишечные бактерии. Ранее считалось, что водорастворимые витамины всасываются только в тонком кишечнике, но недавние исследования показали, что всасывание витаминов группы В возможно и в толстом кишечнике – основном месте обитания кишечной микробиоты.

Мы проанализировали метаболические пути бактерий и выявили те, что гипотетически могут производить витамин В1. В этом разделе рассчитывается потенциал микробиоты к синтезу витамина В1 на основе представленности этих бактерий.

## Исходные данные

Род бактерий, участвующих в синтезе	Представленность в микробиоте	Уровень представленности
Blautia	3.04%	Средний уровень
Lachnoclostridium	1.31%	Средний уровень
Bifidobacterium	0.18%	Средний уровень
Romboutsia	0.16%	Высокий уровень
Victivallis	0.12%	Высокий уровень
Flavonifractor	0.1%	Средний уровень
Lactobacillus	0.02%	Высокий уровень
Bacillus	0%	Средний уровень
Acidaminococcus	0%	Средний уровень
Megasphaera	0%	Средний уровень

Cetobacterium	0%	Средний уровень
Lactonifactor	0%	Средний уровень

# Гражданство ваших бактерий: Восточная Европа

Ученые провели исследование микробиоты жителей регионов Российской Федерации (Татарстан, Тува, Омская область, Хакасия) и определили её портрет. В рационе сельских жителей России умеренное количество мяса, много мучных изделий и крахмала (картофель, овсянка). Диета жирная и высококалорийная.







Люди, которые в течение сотен лет живут вместе, становятся похожи не только генетически: они вырабатывают общие привычки питания. Поэтому портреты их кишечной микробиоты тоже становятся похожими.

С помощью алгоритмов машинного обучения, ученые составили примерный портрет микробиоты разных народов. Вы можете посмотреть, какому стилю питания соответствует ваше кишечное сообщество.





























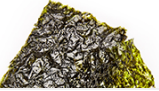





Восточная Европа	37.8%
Западная Европа	19.8%
Африка	15.8%
Южная Америка	12%
Северная Америка	7.4%
Азия	7.2%

# Рекомендованные продукты

Список продуктов, которые будут полезны вашему организму. Он составлен по данным генетического теста и анализа микробиоты. Рекомендованные продукты могут снизить риск заболеваний, укрепить иммунитет и улучшить самочувствие.

	Артишоки		Спаржа
	Фасоль		Свекла
	Нут		Стручковый перец
	Морковь		Маниок
	Пажитник		Чеснок
	Топинамбур		Лук-порей
	Чечевица		Лук репчатый
	Женьшень		Горох
	Соя		Шпинат
	Кабачок и тыква		Батат
	Помидоры		Якон
	Брокколи		Кукуруза
	Редис		Яблоки
	Абрикос		Банан



	Шиповник		Цедра
	Инжир		Крыжовник
	Грейпфрут		Зеленый банан
	Киви		Лимон
	Лайм		Манго
	Апельсин		Персик
	Груша		Слива
	Айва		Голубика
	Черноплодная рябина		Клюква
	Виноград		Шампиньоны
	Льняное семя		Грибы майтаке
	Грибы		Соевое молоко
	Миндаль		Ростки бамбука
	Мед		Мисо
	Нори		Стевия
	Грецкий орех		Амарантовая мука
	Ячмень		Коричневый рис

	Овсяные отруби		Просо
	Киноа		Рисовые отруби
	Рожь		Гречневая крупа
	Конжаковая мука		Пшеничные отруби
	Корневища цикория		Зеленый чай
	Листья шелковицы		Черный чай
	Какао		Кефир
	Йогурт		Рыбий жир

# Список всех бактерий

Список всех родов бактерий, обнаруженных в вашем образце микробиоты.

## Семейство

Типы бактерий разделяются на семейства. В семейства входят родственные бактерии, похожие по строению и питанию. При этом они различаются по «образу жизни», и в одном семействе могут соседствовать как патогенные, так и полезные бактерии.

Lachnospiraceae	28.18%
Ruminococcaceae	27.74%
Erysipelotrichaceae	10.31%
Firmicutes Other	8.27%
Bacteroidaceae	5.94%
Clostridiales Other	4.18%
Bacteroidales Other	4.08%
Bacteria Other	2.6%
Prevotellaceae	1.43%
Veillonellaceae	1.22%
Peptostreptococcaceae	0.73%
Tannerellaceae	0.57%
Rikenellaceae	0.52%
Akkermansiaceae	0.38%
Eggerthellaceae	0.38%
Clostridiaceae_1	0.37%
Coriobacteriaceae	0.37%
Methanobacteriaceae	0.36%
Acidaminococcaceae	0.35%
Desulfovibrionaceae	0.27%

Family_XIII	0.25%
Marinifilaceae	0.24%
Barnesiellaceae	0.23%
Christensenellaceae	0.22%
Bifidobacteriaceae	0.18%
Muribaculaceae	0.13%
Victivallaceae	0.12%
Burkholderiaceae	0.11%
Enterococcaceae	0.07%
Coriobacteriales Other	0.06%
Enterobacteriaceae	0.05%
Lactobacillaceae	0.02%
Streptococcaceae	0.02%
Lactobacillales Other	0.02%
Pasteurellaceae	0.02%
Pseudomonadaceae	0.01%
Eubacteriaceae	0%
Leptospirales Other	0%
Methanosaetaceae	0%
Cytophagales Other	0%
Solimonadaceae	0%
Paenibacillaceae	0%
Campylobacteraceae	0%
Weeksellaceae	0%
Oxyphotobacteria	0%
Family_XI	0%
Clostridia Other	0%
Bogoriellaceae	0%
Succinivibrionaceae	0%

Streptomycetales Other	0%
Rhizobiales Other	0%
Planctomycetales Other	0%
Actinomycetales Other	0%
Pseudomonadales Other	0%
Micromonosporaceae	0%
Cardiobacteriales Other	0%
Carnobacteriaceae	0%
Gammaproteobacteria Other	0%
Mycobacteriaceae	0%
Actinobacteria Other	0%
Cyanobacteria Other	0%
Frankiales Other	0%
Flavobacteriales Other	0%
Bacteroidetes Other	0%
Enterobacteriales Other	0%
Brachyspiraceae	0%
Nocardiaceae	0%
Erysipelotrichales Other	0%
Fusobacteria Other	0%
Dietziaceae	0%
Propionibacteriaceae	0%
Xanthomonadales Other	0%
Vibrionales Other	0%
Bacilli Other	0%
Xanthomonadaceae	0%
Chitinophagaceae	0%
Leuconostocaceae	0%
Micrococcaceae	0%

Pasteurellales Other	0%
Fusobacteriales Other	0%
Family_XII	0%
Spirochaetes Other	0%
Synergistia Other	0%
Synergistetes Other	0%
Oceanospirillales Other	0%
Rhodanobacteraceae	0%
Listeriaceae	0%
Methanomassiliicoccales Other	0%
Coriobacteriia Other	0%
Leptospirae Other	0%
Sphingomonadaceae	0%
Halomonadaceae	0%
Planctomycetes Other	0%
Actinobacteria Other	0%
Neisseriaceae	0%
Methanobacteria Other	0%
Crenarchaeota Other	0%
Oxyphotobacteria Other	0%
Brevibacteriaceae	0%
Methanosarcinales Other	0%
Propionibacteriales Other	0%
Sulfolobales Other	0%
Synergistaceae	0%
Beijerinckiaceae	0%
Cellulomonadaceae	0%
Caulobacterales Other	0%
Corynebacteriales Other	0%

Aquaspirillaceae	0%
Hymenobacteraceae	0%
Xanthobacteraceae	0%
Methanomethylophilaceae	0%
Lentisphaeria Other	0%
Euryarchaeota Other	0%
Spirochaetia Other	0%
Micromonosporales Other	0%
Thermoplasmata Other	0%
Sanguibacteraceae	0%
Sulfolobaceae	0%
Thermoprotei Other	0%
Bacillaceae	0%
Fusobacteriia Other	0%
Spirosomaceae	0%
Epsilonbacteraeota Other	0%
Helicobacteraceae	0%
Aeromonadaceae	0%
Deltaproteobacteria Other	0%
Betaproteobacteriales Other	0%
Schlesneriaceae	0%
Rhodocyclaceae	0%
Bifidobacteriales Other	0%
Victivallales Other	0%
Rhizobiaceae	0%
Halobacteria Other	0%
Aeromonadales Other	0%
Porphyromonadaceae	0%
Clostridiaceae_2	0%

Deinococcaceae	0%
Negativicutes Other	0%
Rhodobacterales Other	0%
Leptotrichiaceae	0%
Dysgonomonadaceae	0%
Peptococcaceae	0%
Micrococcales_Incertae_Sedis	0%
Halobacteriaceae	0%
Haloferacaceae	0%
Actinomycetaceae	0%
Micrococcales Other	0%
Sphingobacteriaceae	0%
Arcobacteraceae	0%
Chitinophagales Other	0%
Methanomassiliicoccaceae	0%
Caulobacteraceae	0%
Staphylococcaceae	0%
Brachyspirae Other	0%
Sphingomonadales Other	0%
Atopobiaceae	0%
Fusobacteriaceae	0%
Brachyspirales Other	0%
Deinococci Other	0%
Verrucomicrobiae Other	0%
Streptomycetaceae	0%
Acetobacteraceae	0%
Leptospiraceae	0%
Campylobacterales Other	0%
Spirochaetaceae	0%



Acetobacterales Other	0%
Nocardioideaceae	0%
Bacillales Other	0%
Intrasporangiaceae	0%
Salinisphaerales Other	0%
Family_XI	0%
Cardiobacteriaceae	0%
Alphaproteobacteria Other	0%
Geodermatophilaceae	0%
Dermacoccaceae	0%
Verrucomicrobia Other	0%
Planococcaceae	0%
Dermabacteraceae	0%
Lentisphaerae Other	0%
Methanobacteriales Other	0%
Aerococcaceae	0%
Methanomicrobia Other	0%
Planctomycetacia Other	0%
Flavobacteriaceae	0%
Chloroplast Other	0%
Moraxellaceae	0%
Desulfovibrionales Other	0%
Halomicrobiaceae	0%
Campylobacteria Other	0%
Spirochaetales Other	0%
Vibrionaceae	0%
Corynebacteriaceae	0%
Promicromonosporaceae	0%
Archaea Other	0%

Sphingobacteriales Other	0%
Selenomonadales Other	0%
Unassigned Other	0%
Rhodobacteraceae	0%
Verrucomicrobiales Other	0%
Erysipelotrichia Other	0%
Halobacteriales Other	0%
Bacteroidia Other	0%
Deinococcus-Thermus Other	0%
Synergistales Other	0%
Proteobacteria Other	0%
Microbacteriaceae	0%
Deinococcales Other	0%

## Род

К одному бактериальному семейству может относиться несколько родов. Бактерии одного рода – близкие родственники и часто выполняют похожие функции в кишечнике.

Unknown Lachnospiraceae	13.65%
Faecalibacterium	9.54%
Unknown Firmicutes	8.27%
Bacteroides	5.94%
Catenibacterium	4.26%
Unknown Clostridiales	4.18%
Unknown Bacteroidales	4.08%
Ruminococcaceae UCG-002	4.01%
Unknown Ruminococcaceae	3.93%
Holdemanella	3.85%
Ruminococcus group 2	3.69%
Agathobacter	3.31%
Blautia	3.04%
Unknown Bacteria	2.6%
Ruminiclostridium group 9	2.45%
Unknown Erysipelotrichaceae	1.51%
Ruminococcus Lachnospiraceae	1.4%
Lachnoclostridium	1.31%
Eubacterium hallii group	1.29%
Prevotella group 9	1%
Roseburia	0.99%
Anaerostipes	0.78%
Butyricoccus	0.78%
Coprococcus 3	0.78%

Papillibacter	0.77%
Phocea	0.75%
Erysipelatoclostridium	0.62%
Dialister	0.62%
Mitsuokella	0.57%
Parabacteroides	0.57%
Butyrivibrio	0.56%
Ruminococcus group 1	0.54%
Ruminiclostridium	0.52%
Alistipes	0.52%
Oscillibacter	0.51%
Dorea	0.4%
Akkermansia	0.38%
Intestinibacter	0.38%
Clostridium sensu stricto 1	0.37%
Collinsella	0.37%
Methanobrevibacter	0.36%
Unknown Acidaminococcaceae	0.33%
Eubacterium eligens group	0.33%
Senegalimassilia	0.3%
Lachnospira	0.28%
Bilophila	0.27%
Mogibacterium	0.24%
Prevotella group 7	0.23%
Unknown Prevotellaceae	0.2%
Unknown Christensenellaceae	0.19%
Butyricimonas	0.19%
Bifidobacterium	0.18%
Terrisporobacter	0.17%

Barnesiella	0.17%
Romboutsia	0.16%
Muribaculum	0.13%
Victivallis	0.12%
Flavonifractor	0.1%
Ruminiclostridium group 1	0.09%
Enterorhabdus	0.08%
Enterococcus	0.07%
Coprobacter	0.06%
Unknown Coriobacteriales	0.06%
Sutterella	0.06%
Erysipelotrichaceae UCG-003	0.05%
Odoribacter	0.05%
Escherichia-Shigella	0.05%
Eubacterium ruminantium group	0.05%
Ruminiclostridium group 6	0.04%
Oxalobacter	0.04%
Phascolarctobacterium	0.02%
Lactobacillus	0.02%
Unknown Veillonellaceae	0.02%
Catabacter	0.02%
Unknown Lactobacillales	0.02%
Turicibacter	0.02%
Haemophilus	0.02%
Streptococcus	0.02%
Christensenella	0.01%
Tyzzereella	0.01%
Eubacterium nodatum group	0.01%
Parasutterella	0.01%

Paeniclostridium	0.01%
Candidatus Soleaferrea	0.01%
Peptostreptococcus	0.01%
Pseudomonas	0.01%
Veillonella	0.01%
Intestinimonas	0.01%
Unknown Epsilonbacteraeota	0%
Bacteroides pectinophilus group	0%
Kingella	0%
Unknown Cardiobacteriaceae	0%
Franconibacter	0%
Unknown Lentisphaerae	0%
Ochrobactrum	0%
Allisonella	0%
Unknown Rhodocyclaceae	0%
Unknown Helicobacteraceae	0%
Unknown Methanomassiliicoccaceae	0%
Alloiococcus	0%
Bradyrhizobium	0%
Unknown Xanthomonadales	0%
Unknown Spirochaetia	0%
Treponema group 2	0%
Unknown Thermoprotei	0%
Neomicrococcus	0%
Haloferax	0%
Dietzia	0%
Aerococcus	0%
Unknown Xanthomonadaceae	0%
Providencia	0%

Unknown Leptotrichiaceae	0%
Aeromicrobium	0%
Unknown Cytophagales	0%
Faecalicoccus	0%
Unknown Paenibacillaceae	0%
Clostridium sensu stricto	0%
Unknown Spirosomaceae	0%
Unknown Corynebacteriaceae	0%
Janibacter	0%
Planomicrobium	0%
Unknown Methanobacteria	0%
Unknown Fusobacteria	0%
Tissierella	0%
Sulfolobus	0%
Yersinia	0%
Unknown Aquaspirillaceae	0%
Staphylococcus	0%
Rhodococcus	0%
Eubacterium	0%
Tetragenococcus	0%
Cloacibacillus	0%
Unknown Arcobacteraceae	0%
Xylophilus	0%
Rudanella	0%
Leminorella	0%
Unknown Brachyspirae	0%
Unknown Planctomycetales	0%
Microbacterium	0%
Rothia	0%

Unknown Porphyromonadaceae	0%
Megamonas	0%
Deinococcus	0%
Bhargavaea	0%
Sanguibacteroides	0%
Enhydrobacter	0%
Unknown Selenomonadales	0%
Unknown Hymenobacteraceae	0%
Unknown Caulobacterales	0%
Methanosaeta	0%
Unknown Bacillaceae	0%
Actinobacillus	0%
Unknown Bifidobacteriales	0%
Unknown Pasteurellales	0%
Granulicatella	0%
Unknown Archaea	0%
Campylobacter	0%
Halomicrobium	0%
Lautropia	0%
Curtobacterium	0%
Halodesulfurarchaeum	0%
Clostridium sensu stricto 3	0%
Ralstonia	0%
Unknown Peptostreptococcaceae	0%
Unknown Halobacteriaceae	0%
Unknown Neisseriaceae	0%
Brachyspira	0%
Faecalitalea	0%
Stenotrophomonas	0%



Pectobacterium	0%
Succinatimonas	0%
Serratia	0%
Unknown Dermacoccaceae	0%
Paraprevotella	0%
Dyadobacter	0%
Unknown Enterobacteriaceae	0%
Lachnobacterium	0%
Alloprevotella	0%
Unknown Oceanospirillales	0%
Unknown Clostridiaceae group 1	0%
GKS98 freshwater group	0%
Unknown Nocardiaceae	0%
Cellulomonas	0%
Unknown Eggerthellaceae	0%
Unknown Promicromonosporaceae	0%
Unknown Mycobacteriaceae	0%
Anaerorhabdus furcosa group	0%
Unknown Deltaproteobacteria	0%
Kurthia	0%
Unknown Rikenellaceae	0%
Zobellia	0%
Laribacter	0%
Unknown Nocardoidaceae	0%
Leptotrichia	0%
Limnobacter	0%
Methanomassiliicoccus	0%
Unknown Dietziaceae	0%
Unknown Micromonosporales	0%

Coprococcus	0%
Unknown Planctomycetes	0%
Pseudoclavibacter	0%
Unknown Bogoriellaceae	0%
Unknown Leuconostocaceae	0%
Leuconostoc	0%
Bordetella	0%
Clostridium innocuum group	0%
Coprobacillus	0%
Varibaculum	0%
Unknown Methanomethylophilaceae	0%
Unknown Muribaculaceae	0%
Unknown Brachyspirales	0%
Unknown Enterococcaceae	0%
Clostridium sensu stricto 11	0%
Arcanobacterium	0%
Micrococcus	0%
DTU089	0%
Hydrogenophaga	0%
Dickeya	0%
Brevibacillus	0%
Gemella	0%
Prevotella	0%
Cupriavidus	0%
Unknown Campylobacteraceae	0%
Brachybacterium	0%
Propionibacterium	0%
Fictibacillus	0%
Unknown Deinococcales	0%

Lactonifactor	0%
Eisenbergiella	0%
Geobacillus	0%
Lachnospiraceae NC2004 group	0%
Cutibacterium	0%
Pseudoglutamicibacter	0%
Massilia	0%
Paraclostridium	0%
Unknown Micrococcaceae	0%
Noviherbaspirillum	0%
Unknown Negativicutes	0%
Krasilnikoviella	0%
Unknown Haloferacaceae	0%
Acidaminococcus	0%
Hafnia-Obesumbacterium	0%
Unknown Brevibacteriaceae	0%
Unknown Methanomicrobia	0%
Eggerthella	0%
Sporosarcina	0%
Pseudarthrobacter	0%
Unknown Staphylococcaceae	0%
Altererythrobacter	0%
Unknown Victivallaceae	0%
Unknown Euryarchaeota	0%
Acidovorax	0%
Filifactor	0%
Unknown Proteobacteria	0%
Ensifer	0%
Eggerthia	0%

Aeromonas	0%
Unknown Corynebacteriales	0%
Unknown Acetobacteraceae	0%
Unknown Lactobacillaceae	0%
Candidatus Methanoplasma	0%
Clostridioides	0%
Rhodanobacter	0%
Unknown Methanobacteriales	0%
Delftia	0%
Unknown Caulobacteraceae	0%
Empedobacter	0%
Roseomonas	0%
Unknown Campylobacteria	0%
Desulfitobacterium	0%
Unknown Victivallales	0%
Atopobium	0%
Lysobacter	0%
Unknown Streptococcaceae	0%
Sphingopyxis	0%
Grimontia	0%
Unknown Methanobacteriaceae	0%
Erwinia	0%
Unknown Brachyspiraceae	0%
Kocuria	0%
Unknown Chitinophagaceae	0%
Moryella	0%
Abiotrophia	0%
Unknown Sulfolobales	0%
Unknown Deinococci	0%

Eikenella	0%
Unknown Aerococcaceae	0%
Sellimonas	0%
Unknown Synergistales	0%
Xanthomonas	0%
Yonghaparkia	0%
Helicobacter	0%
Clostridium sensu stricto 7	0%
Mycobacterium	0%
Unknown Planococcaceae	0%
Olsenella	0%
Murdochiella	0%
Paenibacillus	0%
Unknown Rhodanobacteraceae	0%
Afipia	0%
Tannerella	0%
Unknown Cellulomonadaceae	0%
Unknown Bacilli	0%
Unknown Synergistia	0%
Unknown Cyanobacteria	0%
Pseudoxanthomonas	0%
Dielma	0%
Acidipropionibacterium	0%
Georgenia	0%
Unknown Succinivibrionaceae	0%
Trueperella	0%
Klebsiella	0%
Unknown microorganism	0%
Methylobacterium	0%

Novosphingobium	0%
Unknown Cardiobacteriales	0%
Unknown Flavobacteriaceae	0%
Lawsonella	0%
Dysgonomonas	0%
Unknown Leptospirae	0%
Unknown Beijerinckiaceae	0%
Moraxella	0%
Cardiobacterium	0%
Unknown Xanthobacteraceae	0%
Unknown Listeriaceae	0%
Unknown Actinomycetales	0%
Arthrobacter	0%
Corynebacterium group 1	0%
Unknown Solimonadaceae	0%
Crenotalea	0%
Plesiomonas	0%
Unknown Pasteurellaceae	0%
Candidatus Azobacteroides	0%
Unknown Weeksellaceae	0%
Catenisphaera	0%
Unknown Actinobacteria (phylum)	0%
Izhakiella	0%
Prevotella group 2	0%
Marvinbryantia	0%
Dermabacter	0%
Unknown Fusobacteriales	0%
Undibacterium	0%
Lactococcus	0%

Unknown Sphingomonadaceae	0%
Methanobacterium	0%
Unknown Micrococcales Incertae Sedis	0%
Unknown Halobacteriales	0%
Psychrobacter	0%
Unknown Desulfovibrionaceae	0%
Unknown Crenarchaeota	0%
Kosakonia	0%
Exiguobacterium	0%
Domibacillus	0%
Unknown Sphingobacteriaceae	0%
Unknown Pseudomonadales	0%
Unknown Gammaproteobacteria	0%
Eubacterium fissicatena group	0%
Unknown Rhizobiales	0%
Weissella	0%
Lachnospiraceae UCG-001	0%
Unknown Dysgonomonadaceae	0%
Unknown Rhodobacteraceae	0%
Nevskia	0%
Unknown Intraspangiaceae	0%
Anaerovirgula	0%
Unknown Methanomassiliicoccales	0%
Unknown Rhizobiaceae	0%
Edwardsiella	0%
Unknown Tannerellaceae	0%
Neisseria	0%
Unknown Clostridiales Family XIII	0%
Oceanobacillus	0%

Brachymonas	0%
Rhodopseudomonas	0%
Algoriella	0%
Clostridium sensu stricto 13	0%
Hungatella	0%
Anaerobiospirillum	0%
Luteimonas	0%
Unknown Spirochaetaceae	0%
Chania	0%
Burkholderia-Caballeronia-Paraburkholderia	0%
Ezakiella	0%
Leptonema	0%
Unknown Clostridiaceae group 2	0%
Chloroplast group 1	0%
Unknown Bifidobacteriaceae	0%
Unknown Bacteroidia	0%
Cloacibacterium	0%
Unknown Peptococcaceae	0%
Butyrivibrio group 2	0%
Unknown Sanguibacteraceae	0%
Mobiluncus	0%
Rahnella	0%
Silanimonas	0%
Unknown Microbacteriaceae	0%
Methyloversatilis	0%
Capnocytophaga	0%
Paracoccus	0%
Unknown Vibrionales	0%
Sanguibacter	0%



Unknown Eubacteriaceae	0%
Prevotellaceae NK3B31 group	0%
Caulobacter	0%
Aeribacillus	0%
Eubacterium brachy group	0%
Unknown Streptomyetales	0%
Unknown Geodermatophilaceae	0%
Ancylobacter	0%
Unknown Campylobacterales	0%
Anoxynatronum	0%
Anaerococcus	0%
Trabulsiella	0%
Unknown Thermoplasmata	0%
Unknown Micrococcales	0%
Unknown Spirochaetales	0%
Acinetobacter	0%
Pediococcus	0%
Unknown Actinobacteria (class)	0%
Corynebacterium	0%
Vibrio	0%
Megasphaera	0%
Enorma	0%
Dermacoccus	0%
Halorubrum	0%
Unknown Verrucomicrobia	0%
Brevibacterium	0%
Unknown Verrucomicrobiae	0%
Selenomonas group 1	0%
Citrobacter	0%

Parvimonas	0%
Unknown Aeromonadales	0%
Unknown Erysipelotrichia	0%
Variovorax	0%
Mesorhizobium	0%
Sphingobacterium	0%
Robinsoniella	0%
Hespellia	0%
Bulleidia	0%
Unknown Dermabacteraceae	0%
Raoultella	0%
Phenylobacterium	0%
Aneurinibacillus	0%
Curvibacter	0%
Unknown Vibrionaceae	0%
Proteus	0%
Unknown Streptomycetaceae	0%
Halomonas	0%
Unknown Verrucomicrobiales	0%
Prevotella group 6	0%
Unknown Flavobacteriales	0%
Unknown Synergistetes	0%
Kluyvera	0%
Clostridium sensu stricto 5	0%
Unknown Acetobacterales	0%
Scardovia	0%
Unknown Sphingobacteriales	0%
Enterobacter	0%
Unknown Betaproteobacteriales	0%

Unknown Sphingomonadales	0%
Unknown Micromonosporaceae	0%
Pedobacter	0%
Aggregatibacter	0%
Moellerella	0%
Cronobacter	0%
Chryseobacterium	0%
Fusobacterium	0%
Libanicoccus	0%
Unknown Barnesiellaceae	0%
Cellulosimicrobium	0%
Unknown Deinococcaceae	0%
Eubacterium saphenum group	0%
Unknown Propionibacteriales	0%
Pelomonas	0%
Unknown Chloroplast	0%
Anaerofustis	0%
Unknown Fusobacteriaceae	0%
Unknown Oxyphotobacteria	0%
Clostridium sensu stricto 12	0%
Unknown Bacillales Family XI	0%
Unknown Halomicrobiaceae	0%
Streptomyces	0%
Unknown Pseudomonadaceae	0%
Unknown Bacillales Family XII	0%
Negativicoccus	0%
Cryptobacterium	0%
Aureimonas	0%
Cetobacterium	0%

Arcobacter	0%
Halobacterium	0%
Kandleria	0%
Unknown Planctomycetacia	0%
Unknown Lentisphaeria	0%
Unknown Propionibacteriaceae	0%
Lachnoanaerobaculum	0%
Allorhizobium-Neorhizobium-Pararhizobium-Rhizobium	0%
Aquabacterium	0%
Unknown Schlesneriaceae	0%
Sediminibacterium	0%
Unknown Clostridia	0%
Unknown Halomonadaceae	0%
Peptoniphilus	0%
Microvirga	0%
Lysinibacillus	0%
Brevundimonas	0%
Unknown Akkermansiaceae	0%
Unknown Desulfovibrionales	0%
Pseudobutyrvibrio	0%
Leucobacter	0%
Timonella	0%
Unknown Erysipelotrichales	0%
Bacillus	0%
Hydrogenoanaerobacterium	0%
Unknown Salinisphaerales	0%
Unknown Methanosaetaceae	0%
Unknown Leptospiraceae	0%
Unknown Synergistaceae	0%

Kytococcus	0%
Anaerotruncus	0%
Blastococcus	0%
Pantoea	0%
Phyllobacterium	0%
Diaphorobacter	0%
uncultured	0%
Comamonas	0%
UBA1819	0%
Unknown Bacteroidetes	0%
Alcaligenes	0%
Agrococcus	0%
Nocardioides	0%
Blastomonas	0%
Actinomyces	0%
Unknown Actinomycetaceae	0%
Schlesneria	0%
Unknown Bacteroidaceae	0%
Solobacterium	0%
Desulfovibrio	0%
Chloroplast group 2	0%
Unknown Sulfolobaceae	0%
Unknown Spirochaetes	0%
Clostridium sensu stricto 15	0%
Unknown Carnobacteriaceae	0%
Sneathia	0%
Oribacterium	0%
Mangrovibacter	0%
Listeria	0%

Unknown Coriobacteriia	0%
Unknown Marinifilaceae	0%
Unknown Atopobiaceae	0%
Unknown Alphaproteobacteria	0%
Holdemania	0%
Unknown Moraxellaceae	0%
Unknown Deinococcus-Thermus	0%
Unknown Enterobacteriales	0%
Shimwellia	0%
Unknown Aeromonadaceae	0%
Unknown Fusobacteriia	0%
Rhodobacter	0%
Unknown Frankiales	0%
Unknown Chitinophagales	0%
Planococcus	0%
Porphyromonas	0%
Unknown Bacillales	0%
Salmonella	0%
Lachnoclostridium 5	0%
Unknown Halobacteria	0%
Gordonia	0%
Unknown Rhodobacterales	0%
Hymenobacter	0%
Adlercreutzia	0%
Unknown Coriobacteriaceae	0%
Brochothrix	0%
Achromobacter	0%
Succinivibrio	0%
Tatumella	0%

Spirosoma	0%
Unknown Leptospirales	0%
Slackia	0%
Sphingomonas	0%
Prevotella group 1	0%
Gordonibacter	0%
Unknown Methanosarcinales	0%
Micromonospora	0%
Flavobacterium	0%
Candidatus Stoquefichus	0%
Unknown Clostridiales Family XI	0%
Unknown Burkholderiaceae	0%

# Научная литература

Gregory JC et al, (2015)

Transmission of atherosclerosis susceptibility with gut microbial transplantation J Biol Chem 2015; 290(9); 5647-60

Li J et al, (2016)

Akkermansia Muciniphila Protects Against Atherosclerosis by Preventing Metabolic Endotoxemia-Induced Inflammation in Apoe-/- Mice Circulation 2016; 133(24); 2434-46

Suzuki T et al, (2016)

Trimethylamine N-oxide and prognosis in acute heart failure Heart 2016; 102(11); 841-8

Yoshida N et al, (2018)

Gut Microbiome and Cardiovascular Diseases Diseases 2018; 6(3); 56

Liu H et al, (2019)

Alterations in the gut microbiome and metabolism with coronary artery disease severity Microbiome 2019; 7(1); 68

Qin J et al, (2012)

A metagenome-wide association study of gut microbiota in type 2 diabetes Nature 2012; 490(7418); 55-60

Forslund K et al, (2015)

Disentangling type 2 diabetes and metformin treatment signatures in the human gut microbiota Nature 2015; 528(7581); 262-266

Sanna S et al, (2019)

Causal relationships among the gut microbiome, short-chain fatty acids and metabolic diseases Nat Genet 2019; 51(4); 600-605

Egshatyan L et al, (2016)

Gut microbiota and diet in patients with different glucose tolerance Endocr Connect 2016; 5(1); 1-9

Karlsson FH et al, (2012)

Symptomatic atherosclerosis is associated with an altered gut metagenome Nat Commun 2012; 3; 1245

Romano KA et al, (2015)

Intestinal microbiota composition modulates choline bioavailability from diet and accumulation of the proatherogenic metabolite trimethylamine-N-oxide mBio 2015; 6(2); e02481

Jie Z et al, (2017)

The gut microbiome in atherosclerotic cardiovascular disease Nat Commun 2017; 8(1); 845

van den Munckhof ICL et al, (2018)

Role of gut microbiota in chronic low-grade inflammation as potential driver for atherosclerotic cardiovascular disease: a systematic review of human studies Obes Rev 2018; 19(12); 1719-1734

Yin J et al, (2015)

Dysbiosis of Gut Microbiota With Reduced Trimethylamine-N-Oxide Level in Patients With Large-Artery Atherosclerotic Stroke or Transient Ischemic Attack J Am Heart Assoc 2015; 4(11); e002699

Karlsson FH et al, (2013)

Gut metagenome in European women with normal, impaired and diabetic glucose control Nature 2013; 498(7452); 99-103

Canfora EE et al, (2019)

Gut microbial metabolites in obesity, NAFLD and T2DM Nat Rev Endocrinol 2019; 15(5); 261-273

Lau WL et al, (2019)

Gut microbial short-chain fatty acids and the risk of diabetes Nat Rev Nephrol 2019; 15(7); 389-390

Everard A et al, (2013)

Cross-talk between Akkermansia muciniphila and intestinal epithelium controls diet-induced obesity Proc Natl Acad Sci U S A 2013; 110(22); 9066-71



Goodrich JK et al, (2014)

Human genetics shape the gut microbiome *Cell* 2014; 159(4); 789-99

Xiao S et al, (2014)

A gut microbiota-targeted dietary intervention for amelioration of chronic inflammation underlying metabolic syndrome *FEMS Microbiol Ecol* 2014; 87(2); 357-67

Vallianou N et al, (2019)

Understanding the Role of the Gut Microbiome and Microbial Metabolites in Obesity and Obesity-Associated Metabolic Disorders: Current Evidence and Perspectives *Curr Obes Rep* 2019; 8(3); 317-332

Imhann F et al, (2018)

Interplay of host genetics and gut microbiota underlying the onset and clinical presentation of inflammatory bowel disease *Gut* 2018; 67(1); 108-119

Gevers D et al, (2014)

The treatment-naive microbiome in new-onset Crohn's disease *Cell Host Microbe* 2014; 15(3); 382-392

Kostic AD et al, (2014)

The microbiome in inflammatory bowel disease: current status and the future ahead *Gastroenterology* 2014; 146(6); 1489-99

Schirmer M et al, (2019)

Microbial genes and pathways in inflammatory bowel disease *Nat Rev Microbiol* 2019; 17(8); 497-511

Halfvarson J et al, (2017)

Dynamics of the human gut microbiome in inflammatory bowel disease *Nat Microbiol* 2017; 2; 17004

Sokol H et al, (2008)

Faecalibacterium prausnitzii is an anti-inflammatory commensal bacterium identified by gut microbiota analysis of Crohn disease patients *Proc Natl Acad Sci U S A* 2008; 105(43); 16731-6

Le Chatelier E et al, (2013)

Richness of human gut microbiome correlates with metabolic markers *Nature* 2013; 500(7464); 541-6

Sun L et al, (2018)

Insights into the role of gut microbiota in obesity: pathogenesis, mechanisms, and therapeutic perspectives *Protein Cell* 2018; 9(5); 397-403

McDonald D et al, (2018)

American Gut: an Open Platform for Citizen Science *Microbiome Research mSystems* 2018; 3(3); e00031-18

Rajilić-Stojanović M et al, (2013)

Phylogenetic analysis of dysbiosis in ulcerative colitis during remission *Inflamm Bowel Dis* 2013; 19(3); 481-8

Morgan XC et al, (2012)

Dysfunction of the intestinal microbiome in inflammatory bowel disease and treatment *Genome Biol* 2012; 13(9); R79

Franzosa EA et al, (2019)

Gut microbiome structure and metabolic activity in inflammatory bowel disease *Nat Microbiol* 2019; 4(2); 293-305

Pascal V et al, (2017)

A microbial signature for Crohn's disease *Gut* 2017; 66(5); 813-822

Zhou Y et al, (2018)

Gut Microbiota Offers Universal Biomarkers across Ethnicity in Inflammatory Bowel Disease Diagnosis and Infliximab Response Prediction *mSystems* 2018; 3(1); e00188-17

Darfeuille-Michaud A et al, (2004)

High prevalence of adherent-invasive Escherichia coli associated with ileal mucosa in Crohn's disease *Gastroenterology* 2004; 127(2); 412-21

Geirnaert A et al, (2017)

Butyrate-producing bacteria supplemented in vitro to Crohn's disease patient microbiota increased butyrate production and enhanced intestinal epithelial barrier integrity *Sci Rep* 2017; 7(1); 11450

Modi SR et al, (2014)

Antibiotics and the gut microbiota *J Clin Invest* 2014; 124(10); 4212-8

Mosca A et al, (2016)

Gut Microbiota Diversity and Human Diseases: Should We Reintroduce Key Predators in Our Ecosystem? *Front Microbiol* 2016; 7; 455

Smith RP et al, (2019)

Gut microbiome diversity is associated with sleep physiology in humans *PLoS One* 2019; 14(10); e0222394

Thomas LV et al, (2014)

Exploring the influence of the gut microbiota and probiotics on health: a symposium report *Br J Nutr* 2014; 112 Suppl 1(Suppl 1); S1-18

Miquel S et al, (2013)

Faecalibacterium prausnitzii and human intestinal health *Curr Opin Microbiol* 2013; 16(3); 255-61

O'Callaghan A et al, (2016)

Bifidobacteria and Their Role as Members of the Human Gut Microbiota *Front Microbiol* 2016; 7; 925

Mu Q et al, (2018)

Role of *Lactobacillus reuteri* in Human Health and Diseases *Front Microbiol* 2018; 9; 757

Louis P et al, (2014)

The gut microbiota, bacterial metabolites and colorectal cancer *Nat Rev Microbiol* 2014; 12(10); 661-72

Matsuoka K et al, (2015)

The gut microbiota and inflammatory bowel disease *Semin Immunopathol* 2015; 37(1); 47-55

Claesson MJ et al, (2012)

Gut microbiota composition correlates with diet and health in the elderly *Nature* 2012; 488(7410); 178-84

Scepanovic P et al, (2019)

A comprehensive assessment of demographic, environmental, and host genetic associations with gut microbiome diversity in healthy individuals *Microbiome* 2019; 7(1); 130

Wilmanski T et al, (2019)

Blood metabolome predicts gut microbiome  $\alpha$ -diversity in humans *Nat Biotechnol* 2019; 37(10); 1217-1228

Kaufman DW et al, (2008)

*Oxalobacter formigenes* may reduce the risk of calcium oxalate kidney stones *J Am Soc Nephrol* 2008; 19(6); 1197-203

Maruo T et al, (2008)

*Adlercreutzia equolifaciens* gen. nov., sp. nov., an equol-producing bacterium isolated from human faeces, and emended description of the genus *Eggerthella* *Int J Syst Evol Microbiol* 2008; 58(Pt 5); 1221-7

Heeney DD et al, (2018)

Intestinal *Lactobacillus* in health and disease, a driver or just along for the ride? *Curr Opin Biotechnol* 2018; 49; 140-147

Ubeda C et al, (2013)

Intestinal microbiota containing *Barnesiella* species cures vancomycin-resistant *Enterococcus faecium* colonization *Infect Immun* 2013; 81(3); 965-73

Tamanai-Shacoori Z et al, (2017)

*Roseburia* spp.: a marker of health? *Future Microbiol* 2017; 12; 157-170

Dao MC et al, (2016)

Akkermansia muciniphila and improved metabolic health during a dietary intervention in obesity: relationship with gut microbiome richness and ecology Gut 2016; 65(3); 426-36

de Souza BMS et al, (2019)

Lactobacillus casei and Lactobacillus fermentum Strains Isolated from Mozzarella Cheese: Probiotic Potential, Safety, Acidifying Kinetic Parameters and Viability under Gastrointestinal Tract Conditions Probiotics Antimicrob Proteins 2019; 11(2); 382-396

Erkus O et al, (2013)

Multifactorial diversity sustains microbial community stability ISME J 2013; 7(11); 2126-36

Plengvidhya V et al, (2007)

DNA fingerprinting of lactic acid bacteria in sauerkraut fermentations Appl Environ Microbiol 2007; 73(23); 7697-702

Watanabe K et al, (2009)

Bifidobacterium mongoliense sp. nov., from airag, a traditional fermented mare's milk product from Mongolia Int J Syst Evol Microbiol 2009; 59(Pt 6); 1535-40

Hurtado A et al, (2012)

Lactic acid bacteria from fermented table olives Food Microbiol 2012; 31(1); 1-8

Kok CR et al, (2018)

Yogurt and other fermented foods as sources of health-promoting bacteria Nutr Rev 2018; 76(Suppl 1); 4-15

Marco ML et al, (2017)

Health benefits of fermented foods: microbiota and beyond Curr Opin Biotechnol 2017; 44; 94-102

Mach N et al, (2017)

Endurance exercise and gut microbiota: A review J Sport Health Sci 2017; 6(2); 179-197

Milani C et al, (2019)

Colonization of the human gut by bovine bacteria present in Parmesan cheese Nat Commun 2019; 10(1); 1286

Rezac S et al, (2018)

Fermented Foods as a Dietary Source of Live Organisms Front Microbiol 2018; 9; 1785

González CP., (1990)

[Oral health and the paradoxes of dental practice] Acta Odontol Venez 1990; 28(2-3); 15-23

Delcenserie V et al, (2013)

Detection and characterization of Bifidobacterium crudilactis and B. mongoliense able to grow during the manufacturing process of French raw milk cheeses BMC Microbiol 2013; 13; 239

Shukla R et al, (2014)

Probiotic Potential of Pediococcus pentosaceus CRAG3: A New Isolate from Fermented Cucumber Probiotics Antimicrob Proteins 2014; 6(1); 11-21

Sheikhi A et al, (2016)

Probiotic Yogurt Culture Bifidobacterium Animalis Subsp. Lactis BB-12 and Lactobacillus Acidophilus LA-5 Modulate the Cytokine Secretion by Peripheral Blood Mononuclear Cells from Patients with Ulcerative Colitis Drug Res (Stuttg) 2016; 66(6); 300-5

Ashraf R et al, (2011)

Selective and differential enumerations of Lactobacillus delbrueckii subsp. bulgaricus, Streptococcus thermophilus, Lactobacillus acidophilus, Lactobacillus casei and Bifidobacterium spp. in yoghurt--a review Int J Food Microbiol 2011; 149(3); 194-208

Behera SS et al, (2018)

Lactobacillus plantarum with Functional Properties: An Approach to Increase Safety and Shelf-Life of Fermented Foods Biomed Res Int 2018; 2018; 9361614

Zabat MA et al, (2018)

Microbial Community Analysis of Sauerkraut Fermentation Reveals a Stable and Rapidly Established Community Foods 2018; 7(5); 77

de Moraes GMD et al, (2017)

Functional Properties of Lactobacillus mucosae Strains Isolated from Brazilian Goat Milk Probiotics Antimicrob Proteins 2017; 9(3); 235-245

Mikelsaar M et al, (2009)

Lactobacillus fermentum ME-3 - an antimicrobial and antioxidative probiotic Microb Ecol Health Dis 2009; 21(1); 1-27

Haghshenas B et al, (2017)

Isolation and characterization of probiotics from dairies Iran J Microbiol 2017; 9(4); 234-243

Souza TC et al, (2013)

In vitro evaluation of Bifidobacterium strains of human origin for potential use in probiotic functional foods Benef Microbes 2013; 4(2); 179-86

Chmielewska A et al, (2010)

Systematic review of randomised controlled trials: probiotics for functional constipation World J Gastroenterol 2010; 16(1); 69-75

Hsieh PS et al, (2012)

Eradication of Helicobacter pylori infection by the probiotic strains Lactobacillus johnsonii MH-68 and L. salivarius ssp. salicinius AP-32 Helicobacter 2012; 17(6); 466-77

Marteau PR et al, (2001)

Protection from gastrointestinal diseases with the use of probiotics Am J Clin Nutr 2001; 73(2 Suppl); 430S-436S

Park KY et al, (2014)

Health benefits of kimchi (Korean fermented vegetables) as a probiotic food J Med Food 2014; 17(1); 6-20

Song AA et al, (2017)

A review on Lactococcus lactis: from food to factory Microb Cell Fact 2017; 16(1); 55

Neville BA et al, (2010)

Probiotic properties of Lactobacillus salivarius and closely related Lactobacillus species Future Microbiol 2010; 5(5); 759-74

Evans M et al, (2016)

Effectiveness of Lactobacillus helveticus and Lactobacillus rhamnosus for the management of antibiotic-associated diarrhoea in healthy adults: a randomised, double-blind, placebo-controlled trial Br J Nutr 2016; 116(1); 94-103

Kotzampassi K et al, (2006)

Benefits of a synbiotic formula (Synbiotic 2000Forte) in critically ill trauma patients: early results of a randomized controlled trial World J Surg 2006; 30(10); 1848-55

Higashikawa F et al, (2016)

Antiobesity effect of Pediococcus pentosaceus LP28 on overweight subjects: a randomized, double-blind, placebo-controlled clinical trial Eur J Clin Nutr 2016; 70(5); 582-7

Li D et al, (2013)

Probiotics for the prevention of necrotizing enterocolitis in neonates: an 8-year retrospective cohort study J Clin Pharm Ther 2013; 38(6); 445-9

Fujimura KE et al, (2014)

House dust exposure mediates gut microbiome Lactobacillus enrichment and airway immune defense against allergens and virus infection Proc Natl Acad Sci U S A 2014; 111(2); 805-10

Fonkalsrud EW et al, (1979)

Surgical management of Crohn's disease in children Am J Surg 1979; 138(1); 15-21

Liu YW et al, (2018)

New perspectives of *Lactobacillus plantarum* as a probiotic: The gut-heart-brain axis *J Microbiol* 2018; 56(9); 601-613

Levit R et al, (2017)

Evaluation of the effect of soymilk fermented by a riboflavin-producing *Lactobacillus plantarum* strain in a murine model of colitis *Benef Microbes* 2017; 8(1); 65-72

Zelaya H et al, (2014)

Immunobiotic lactobacilli reduce viral-associated pulmonary damage through the modulation of inflammation-coagulation interactions *Int Immunopharmacol* 2014; 19(1); 161-73

Ammoscato F et al, (2013)

*Lactobacillus rhamnosus* protects human colonic muscle from pathogen lipopolysaccharide-induced damage *Neurogastroenterol Motil* 2013; 25(12); 984-e777

Archer AC et al, (2015)

Probiotic attributes of *Lactobacillus fermentum* isolated from human feces and dairy products *Appl Microbiol Biotechnol* 2015; 99(19); 8113-23

Moon JS et al, (2015)

Genome sequence analysis of potential probiotic strain *Leuconostoc lactis* EFEL005 isolated from kimchi *J Microbiol* 2015; 53(5); 337-42

Bae JY et al, (2018)

Effects of *Lactobacillus plantarum* and *Leuconostoc mesenteroides* Probiotics on Human Seasonal and Avian Influenza Viruses *J Microbiol Biotechnol* 2018; 28(6); 893-901

Tillisch K et al, (2013)

Consumption of fermented milk product with probiotic modulates brain activity *Gastroenterology* 2013; 144(7); 1394-401, 1401

Bordoni A et al, (2013)

Cholesterol-lowering probiotics: in vitro selection and in vivo testing of bifidobacteria *Appl Microbiol Biotechnol* 2013; 97(18); 8273-81

Seddik HA et al, (2017)

*Lactobacillus plantarum* and Its Probiotic and Food Potentialities *Probiotics Antimicrob Proteins* 2017; 9(2); 111-122

Arqués JL et al, (2015)

Antimicrobial activity of lactic acid bacteria in dairy products and gut: effect on pathogens *Biomed Res Int* 2015; 2015; 584183

Licciardi PV et al, (2013)

Maternal Supplementation with LGG Reduces Vaccine-Specific Immune Responses in Infants at High-Risk of Developing Allergic Disease *Front Immunol* 2013; 4; 381

Fijan S., (2014)

Microorganisms with claimed probiotic properties: an overview of recent literature *Int J Environ Res Public Health* 2014; 11(5); 4745-67

Asan-Ozusaglam M et al, (2018)

*Lactobacillus fermentum* strains from human breast milk with probiotic properties and cholesterol-lowering effects *Food Sci Biotechnol* 2018; 28(2); 501-509

Benmechernene Z et al, (2013)

Technological aptitude and applications of *Leuconostoc mesenteroides* bioactive strains isolated from Algerian raw camel milk *Biomed Res Int* 2013; 2013; 418132

Campus G et al, (2014)

Effect of a daily dose of *Lactobacillus brevis* CD2 lozenges in high caries risk schoolchildren *Clin Oral Investig* 2014; 18(2); 555-61

Jacobs SE et al, (2013)

Probiotic effects on late-onset sepsis in very preterm infants: a randomized controlled trial *Pediatrics* 2013; 132(6); 1055-62

West NP et al, (2014)

Probiotic supplementation for respiratory and gastrointestinal illness symptoms in healthy physically active individuals *Clin Nutr* 2014; 33(4); 581-7

Janvier A et al, (2014)

Cohort study of probiotics in a North American neonatal intensive care unit *J Pediatr* 2014; 164(5); 980-5

Machiels K et al, (2014)

A decrease of the butyrate-producing species *Roseburia hominis* and *Faecalibacterium prausnitzii* defines dysbiosis in patients with ulcerative colitis *Gut* 2014; 63(8); 1275-83

Koh A et al, (2016)

From Dietary Fiber to Host Physiology: Short-Chain Fatty Acids as Key Bacterial Metabolites *Cell* 2016; 165(6); 1332-1345

Topping DL et al, (2001)

Short-chain fatty acids and human colonic function: roles of resistant starch and nonstarch polysaccharides *Physiol Rev* 2001; 81(3); 1031-64

Louis P et al, (2017)

Formation of propionate and butyrate by the human colonic microbiota *Environ Microbiol* 2017; 19(1); 29-41

Louis P et al, (2010)

Diversity of human colonic butyrate-producing bacteria revealed by analysis of the butyryl-CoA:acetate CoA-transferase gene *Environ Microbiol* 2010; 12(2); 304-14

Rivière A et al, (2016)

Bifidobacteria and Butyrate-Producing Colon Bacteria: Importance and Strategies for Their Stimulation in the Human Gut *Front Microbiol* 2016; 7; 979

Kieler IN et al, (2019)

Diabetic cats have decreased gut microbial diversity and a lack of butyrate producing bacteria *Sci Rep* 2019; 9(1); 4822

Baxter NT et al, (2019)

Dynamics of Human Gut Microbiota and Short-Chain Fatty Acids in Response to Dietary Interventions with Three Fermentable Fibers *mBio* 2019; 10(1); e02566-18

Wang K et al, (2019)

*Bifidobacterium bifidum* TMC3115 Can Characteristically Influence Glucose and Lipid Profile and Intestinal Microbiota in the Middle-Aged and Elderly Probiotics Antimicrob Proteins 2019; 11(4); 1182-1194

Flint HJ et al, (2012)

Microbial degradation of complex carbohydrates in the gut *Gut Microbes* 2012; 3(4); 289-306

Lupton JR., (2004)

Microbial degradation products influence colon cancer risk: the butyrate controversy *J Nutr* 2004; 134(2); 479-82

B.C. Tunland et al, (2002)

Nondigestible Oligo- and Polysaccharides (Dietary Fiber): Their Physiology and Role in Human Health and Food Comprehensive Reviews in Food Science and Food Safety 2002; 3; 90-109

Takaishi H et al, (2008)

Imbalance in intestinal microflora constitution could be involved in the pathogenesis of inflammatory bowel disease *Int J Med Microbiol* 2008; 298(5-6); 463-72

Takahashi K et al, (2016)

Reduced Abundance of Butyrate-Producing Bacteria Species in the Fecal Microbial Community in Crohn's Disease *Digestion* 2016; 93(1); 59-65

Sun M et al, (2017)

Microbiota metabolite short chain fatty acids, GPCR, and inflammatory bowel diseases *J Gastroenterol* 2017; 52(1); 1-8

Chen L et al, (2019)

Microbiota Metabolite Butyrate Differentially Regulates Th1 and Th17 Cells' Differentiation and Function in Induction of Colitis *Inflamm Bowel Dis* 2019; 25(9); 1450-1461

LeBlanc JG et al, (2013)

Bacteria as vitamin suppliers to their host: a gut microbiota perspective *Curr Opin Biotechnol* 2013; 24(2); 160-8

Said HM., (2011)

Intestinal absorption of water-soluble vitamins in health and disease *Biochem J* 2011; 437(3); 357-72

Rodionov DA et al, (2019)

Micronutrient Requirements and Sharing Capabilities of the Human Gut Microbiome *Front Microbiol* 2019; 10; 1316

Subramanian VS et al, (2011)

Differential expression of human riboflavin transporters -1, -2, and -3 in polarized epithelia: a key role for hRFT-2 in intestinal riboflavin uptake *Biochim Biophys Acta* 2011; 1808(12); 3016-21

Das P et al, (2019)

Metagenomic analysis of microbe-mediated vitamin metabolism in the human gut microbiome *BMC Genomics* 2019; 20(1); 208

Uebanso T et al, (2020)

Functional Roles of B-Vitamins in the Gut and Gut Microbiome *Mol Nutr Food Res* 2020; 64(18); e2000426

Said HM et al, (1998)

Biotin uptake by human colonic epithelial NCM460 cells: a carrier-mediated process shared with pantothenic acid *Am J Physiol* 1998; 275(5); C1365-71

Dudeja PK et al, (2001)

Mechanism of folate transport across the human colonic basolateral membrane *Am J Physiol Gastrointest Liver Physiol* 2001; 281(1); G54-60

Nabokina SM et al, (2011)

Association of PDZ-containing protein PDZD11 with the human sodium-dependent multivitamin transporter *Am J Physiol Gastrointest Liver Physiol* 2011; 300(4); G561-7

Nabokina SM et al, (2012)

A high-affinity and specific carrier-mediated mechanism for uptake of thiamine pyrophosphate by human colonic epithelial cells *Am J Physiol Gastrointest Liver Physiol* 2012; 303(3); G389-95

Magnúsdóttir S et al, (2015)

Systematic genome assessment of B-vitamin biosynthesis suggests co-operation among gut microbes *Front Genet* 2015; 6; 148

Sharma V et al, (2019)

B-Vitamin Sharing Promotes Stability of Gut Microbial Communities *Front Microbiol* 2019; 10; 1485

Yonezawa A et al, (2008)

Identification and functional characterization of a novel human and rat riboflavin transporter, RFT1 *Am J Physiol Cell Physiol* 2008; 295(3); C632-41

Visconti A et al, (2019)

Interplay between the human gut microbiome and host metabolism *Nat Commun* 2019; 10(1); 4505

Prasad PD et al, (1999)

Molecular and functional characterization of the intestinal Na<sup>+</sup>-dependent multivitamin transporter *Arch Biochem Biophys* 1999; 366(1); 95-106

Kumar JS et al, (2013)

Mammalian colonocytes possess a carrier-mediated mechanism for uptake of vitamin B3 (niacin): studies utilizing human and mouse colonic preparations *Am J Physiol Gastrointest Liver Physiol* 2013; 305(3); G207-13

Zhao R et al, (2009)

Membrane transporters and folate homeostasis: intestinal absorption and transport into systemic compartments and tissues *Expert Rev Mol Med* 2009; 11; e4

Snell EE., (1989)

Nutrition research with lactic acid bacteria: a retrospective view *Annu Rev Nutr* 1989; 9; 1-19

Ramakrishna BS., (2013)

Role of the gut microbiota in human nutrition and metabolism *J Gastroenterol Hepatol* 2013; 28 Suppl 4; 9-17

Karl JP et al, (2015)

Fecal menaquinone profiles of overweight adults are associated with gut microbiota composition during a gut microbiota-targeted dietary intervention *Am J Clin Nutr* 2015; 102(1); 84-93

Beulens JW et al, (2013)

The role of menaquinones (vitamin K<sub>2</sub>) in human health *Br J Nutr* 2013; 110(8); 1357-68

Shea MK et al, (2009)

Vitamin K supplementation and progression of coronary artery calcium in older men and women *Am J Clin Nutr* 2009; 89(6); 1799-807

Geleijnse JM et al, (2004)

Dietary intake of menaquinone is associated with a reduced risk of coronary heart disease: the Rotterdam Study *J Nutr* 2004; 134(11); 3100-5

Booth SL et al, (1998)

Dietary intake and adequacy of vitamin K *J Nutr* 1998; 128(5); 785-8

Tuohy KM et al, (2012)

Up-regulating the human intestinal microbiome using whole plant foods, polyphenols, and/or fiber *J Agric Food Chem* 2012; 60(36); 8776-82

Zhang N et al, (2018)

Time for food: The impact of diet on gut microbiota and human health *Nutrition* 2018; 51-52; 80-85

Martens EC., (2016)

Microbiome: Fibre for the future *Nature* 2016; 529(7585); 158-9

Yan R et al, (2020)

Does Fibre-fix provided to people with irritable bowel syndrome who are consuming a low FODMAP diet improve their gut health, gut microbiome, sleep and mental health? A double-blinded, randomised controlled trial *BMJ Open Gastroenterol* 2020; 7(1); e000448

Hollander D et al, (1977)

Vitamin K<sub>2</sub> colonic and ileal in vivo absorption: bile, fatty acids, and pH effects on transport *Am J Physiol* 1977; 233(2); E124-9

Gast GC et al, (2009)

A high menaquinone intake reduces the incidence of coronary heart disease *Nutr Metab Cardiovasc Dis* 2009; 19(7); 504-10

Knapen MH et al, (2015)

Menaquinone-7 supplementation improves arterial stiffness in healthy postmenopausal women. A double-blind randomised clinical trial *Thromb Haemost* 2015; 113(5); 1135-44

Frick PG et al, (1967)

Dose response and minimal daily requirement for vitamin K in man *J Appl Physiol* 1967; 23(3); 387-9

McCann A et al, (2019)

Exploratory analysis of covariation of microbiota-derived vitamin K and cognition in older adults *Am J Clin Nutr* 2019; 110(6); 1404-1415

Anderson JW et al, (2009)

Health benefits of dietary fiber *Nutr Rev* 2009; 67(4); 188-205

Makki K et al, (2018)

The Impact of Dietary Fiber on Gut Microbiota in Host Health and Disease *Cell Host Microbe* 2018; 23(6); 705-715

Lin D et al, (2018)

Association of dietary fibre intake and gut microbiota in adults *Br J Nutr* 2018; 120(9); 1014-1022

Santacruz A et al, (2010)

Gut microbiota composition is associated with body weight, weight gain and biochemical parameters in pregnant women *Br J Nutr* 2010; 104(1); 83-92



- Magnúsdóttir S et al, (2017)  
 Generation of genome-scale metabolic reconstructions for 773 members of the human gut microbiota *Nat Biotechnol* 2017; 35(1); 81-89
- Cox LM et al, (2013)  
 The nonfermentable dietary fiber hydroxypropyl methylcellulose modulates intestinal microbiota *FASEB J* 2013; 27(2); 692-702
- Ramezani A et al, (2014)  
 The gut microbiome, kidney disease, and targeted interventions *J Am Soc Nephrol* 2014; 25(4); 657-70
- Festi D et al, (2014)  
 Gut microbiota and metabolic syndrome *World J Gastroenterol* 2014; 20(43); 16079-94
- Claassen E., (2014)  
 Cost-benefit relation of diet and probiotics in iatrogenic bowel irregularity (IBI) *Front Pharmacol* 2014; 5; 14
- Kato T et al, (2014)  
 Multiple omics uncovers host-gut microbial mutualism during prebiotic fructooligosaccharide supplementation *DNA Res* 2014; 21(5); 469-80
- Finelli C et al, (2014)  
 Non-alcoholic fatty liver disease, diet and gut microbiota *EXCLI J* 2014; 13; 461-90
- Yang J et al, (2015)  
 Xylooligosaccharide supplementation alters gut bacteria in both healthy and prediabetic adults: a pilot study *Front Physiol* 2015; 6; 216
- Fernández M et al, (2015)  
 Impact on human health of microorganisms present in fermented dairy products: an overview *Biomed Res Int* 2015; 2015; 412714
- Belzer C et al, (2012)  
 Microbes inside--from diversity to function: the case of *Akkermansia* *ISME J* 2012; 6(8); 1449-58
- Kotzampassi K et al, (2014)  
 Obesity as a consequence of gut bacteria and diet interactions *ISRN Obes* 2014; 2014; 651895
- Looft T et al, (2014)  
 Carbadox has both temporary and lasting effects on the swine gut microbiota *Front Microbiol* 2014; 5; 276
- Hobden MR et al, (2013)  
 In vitro fermentation of NUTRIOSE(®) FB06, a wheat dextrin soluble fibre, in a continuous culture human colonic model system *PLoS One* 2013; 8(10); e77128
- Nakamura S et al, (2014)  
 Daily Feeding of Fructooligosaccharide or Glucomannan Delays Onset of Senescence in SAMP8 Mice *Gastroenterol Res Pract* 2014; 2014; 303184
- Maria A et al, (2014)  
 Gene expression of enzymes involved in utilization of xylooligosaccharides by *Lactobacillus* strains *Biotechnol Biotechnol Equip* 2014; 28(5); 941-948
- Pokusaeva K et al, (2011)  
 Carbohydrate metabolism in *Bifidobacteria* *Genes Nutr* 2011; 6(3); 285-306
- Aguirre M et al, (2014)  
 In vitro characterization of the impact of different substrates on metabolite production, energy extraction and composition of gut microbiota from lean and obese subjects *PLoS One* 2014; 9(11); e113864
- Sierra C et al, (2015)  
 Prebiotic effect during the first year of life in healthy infants fed formula containing GOS as the only prebiotic: a multicentre, randomised, double-blind and placebo-controlled trial *Eur J Nutr* 2015; 54(1); 89-99

Duda-Chodak A et al, (2015)

Interaction of dietary compounds, especially polyphenols, with the intestinal microbiota: a review *Eur J Nutr* 2015; 54(3); 325-41

Costabile A et al, (2015)

Effects of orange juice formulation on prebiotic functionality using an in vitro colonic model system *PLoS One* 2015; 10(3); e0121955

Kellow NJ et al, (2014)

Effect of dietary prebiotic supplementation on advanced glycation, insulin resistance and inflammatory biomarkers in adults with pre-diabetes: a study protocol for a double-blind placebo-controlled randomised crossover clinical trial *BMC Endocr Disord* 2014; 14; 55

Hoppe M et al, (2015)

Probiotic strain *Lactobacillus plantarum* 299v increases iron absorption from an iron-supplemented fruit drink: a double-isotope cross-over single-blind study in women of reproductive age *Br J Nutr* 2015; 114(8); 1195-202

Chung WS et al, (2016)

Modulation of the human gut microbiota by dietary fibres occurs at the species level *BMC Biol* 2016; 14; 3

Hutkins RW et al, (2016)

Prebiotics: why definitions matter *Curr Opin Biotechnol* 2016; 37; 1-7

Khan MT et al, (2014)

Antioxidants keep the potentially probiotic but highly oxygen-sensitive human gut bacterium *Faecalibacterium prausnitzii* alive at ambient air *PLoS One* 2014; 9(5); e96097

Pryor R et al, (2015)

Repurposing metformin: an old drug with new tricks in its binding pockets *Biochem J* 2015; 471(3); 307-22

Fåkk F et al, (2015)

The physico-chemical properties of dietary fibre determine metabolic responses, short-chain Fatty Acid profiles and gut microbiota composition in rats fed low- and high-fat diets *PLoS One* 2015; 10(5); e0127252

Bruno-Barcena JM et al, (2015)

Galacto-oligosaccharides and Colorectal Cancer: Feeding our Intestinal Probiome *J Funct Foods* 2015; 12; 92-108

Shoae S et al, (2014)

Elucidating the interactions between the human gut microbiota and its host through metabolic modeling *Front Genet* 2014; 5; 86

Voreades N et al, (2014)

Diet and the development of the human intestinal microbiome *Front Microbiol* 2014; 5; 494

Ganesh BP et al, (2015)

Luminal Conversion and Immunoregulation by Probiotics *Front Pharmacol* 2015; 6; 269

Koropatkin NM et al, (2012)

How glycan metabolism shapes the human gut microbiota *Nat Rev Microbiol* 2012; 10(5); 323-35

Kabeerdoss J et al, (2013)

*Clostridium leptum* group bacteria abundance and diversity in the fecal microbiota of patients with inflammatory bowel disease: a case-control study in India *BMC Gastroenterol* 2013; 13; 20

Parekh PJ et al, (2014)

The role and influence of gut microbiota in pathogenesis and management of obesity and metabolic syndrome *Front Endocrinol (Lausanne)* 2014; 5; 47

McCreight LJ et al, (2016)

Metformin and the gastrointestinal tract *Diabetologia* 2016; 59(3); 426-35

Koutsos A et al, (2015)

Apples and cardiovascular health--is the gut microbiota a core consideration? *Nutrients* 2015; 7(6); 3959-98

Licht TR et al, (2010)

Effects of apples and specific apple components on the cecal environment of conventional rats: role of apple pectin *BMC Microbiol* 2010; 10; 13

Delzenne NM et al, (2011)

Modulation of the gut microbiota by nutrients with prebiotic properties: consequences for host health in the context of obesity and metabolic syndrome *Microb Cell Fact* 2011; 10 Suppl 1(Suppl 1); S10

Clarke SF et al, (2012)

The gut microbiota and its relationship to diet and obesity: new insights *Gut Microbes* 2012; 3(3); 186-202

Umu ÖC et al, (2015)

Resistant starch diet induces change in the swine microbiome and a predominance of beneficial bacterial populations *Microbiome* 2015; 3; 16

Dominianni C et al, (2015)

Sex, body mass index, and dietary fiber intake influence the human gut microbiome *PLoS One* 2015; 10(4); e0124599

Cuervo A et al, (2015)

Association of polyphenols from oranges and apples with specific intestinal microorganisms in systemic lupus erythematosus patients *Nutrients* 2015; 7(2); 1301-17

Graf D et al, (2015)

Contribution of diet to the composition of the human gut microbiota *Microb Ecol Health Dis* 2015; 26; 26164

Romo-Vaquero M et al, (2014)

A rosemary extract rich in carnosic acid selectively modulates caecum microbiota and inhibits  $\beta$ -glucosidase activity, altering fiber and short chain fatty acids fecal excretion in lean and obese female rats *PLoS One* 2014; 9(4); e94687

Mandalari G et al, (2008)

Potential prebiotic properties of almond (*Amygdalus communis* L.) seeds *Appl Environ Microbiol* 2008; 74(14); 4264-70

Lindström C et al, (2013)

Oral administration of live exopolysaccharide-producing *Pediococcus parvulus*, but not purified exopolysaccharide, suppressed *Enterobacteriaceae* without affecting bacterial diversity in ceca of mice *Appl Environ Microbiol* 2013; 79(16); 5030-7

Jeffery IB et al, (2013)

Diet-microbiota interactions and their implications for healthy living *Nutrients* 2013; 5(1); 234-52

Christensen EG et al, (2014)

Dietary xylo-oligosaccharide stimulates intestinal bifidobacteria and lactobacilli but has limited effect on intestinal integrity in rats *BMC Res Notes* 2014; 7; 660

Dueñas M et al, (2015)

A survey of modulation of gut microbiota by dietary polyphenols *Biomed Res Int* 2015; 2015; 850902

Lee YK., (2013)

Effects of diet on gut microbiota profile and the implications for health and disease *Biosci Microbiota Food Health* 2013; 32(1); 1-12

Lacombe A et al, (2013)

Lowbush wild blueberries have the potential to modify gut microbiota and xenobiotic metabolism in the rat colon *PLoS One* 2013; 8(6); e67497

Blanton C et al, (2015)

Probiotics blunt the Anti-Hypertensive Effect of Blueberry Feeding in Hypertensive Rats without Altering Hippuric Acid Production *PLoS One* 2015; 10(11); e0142036

Magrone T et al, (2013)

The interaction between gut microbiota and age-related changes in immune function and inflammation *Immun Ageing* 2013; 10(1); 31

Podsędek A et al, (2014)

Matrix effects on the stability and antioxidant activity of red cabbage anthocyanins under simulated gastrointestinal digestion *Biomed Res Int* 2014; 2014; 365738

Conlon MA et al, (2014)

The impact of diet and lifestyle on gut microbiota and human health *Nutrients* 2014; 7(1); 17-44

Selhub EM et al, (2014)

Fermented foods, microbiota, and mental health: ancient practice meets nutritional psychiatry *J Physiol Anthropol* 2014; 33(1); 2

Westmark CJ., (2014)

A hypothesis regarding the molecular mechanism underlying dietary soy-induced effects on seizure propensity *Front Neurol* 2014; 5; 169

Cavallini DC et al, (2011)

Influence of a probiotic soy product on fecal microbiota and its association with cardiovascular risk factors in an animal model *Lipids Health Dis* 2011; 10; 126

Palaria A et al, (2012)

Effect of a synbiotic yogurt on levels of fecal bifidobacteria, clostridia, and enterobacteria *Appl Environ Microbiol* 2012; 78(4); 933-40

Ramnani P et al, (2015)

A randomised, double-blind, cross-over study investigating the prebiotic effect of agave fructans in healthy human subjects *J Nutr Sci* 2015; 4; e10

Pérez-Cano FJ et al, (2013)

The effects of cocoa on the immune system *Front Pharmacol* 2013; 4; 71

Woo HI et al, (2015)

A Controlled, Randomized, Double-blind Trial to Evaluate the Effect of Vegetables and Whole Grain Powder That Is Rich in Dietary Fibers on Bowel Functions and Defecation in Constipated Young Adults *J Cancer Prev* 2015; 20(1); 64-9

Hayek N., (2013)

Chocolate, gut microbiota, and human health *Front Pharmacol* 2013; 4; 11

Ni Y et al, (2015)

A Molecular-Level Landscape of Diet-Gut Microbiome Interactions: Toward Dietary Interventions Targeting Bacterial Genes *mBio* 2015; 6(6); e01263-15

Liu S et al, (2015)

Starch and starch hydrolysates are favorable carbon sources for bifidobacteria in the human gut *BMC Microbiol* 2015; 15; 54

Nakatsu CH et al, (2014)

Fecal bacterial community changes associated with isoflavone metabolites in postmenopausal women after soy bar consumption *PLoS One* 2014; 9(10); e108924

Tousen Y et al, (2012)

Effects of dietary fibre and tea catechin, ingredients of the Japanese diet, on equol production and bone mineral density in isoflavone-treated ovariectomised mice *J Nutr Sci* 2012; 1; e13

Oberg TS et al, (2013)

Genetic and physiological responses of *Bifidobacterium animalis* subsp. *lactis* to hydrogen peroxide stress *J Bacteriol* 2013; 195(16); 3743-51

Gutierrez-Orozco F et al, (2015)

Intestinal microbial dysbiosis and colonic epithelial cell hyperproliferation by dietary  $\alpha$ -mangostin is independent of mouse strain *Nutrients* 2015; 7(2); 764-84

Monk JM et al, (2011)

Recent advances in the field of nutritional immunology *Expert Rev Clin Immunol* 2011; 7(6); 747-9

Fernandez-Raudales D et al, (2012)

Consumption of different soymilk formulations differentially affects the gut microbiomes of overweight and obese men *Gut Microbes* 2012; 3(6); 490-500

Hardy H et al, (2013)

Probiotics, prebiotics and immunomodulation of gut mucosal defences: homeostasis and immunopathology *Nutrients* 2013; 5(6); 1869-912

Schneeberger M et al, (2015)

Akkermansia muciniphila inversely correlates with the onset of inflammation, altered adipose tissue metabolism and metabolic disorders during obesity in mice *Sci Rep* 2015; 5; 16643

Tomohiko Fujisawa et al, (2006)

Effect of miso soup containing Natto on the composition and metabolic activity of the human faecal flora *Microbial Ecology in Health and Disease* 2006; 18(2); 79-84

Rowland I et al, (2018)

Gut microbiota functions: metabolism of nutrients and other food components *Eur J Nutr* 2018; 57(1); 1-24

Van den Abbeele P et al, (2018)

Different Oat Ingredients Stimulate Specific Microbial Metabolites in the Gut Microbiome of Three Human Individuals in Vitro *ACS Omega* 2018; 3(10); 12446-12456

Shang Y et al, (2018)

Chicken Gut Microbiota: Importance and Detection Technology *Front Vet Sci* 2018; 5; 254

Schokker D et al, (2018)

Supplementation of fructooligosaccharides to suckling piglets affects intestinal microbiota colonization and immune development *J Anim Sci* 2018; 96(6); 2139-2153

Noratto GD et al, (2014)

Carbohydrate-Free Peach (*Prunus persica*) and Plum (*Prunus salicina*) [corrected] Juice Affects Fecal Microbial Ecology in an Obese Animal Model *PLoS One* 2014; 9(7); e101723

Miquel S et al, (2014)

Ecology and metabolism of the beneficial intestinal commensal bacterium *Faecalibacterium prausnitzii* *Gut Microbes* 2014; 5(2); 146-51

Costabile A et al, (2010)

A double-blind, placebo-controlled, cross-over study to establish the bifidogenic effect of a very-long-chain inulin extracted from globe artichoke (*Cynara scolymus*) in healthy human subjects *Br J Nutr* 2010; 104(7); 1007-17

G. Préstamo et al, (2003)

Role of buckwheat diet on rats as prebiotic and healthy food *Nutrition Research* 2003; 23(6); 803-814

Telle-Hansen VH et al, (2018)

Impact of a Healthy Dietary Pattern on Gut Microbiota and Systemic Inflammation in Humans *Nutrients* 2018; 10(11); 1783

Fehlbaum S et al, (2018)

In Vitro Fermentation of Selected Prebiotics and Their Effects on the Composition and Activity of the Adult Gut Microbiota *Int J Mol Sci* 2018; 19(10); 3097

Micciche AC et al, (2018)

A Review of Prebiotics Against Salmonella in Poultry: Current and Future Potential for Microbiome Research Applications *Front Vet Sci* 2018; 5; 191

Lohner S et al, (2018)

Inulin-Type Fructan Supplementation of 3- to 6-Year-Old Children Is Associated with Higher Fecal Bifidobacterium Concentrations and Fewer Febrile Episodes Requiring Medical Attention *J Nutr* 2018; 148(8); 1300-1308

Arzamasov AA et al, (2018)

Comparative Genomics Reveals the Regulatory Complexity of Bifidobacterial Arabinose and Arabino-Oligosaccharide Utilization *Front Microbiol* 2018; 9; 776

Ohara T et al, (2018)

Intake of Bifidobacterium longum and Fructo-oligosaccharides prevents Colorectal Carcinogenesis *Eurasian J Hepatogastroenterol* 2018; 8(1); 11-17

Rodiño-Janeiro BK et al, (2018)

A Review of Microbiota and Irritable Bowel Syndrome: Future in Therapies *Adv Ther* 2018; 35(3); 289-310

Ma J et al, (2017)

Gut Microbiota and Nonalcoholic Fatty Liver Disease: Insights on Mechanisms and Therapy *Nutrients* 2017; 9(10); 1124

Lane ER et al, (2017)

The microbiota in inflammatory bowel disease: current and therapeutic insights *J Inflamm Res* 2017; 10; 63-73

Koga Y et al, (2016)

Age-associated effect of kestose on Faecalibacterium prausnitzii and symptoms in the atopic dermatitis infants *Pediatr Res* 2016; 80(6); 844-851

Chang M et al, (2018)

Fructo-Oligosaccharide Alleviates Soybean-Induced Anaphylaxis in Piglets by Modulating Gut Microbes *Front Microbiol* 2018; 9; 2769

Vitetta L et al, (2018)

Immunological Tolerance and Function: Associations Between Intestinal Bacteria, Probiotics, Prebiotics, and Phages *Front Immunol* 2018; 9; 2240

Lim YJ et al, (2018)

Effects of Synbiotics among Constipated Adults in Serdang, Selangor, Malaysia-A Randomised, Double-Blind, Placebo-Controlled Trial *Nutrients* 2018; 10(7); 824

Carlson JL et al, (2018)

Health Effects and Sources of Prebiotic Dietary Fiber *Curr Dev Nutr* 2018; 2(3); nzy005

Liu L et al, (2018)

Gut-Brain Axis and Mood Disorder *Front Psychiatry* 2018; 9; 223

Le Bourgot C et al, (2018)

Fructo-oligosaccharides and glucose homeostasis: a systematic review and meta-analysis in animal models *Nutr Metab (Lond)* 2018; 15; 9

Yang BG et al, (2017)

Alterations in Gut Microbiota and Immunity by Dietary Fat *Yonsei Med J* 2017; 58(6); 1083-1091

Luo A et al, (2017)

The Microbiota and Epigenetic Regulation of T Helper 17/Regulatory T Cells: In Search of a Balanced Immune System *Front Immunol* 2017; 8; 417

Mandalari G et al, (2016)

The effect of sun-dried raisins (*Vitis vinifera* L.) on the in vitro composition of the gut microbiota *Food Funct* 2016; 7(9); 4048-4060

Shimizu Y., (2018)

Gut microbiota in common elderly diseases affecting activities of daily living *World J Gastroenterol* 2018; 24(42); 4750-4758

Dall'Oglio F et al, (2018)

Effects of oral supplementation with FOS and GOS prebiotics in women with adult acne: the "S.O. Sweet" study: a proof-of-concept pilot trial *Clin Cosmet Investig Dermatol* 2018; 11; 445-449

Sloan TJ et al, (2018)

A low FODMAP diet is associated with changes in the microbiota and reduction in breath hydrogen but not colonic volume in healthy subjects *PLoS One* 2018; 13(7); e0201410

Krumbeck JA et al, (2018)

Probiotic Bifidobacterium strains and galactooligosaccharides improve intestinal barrier function in obese adults but show no synergism when used together as synbiotics *Microbiome* 2018; 6(1); 121

Müller M et al, (2018)

Gastrointestinal Transit Time, Glucose Homeostasis and Metabolic Health: Modulation by Dietary Fibers *Nutrients* 2018; 10(3); 275

Catinean A et al, (2018)

An overview on the interplay between nutraceuticals and gut microbiota *PeerJ* 2018; 6; e4465

Fukui H., (2017)

Gut Microbiome-based Therapeutics in Liver Cirrhosis: Basic Consideration for the Next Step *J Clin Transl Hepatol* 2017; 5(3); 249-260

Park SH et al, (2017)

Comparison of antibiotic supplementation versus a yeast-based prebiotic on the cecal microbiome of commercial broilers *PLoS One* 2017; 12(8); e0182805

Fatima N et al, (2017)

Prebiotics: A Novel Approach to Treat Hepatocellular Carcinoma *Can J Gastroenterol Hepatol* 2017; 2017; 6238106

Medina DA et al, (2017)

Prebiotics Mediate Microbial Interactions in a Consortium of the Infant Gut Microbiome *Int J Mol Sci* 2017; 18(10); 2095

Mao B et al, (2018)

Effects of Different Doses of Fructooligosaccharides (FOS) on the Composition of Mice Fecal Microbiota, Especially the Bifidobacterium Composition *Nutrients* 2018; 10(8); 1105

Kim JY et al, (2018)

Effects of the Brown Seaweed *Laminaria japonica* Supplementation on Serum Concentrations of IgG, Triglycerides, and Cholesterol, and Intestinal Microbiota Composition in Rats *Front Nutr* 2018; 5; 23

Zhang T et al, (2018)

Beneficial Effect of Intestinal Fermentation of Natural Polysaccharides *Nutrients* 2018; 10(8); 1055

Chen D et al, (2017)

Prebiotic Effect of Fructooligosaccharides from *Morinda officinalis* on Alzheimer's Disease in Rodent Models by Targeting the Microbiota-Gut-Brain Axis *Front Aging Neurosci* 2017; 9; 403

Liu F et al, (2017)

Fructooligosaccharide (FOS) and Galactooligosaccharide (GOS) Increase Bifidobacterium but Reduce Butyrate Producing Bacteria with Adverse Glycemic Metabolism in healthy young population *Sci Rep* 2017; 7(1); 11789

Nie Y et al, (2017)

Effects of Non-Starch Polysaccharides on Inflammatory Bowel Disease *Int J Mol Sci* 2017; 18(7); 1372

Pinto F et al, (2017)

Modeling Metabolic Interactions in a Consortium of the Infant Gut Microbiome *Front Microbiol* 2017; 8; 2507

Lyu M et al, (2017)

Balancing Herbal Medicine and Functional Food for Prevention and Treatment of Cardiometabolic Diseases through Modulating Gut Microbiota *Front Microbiol* 2017; 8; 2146

Watkins C et al, (2017)

Microbial Therapeutics Designed for Infant Health *Front Nutr* 2017; 4; 48

Jinno S et al, (2017)

Maternal Prebiotic Ingestion Increased the Number of Fecal Bifidobacteria in Pregnant Women but Not in Their Neonates Aged One Month *Nutrients* 2017; 9(3); 196

Guo J et al, (2018)

Vanillin Alleviates High Fat Diet-Induced Obesity and Improves the Gut Microbiota Composition *Front Microbiol* 2018; 9; 2733

Saklayen MG., (2018)

The Global Epidemic of the Metabolic Syndrome *Curr Hypertens Rep* 2018; 20(2); 12

Lambertz J et al, (2017)

Fructose: A Dietary Sugar in Crosstalk with Microbiota Contributing to the Development and Progression of Non-Alcoholic Liver Disease *Front Immunol* 2017; 8; 1159

Koutsos A et al, (2017)

Effects of Commercial Apple Varieties on Human Gut Microbiota Composition and Metabolic Output Using an In Vitro Colonic Model *Nutrients* 2017; 9(6); 533

Sasaki D et al, (2018)

Low amounts of dietary fibre increase in vitro production of short-chain fatty acids without changing human colonic microbiota structure *Sci Rep* 2018; 8(1); 435

Solano-Aguilar GI et al, (2018)

The Effect of Feeding Cocoa Powder and *Lactobacillus rhamnosus* on the Composition and Function of Pig Intestinal Microbiome *Curr Dev Nutr* 2018; 2(5); nzy011

Myhill LJ et al, (2018)

Mucosal Barrier and Th2 Immune Responses Are Enhanced by Dietary Inulin in Pigs Infected With *Trichuris suis* *Front Immunol* 2018; 9; 2557

Tu P et al, (2018)

Characterization of the Functional Changes in Mouse Gut Microbiome Associated with Increased *Akkermansia muciniphila* Population Modulated by Dietary Black Raspberries *ACS Omega* 2018; 3(9); 10927-10937

Brugman S et al, (2018)

A Comparative Review on Microbiota Manipulation: Lessons From Fish, Plants, Livestock, and Human Research *Front Nutr* 2018; 5; 80

Doestzada M et al, (2018)

Pharmacomicrobiomics: a novel route towards personalized medicine? *Protein Cell* 2018; 9(5); 432-445

Chen Y et al, (2017)

Wuji Wan Formula Ameliorates Diarrhea and Disordered Colonic Motility in Post-inflammation Irritable Bowel Syndrome Rats by Modulating the Gut Microbiota *Front Microbiol* 2017; 8; 2307

Arora T et al, (2019)

Microbial fermentation of flaxseed fibers modulates the transcriptome of GPR41-expressing enteroendocrine cells and protects mice against diet-induced obesity *Am J Physiol Endocrinol Metab* 2019; 316(3); E453-E463

Saltzman ET et al, (2017)

Perna canaliculus and the Intestinal Microbiome *Mar Drugs* 2017; 15(7); 207

Wang Q et al, (2017)

*Akkermansia muciniphila* May Determine Chondroitin Sulfate Ameliorating or Aggravating Osteoarthritis *Front Microbiol* 2017; 8; 1955

Zhang Q et al, (2018)

Inulin-type fructan improves diabetic phenotype and gut microbiota profiles in rats *PeerJ* 2018; 6; e4446

Mano F et al, (2018)

The Effect of White Rice and White Bread as Staple Foods on Gut Microbiota and Host Metabolism *Nutrients* 2018; 10(9); 1323

Garcia-Mazcorro JF et al, (2018)

Effect of barley supplementation on the fecal microbiota, caecal biochemistry, and key biomarkers of obesity and inflammation in obese db/db mice *Eur J Nutr* 2018; 57(7); 2513-2528



Singh RK et al, (2017)

Influence of diet on the gut microbiome and implications for human health J Transl Med 2017; 15(1); 73

Gamage HKAH et al, (2018)

Fiber Supplements Derived From Sugarcane Stem, Wheat Dextrin and Psyllium Husk Have Different In Vitro Effects on the Human Gut Microbiota Front Microbiol 2018; 9; 1618

Ferreira-Lazarte A et al, (2018)

In vitro fermentation properties of pectins and enzymatic-modified pectins obtained from different renewable bioresources Carbohydr Polym 2018; 199; 482-491

Cooper DN et al, (2017)

The Effects of Moderate Whole Grain Consumption on Fasting Glucose and Lipids, Gastrointestinal Symptoms, and Microbiota Nutrients 2017; 9(2); 173

D'hoel K et al, (2018)

Prebiotic Wheat Bran Fractions Induce Specific Microbiota Changes Front Microbiol 2018; 9; 31

Li D et al, (2017)

Microbial Biogeography and Core Microbiota of the Rat Digestive Tract Sci Rep 2017; 8; 45840

Le Scieillour M et al, (2018)

Effect of dietary fiber content on nutrient digestibility and fecal microbiota composition in growing-finishing pigs PLoS One 2018; 13(10); e0206159

Ding C et al, (2018)

Intestinal microbiota: a novel perspective in colorectal cancer biotherapeutics Onco Targets Ther 2018; 11; 4797-4810

Nishimura N et al, (2018)

Transplantation of High Hydrogen-Producing Microbiota Leads to Generation of Large Amounts of Colonic Hydrogen in Recipient Rats Fed High Amylose Maize Starch Nutrients 2018; 10(2); 144

Xie Y et al, (2018)

Alpinia oxyphylla Miq. Extract Prevents Diabetes in Mice by Modulating Gut Microbiota J Diabetes Res 2018; 2018; 4230590

Pham VT et al, (2018)

The effects of fermentation products of prebiotic fibres on gut barrier and immune functions in vitro PeerJ 2018; 6; e5288

Feng G et al, (2018)

Mechanisms of utilisation of arabinoxylans by a porcine faecal inoculum: competition and co-operation Sci Rep 2018; 8(1); 4546

Jarrett S et al, (2018)

The role of dietary fibre in pig production, with a particular emphasis on reproduction J Anim Sci Biotechnol 2018; 9; 59

Basson A et al, (2016)

Mucosal Interactions between Genetics, Diet, and Microbiome in Inflammatory Bowel Disease Front Immunol 2016; 7; 290

Fernández-Calleja JMS et al, (2018)

Non-invasive continuous real-time in vivo analysis of microbial hydrogen production shows adaptation to fermentable carbohydrates in mice Sci Rep 2018; 8(1); 15351

Liu P et al, (2017)

Dietary Corn Bran Fermented by Bacillus subtilis MA139 Decreased Gut Cellulolytic Bacteria and Microbiota Diversity in Finishing Pigs Front Cell Infect Microbiol 2017; 7; 526

Valk V et al, (2016)

Carbohydrate-binding module 74 is a novel starch-binding domain associated with large and multidomain  $\alpha$ -amylase enzymes FEBS J 2016; 283(12); 2354-68

Maier TV et al, (2017)

Impact of Dietary Resistant Starch on the Human Gut Microbiome, Metaproteome, and Metabolome mBio 2017; 8(5); e01343-17

Gough R et al, (2018)

Oral Delivery of Nisin in Resistant Starch Based Matrices Alters the Gut Microbiota in Mice *Front Microbiol* 2018; 9; 1186

Pferschy-Wenzig EM et al, (2017)

A Combined LC-MS Metabolomics- and 16S rRNA Sequencing Platform to Assess Interactions between Herbal Medicinal Products and Human Gut Bacteria in Vitro: a Pilot Study on Willow Bark Extract *Front Pharmacol* 2017; 8; 893

Hald S et al, (2016)

Effects of Arabinoxylan and Resistant Starch on Intestinal Microbiota and Short-Chain Fatty Acids in Subjects with Metabolic Syndrome: A Randomised Crossover Study *PLoS One* 2016; 11(7); e0159223

Despres J et al, (2016)

Unraveling the pectinolytic function of *Bacteroides xylanisolvens* using a RNA-seq approach and mutagenesis *BMC Genomics* 2016; 17; 147

Liu P et al, (2018)

Dietary Corn Bran Altered the Diversity of Microbial Communities and Cytokine Production in Weaned Pigs *Front Microbiol* 2018; 9; 2090

Centanni M et al, (2018)

*Bifidobacterium pseudolongum* in the Ceca of Rats Fed Hi-Maize Starch Has Characteristics of a Keystone Species in Bifidobacterial Blooms *Appl Environ Microbiol* 2018; 84(15); e00547-18

Zhu ZY et al, (2016)

Efficient synthesis and activity of beneficial intestinal flora of two lactulose-derived oligosaccharides *Eur J Med Chem* 2016; 114; 8-13

Hernández-Alonso P et al, (2017)

Nuts and Dried Fruits: An Update of Their Beneficial Effects on Type 2 Diabetes *Nutrients* 2017; 9(7); 673

Borda-Molina D et al, (2018)

Current Perspectives of the Chicken Gastrointestinal Tract and Its Microbiome *Comput Struct Biotechnol J* 2018; 16; 131-139

Bach Knudsen KE et al, (2018)

Impact of Diet-Modulated Butyrate Production on Intestinal Barrier Function and Inflammation *Nutrients* 2018; 10(10); 1499

Spacova I et al, (2018)

Probiotics against airway allergy: host factors to consider *Dis Model Mech* 2018; 11(7); dmm034314

Bang SJ et al, (2018)

The influence of in vitro pectin fermentation on the human fecal microbiome *AMB Express* 2018; 8(1); 98

Bamberger C et al, (2018)

A Walnut-Enriched Diet Affects Gut Microbiome in Healthy Caucasian Subjects: A Randomized, Controlled Trial *Nutrients* 2018; 10(2); 244

Kato K et al, (2017)

Longitudinal Analysis of the Intestinal Microbiota in Liver Transplantation *Transplant Direct* 2017; 3(4); e144

Nath A et al, (2018)

Biological Activities of Lactose-Derived Prebiotics and Symbiotic with Probiotics on Gastrointestinal System *Medicina (Kaunas)* 2018; 54(2); 18

Shortt C et al, (2018)

Systematic review of the effects of the intestinal microbiota on selected nutrients and non-nutrients *Eur J Nutr* 2018; 57(1); 25-49

Tayebi-Khosroshahi H et al, (2016)

The effect of lactulose supplementation on fecal microflora of patients with chronic kidney disease; a randomized clinical trial *J Renal Inj Prev* 2016; 5(3); 162-7

Jensen A et al, (2018)

Unique subgingival microbiota associated with periodontitis in cirrhosis patients *Sci Rep* 2018; 8(1); 10718

Zheng W et al, (2018)

Intestinal Microbiota Ecological Response to Oral Administrations of Hydrogen-Rich Water and Lactulose in Female Piglets Fed a Fusarium Toxin-Contaminated Diet Toxins (Basel) 2018; 10(6); 246

Jeong SY et al, (2017)

Synbiotic effects of  $\beta$ -glucans from cauliflower mushroom and *Lactobacillus fermentum* on metabolic changes and gut microbiome in estrogen-deficient rats Genes Nutr 2017; 12; 31

Blatchford P et al, (2017)

Consumption of kiwifruit capsules increases *Faecalibacterium prausnitzii* abundance in functionally constipated individuals: a randomised controlled human trial J Nutr Sci 2017; 6; e52

Boger MCL et al, (2018)

Cross-Feeding among Probiotic Bacterial Strains on Prebiotic Inulin Involves the Extracellular exo-Inulinase of *Lactobacillus paracasei* Strain W20 Appl Environ Microbiol 2018; 84(21); e01539-18

Fu YP et al, (2018)

The Polysaccharides from *Codonopsis pilosula* Modulates the Immunity and Intestinal Microbiota of Cyclophosphamide-Treated Immunosuppressed Mice Molecules 2018; 23(7); 1801

Wang X et al, (2017)

Development of Human Breast Milk Microbiota-Associated Mice as a Method to Identify Breast Milk Bacteria Capable of Colonizing Gut Front Microbiol 2017; 8; 1242

Yoon K et al, (2018)

The Effect of Microbiota on Colon Carcinogenesis J Cancer Prev 2018; 23(3); 117-125

Holscher HD., (2017)

Dietary fiber and prebiotics and the gastrointestinal microbiota Gut Microbes 2017; 8(2); 172-184

Sarangi AN et al, (2017)

Faecal bacterial microbiota in patients with cirrhosis and the effect of lactulose administration BMC Gastroenterol 2017; 17(1); 125

Bothe MK et al, (2017)

Dose-Dependent Prebiotic Effect of Lactulose in a Computer-Controlled In Vitro Model of the Human Large Intestine Nutrients 2017; 9(7); 767

Aguayo-Patrón SV et al, (2017)

Old Fashioned vs. Ultra-Processed-Based Current Diets: Possible Implication in the Increased Susceptibility to Type 1 Diabetes and Celiac Disease in Childhood Foods 2017; 6(11); 100

Azad MAK et al, (2018)

Immunomodulatory Effects of Probiotics on Cytokine Profiles Biomed Res Int 2018; 2018; 8063647

Vamanu E et al, (2018)

In Vitro Ecological Response of the Human Gut Microbiome to Bioactive Extracts from Edible Wild Mushrooms Molecules 2018; 23(9); 2128

Suryavanshi MV et al, (2018)

Functional eubacteria species along with trans-domain gut inhabitants favour dysgenic diversity in oxalate stone disease Sci Rep 2018; 8(1); 16598

Carlson JL et al, (2017)

Prebiotic Dietary Fiber and Gut Health: Comparing the in Vitro Fermentations of Beta-Glucan, Inulin and Xylooligosaccharide Nutrients 2017; 9(12); 1361

Hiippala K et al, (2018)

The Potential of Gut Commensals in Reinforcing Intestinal Barrier Function and Alleviating Inflammation Nutrients 2018; 10(8); 988

Baugh ME et al, (2018)

Inulin Supplementation Does Not Reduce Plasma Trimethylamine N-Oxide Concentrations in Individuals at Risk for Type 2 Diabetes *Nutrients* 2018; 10(6); 793

Ma N et al, (2018)

Nutrients Mediate Intestinal Bacteria-Mucosal Immune Crosstalk *Front Immunol* 2018; 9; 5

Petyaev IM et al, (2017)

Dark Chocolate: Opportunity for an Alliance between Medical Science and the Food Industry? *Front Nutr* 2017; 4; 43

Al Khodor S et al, (2017)

The Microbiome and Blood Pressure: Can Microbes Regulate Our Blood Pressure? *Front Pediatr* 2017; 5; 138

Haque SZ et al, (2017)

The ecological community of commensal, symbiotic, and pathogenic gastrointestinal microorganisms - an appraisal *Clin Exp Gastroenterol* 2017; 10; 91-103

Dahiya DK et al, (2017)

Gut Microbiota Modulation and Its Relationship with Obesity Using Prebiotic Fibers and Probiotics: A Review *Front Microbiol* 2017; 8; 563

Vinke PC et al, (2017)

The Role of Supplemental Complex Dietary Carbohydrates and Gut Microbiota in Promoting Cardiometabolic and Immunological Health in Obesity: Lessons from Healthy Non-Obese Individuals *Front Nutr* 2017; 4; 34

Pereira FC et al, (2017)

Microbial nutrient niches in the gut *Environ Microbiol* 2017; 19(4); 1366-1378

Gurry T; HST Microbiome Consortium\* et al, (2018)

Predictability and persistence of prebiotic dietary supplementation in a healthy human cohort *Sci Rep* 2018; 8(1); 12699

Nagpal R et al, (2018)

Gut microbiome and aging: Physiological and mechanistic insights *Nutr Healthy Aging* 2018; 4(4); 267-285

Xu X et al, (2017)

Intestinal microbiota: a potential target for the treatment of postmenopausal osteoporosis *Bone Res* 2017; 5; 17046

Azpiroz F et al, (2017)

Effect of Chicory-derived Inulin on Abdominal Sensations and Bowel Motor Function *J Clin Gastroenterol* 2017; 51(7); 619-625

Blædel T et al, (2016)

A randomised, controlled, crossover study of the effect of diet on angiotensin-like protein 4 (ANGPTL4) through modification of the gut microbiome *J Nutr Sci* 2016; 5; e45

Koppe L et al, (2018)

The Role of Gut Microbiota and Diet on Uremic Retention Solutes Production in the Context of Chronic Kidney Disease *Toxins (Basel)* 2018; 10(4); 155

Guo X et al, (2018)

Rutin and Its Combination With Inulin Attenuate Gut Dysbiosis, the Inflammatory Status and Endoplasmic Reticulum Stress in Paneth Cells of Obese Mice Induced by High-Fat Diet *Front Microbiol* 2018; 9; 2651

Krupa-Kozak U et al, (2017)

Administration of Inulin-Supplemented Gluten-Free Diet Modified Calcium Absorption and Caecal Microbiota in Rats in a Calcium-Dependent Manner *Nutrients* 2017; 9(7); 702

Duranti S et al, (2017)

Obesity and microbiota: an example of an intricate relationship *Genes Nutr* 2017; 12; 18

Whisner CM et al, (2018)

Prebiotics, Bone and Mineral Metabolism *Calcif Tissue Int* 2018; 102(4); 443-479

Mohajeri MH et al, (2018)

The role of the microbiome for human health: from basic science to clinical applications *Eur J Nutr* 2018; 57(Suppl 1); 1-14

Hoving LR et al, (2018)

The prebiotic inulin modulates gut microbiota but does not ameliorate atherosclerosis in hypercholesterolemic APOE\*3-Leiden.CETP mice *Sci Rep* 2018; 8(1); 16515

Lu C et al, (2017)

Modulation of the Gut Microbiota by Krill Oil in Mice Fed a High-Sugar High-Fat Diet *Front Microbiol* 2017; 8; 905

Roshanravan N et al, (2017)

The effects of sodium butyrate and inulin supplementation on angiotensin signaling pathway via promotion of Akkermansia muciniphila abundance in type 2 diabetes; A randomized, double-blind, placebo-controlled trial *J Cardiovasc Thorac Res* 2017; 9(4); 183-190

Weitkunat K et al, (2017)

Short-chain fatty acids and inulin, but not guar gum, prevent diet-induced obesity and insulin resistance through differential mechanisms in mice *Sci Rep* 2017; 7(1); 6109

Azcarate-Peril MA et al, (2017)

Impact of short-chain galactooligosaccharides on the gut microbiome of lactose-intolerant individuals *Proc Natl Acad Sci U S A* 2017; 114(3); E367-E375

Canfora EE et al, (2017)

Supplementation of Diet With Galactooligosaccharides Increases Bifidobacteria, but Not Insulin Sensitivity, in Obese Prediabetic Individuals *Gastroenterology* 2017; 153(1); 87-97

Clark JL et al, (2018)

Rebelling against the (Insulin) Resistance: A Review of the Proposed Insulin-Sensitizing Actions of Soybeans, Chickpeas, and Their Bioactive Compounds *Nutrients* 2018; 10(4); 434

Vandeputte D et al, (2017)

Prebiotic inulin-type fructans induce specific changes in the human gut microbiota *Gut* 2017; 66(11); 1968-1974

Zheng W et al, (2018)

Dietary or supplemental fermentable fiber intake reduces the presence of Clostridium XI in mouse intestinal microbiota: The importance of higher fecal bacterial load and density *PLoS One* 2018; 13(10); e0205055

Zhang S et al, (2017)

Dietary pomegranate extract and inulin affect gut microbiome differentially in mice fed an obesogenic diet *Anaerobe* 2017; 48; 184-193

Zhang P et al, (2018)

Commensal Homeostasis of Gut Microbiota-Host for the Impact of Obesity *Front Physiol* 2018; 8; 1122

Grimaldi R et al, (2018)

A prebiotic intervention study in children with autism spectrum disorders (ASDs) *Microbiome* 2018; 6(1); 133

Dai Z et al, (2017)

Effects of  $\alpha$ -Galactooligosaccharides from Chickpeas on High-Fat-Diet-Induced Metabolic Syndrome in Mice *J Agric Food Chem* 2017; 65(15); 3160-3166

Monaco MH et al, (2018)

Evaluation of Sialyllactose Supplementation of a Prebiotic-Containing Formula on Growth, Intestinal Development, and Bacterial Colonization in the Neonatal Piglet *Curr Dev Nutr* 2018; 2(11); nzy067

Vandenplas Y et al, (2017)

Safety of a New Synbiotic Starter Formula *Pediatr Gastroenterol Hepatol Nutr* 2017; 20(3); 167-177

Akbari P et al, (2017)

Characterizing microbiota-independent effects of oligosaccharides on intestinal epithelial cells: insight into the role of structure and size : Structure-activity relationships of non-digestible oligosaccharides Eur J Nutr 2017; 56(5); 1919-1930

Li J et al, (2017)

Carbohydrate Staple Food Modulates Gut Microbiota of Mongolians in China Front Microbiol 2017; 8; 484

Alizadeh A et al, (2016)

The piglet as a model for studying dietary components in infant diets: effects of galacto-oligosaccharides on intestinal functions Br J Nutr 2016; 115(4); 605-18

Arnold JW et al, (2018)

Prebiotics for Lactose Intolerance: Variability in Galacto-Oligosaccharide Utilization by Intestinal Lactobacillus rhamnosus Nutrients 2018; 10(10); 1517

Fernández J et al, (2018)

A Galacto-Oligosaccharides Preparation Derived From Lactulose Protects Against Colorectal Cancer Development in an Animal Model Front Microbiol 2018; 9; 2004

Chen Q et al, (2017)

A Novel Prebiotic Blend Product Prevents Irritable Bowel Syndrome in Mice by Improving Gut Microbiota and Modulating Immune Response Nutrients 2017; 9(12); 1341

Mwangi MN et al, (2017)

Iron for Africa-Report of an Expert Workshop Nutrients 2017; 9(6); 576

Thompson RS et al, (2017)

Dietary Prebiotics and Bioactive Milk Fractions Improve NREM Sleep, Enhance REM Sleep Rebound and Attenuate the Stress-Induced Decrease in Diurnal Temperature and Gut Microbial Alpha Diversity Front Behav Neurosci 2017; 10; 240

Xinias I et al, (2017)

Innovative Dietary Intervention Answers to Baby Colic Pediatr Gastroenterol Hepatol Nutr 2017; 20(2); 100-106

Lammerts van Bueren A et al, (2017)

Prebiotic galactooligosaccharides activate mucin and pectic galactan utilization pathways in the human gut symbiont Bacteroides thetaiotaomicron Sci Rep 2017; 7; 40478

Berry D et al, (2018)

Stable-Isotope Probing of Human and Animal Microbiome Function Trends Microbiol 2018; 26(12); 999-1007

Verheijden KAT et al, (2018)

The Combination Therapy of Dietary Galacto-Oligosaccharides With Budesonide Reduces Pulmonary Th2 Driving Mediators and Mast Cell Degranulation in a Murine Model of House Dust Mite Induced Asthma Front Immunol 2018; 9; 2419

Picca A et al, (2018)

Gut Dysbiosis and Muscle Aging: Searching for Novel Targets against Sarcopenia Mediators Inflamm 2018; 2018; 7026198

Schuchardt JP et al, (2017)

Intestinal Absorption and Factors Influencing Bioavailability of Magnesium-An Update Curr Nutr Food Sci 2017; 13(4); 260-278

Kho ZY et al, (2018)

The Human Gut Microbiome - A Potential Controller of Wellness and Disease Front Microbiol 2018; 9; 1835

Ramadass B et al, (2017)

Faecal microbiota of healthy adults in south India: Comparison of a tribal & a rural population Indian J Med Res 2017; 145(2); 237-246

Salminen S et al, (2016)

Early Gut Colonization With Lactobacilli and Staphylococcus in Infants: The Hygiene Hypothesis Extended *J Pediatr Gastroenterol Nutr* 2016; 62(1); 80-6

Li Q et al, (2017)

The Gut Microbiota and Autism Spectrum Disorders *Front Cell Neurosci* 2017; 11; 120

Abriouel H et al, (2017)

Insight into Potential Probiotic Markers Predicted in *Lactobacillus pentosus* MP-10 Genome Sequence *Front Microbiol* 2017; 8; 891

Williams BA et al, (2017)

Gut Fermentation of Dietary Fibres: Physico-Chemistry of Plant Cell Walls and Implications for Health *Int J Mol Sci* 2017; 18(10); 2203

Morin M et al, (2018)

Changes in the genetic requirements for microbial interactions with increasing community complexity *Elife* 2018; 7; e37072

Míguez B et al, (2018)

Potential of Fructooligosaccharides and Xylooligosaccharides as Substrates To Counteract the Undesirable Effects of Several Antibiotics on Elder Faecal Microbiota: A First in Vitro Approach *J Agric Food Chem* 2018; 66(36); 9426-9437

Liu WC et al, (2018)

*Lactobacillus plantarum* reverse diabetes-induced Fmo3 and ICAM expression in mice through enteric dysbiosis-related c-Jun NH2-terminal kinase pathways *PLoS One* 2018; 13(5); e0196511

Mitra A et al, (2016)

The vaginal microbiota, human papillomavirus infection and cervical intraepithelial neoplasia: what do we know and where are we going next? *Microbiome* 2016; 4(1); 58

Nordberg Karlsson E et al, (2018)

Endo-xylanases as tools for production of substituted xylooligosaccharides with prebiotic properties *Appl Microbiol Biotechnol* 2018; 102(21); 9081-9088

Liu Y et al, (2016)

An In Vitro Approach to Study Effects of Prebiotics and Probiotics on the Faecal Microbiota and Selected Immune Parameters Relevant to the Elderly *PLoS One* 2016; 11(9); e0162604

Feng Q et al, (2018)

Gut Microbiota: An Integral Moderator in Health and Disease *Front Microbiol* 2018; 9; 151

Pham T et al, (2017)

In Vitro Fermentation Patterns of Rice Bran Components by Human Gut Microbiota *Nutrients* 2017; 9(11); 1237

Lin C et al, (2018)

GutLogo: Agent-based modeling framework to investigate spatial and temporal dynamics in the gut microbiome *PLoS One* 2018; 13(11); e0207072

Mihai S et al, (2018)

Inflammation-Related Mechanisms in Chronic Kidney Disease Prediction, Progression, and Outcome *J Immunol Res* 2018; 2018; 2180373

Yang XD et al, (2018)

Effects of prebiotic galacto-oligosaccharide on postoperative cognitive dysfunction and neuroinflammation through targeting of the gut-brain axis *BMC Anesthesiol* 2018; 18(1); 177

Lin SH et al, (2017)

Inhibition of nitric oxide production reverses diabetes-induced Kupffer cell activation and *Klebsiella pneumoniae* liver translocation *PLoS One* 2017; 12(5); e0177269

Michelini S et al, (2018)

A reverse metabolic approach to weaning: in silico identification of immune-beneficial infant gut bacteria, mining their metabolism for prebiotic feeds and sourcing these feeds in the natural product space *Microbiome* 2018; 6(1); 171

Huazano-García A et al, (2017)

Modulation of Gut Microbiota of Overweight Mice by Agavins and Their Association with Body Weight Loss *Nutrients* 2017; 9(9); 821

Chen HL et al, (2008)

Supplementation of konjac glucomannan into a low-fiber Chinese diet promoted bowel movement and improved colonic ecology in constipated adults: a placebo-controlled, diet-controlled trial *J Am Coll Nutr* 2008; 27(1); 102-8

Li M et al, (2017)

Cassava foliage affects the microbial diversity of Chinese indigenous geese caecum using 16S rRNA sequencing *Sci Rep* 2017; 7; 45697

Brüssow H., (2013)

Microbiota and healthy ageing: observational and nutritional intervention studies *Microb Biotechnol* 2013; 6(4); 326-34

Cockburn DW et al, (2015)

Molecular details of a starch utilization pathway in the human gut symbiont *Eubacterium rectale* *Mol Microbiol* 2015; 95(2); 209-30

Rajilić-Stojanović M et al, (2015)

Intestinal microbiota and diet in IBS: causes, consequences, or epiphenomena? *Am J Gastroenterol* 2015; 110(2); 278-87

Ze X et al, (2013)

Some are more equal than others: the role of "keystone" species in the degradation of recalcitrant substrates *Gut Microbes* 2013; 4(3); 236-40

Walker AW et al, (2011)

Dominant and diet-responsive groups of bacteria within the human colonic microbiota *ISME J* 2011; 5(2); 220-30

Kalmokoff M et al, (2015)

Phylum level change in the cecal and fecal gut communities of rats fed diets containing different fermentable substrates supports a role for nitrogen as a factor contributing to community structure *Nutrients* 2015; 7(5); 3279-99

Yin Y et al, (2017)

Investigation into the stability and culturability of Chinese enterotypes *Sci Rep* 2017; 7(1); 7947

Lozupone CA et al, (2012)

Diversity, stability and resilience of the human gut microbiota *Nature* 2012; 489(7415); 220-30

Krumbeck JA et al, (2015)

In vivo selection to identify bacterial strains with enhanced ecological performance in synbiotic applications *Appl Environ Microbiol* 2015; 81(7); 2455-65

Tyakht AV et al, (2013)

Human gut microbiota community structures in urban and rural populations in Russia *Nat Commun* 2013; 4; 2469

Gerritsen J et al, (2011)

Intestinal microbiota in human health and disease: the impact of probiotics *Genes Nutr* 2011; 6(3); 209-40

Magrone T et al, (2015)

Childhood obesity: immune response and nutritional approaches *Front Immunol* 2015; 6; 76

Kovatcheva-Datchary P et al, (2009)

Tools for the tract: understanding the functionality of the gastrointestinal tract *Therap Adv Gastroenterol* 2009; 2(4); 9-22

Conlon MA et al, (2012)

Resistant starches protect against colonic DNA damage and alter microbiota and gene expression in rats fed a Western diet *J Nutr* 2012; 142(5); 832-40

Chen T et al, (2017)

Fiber-utilizing capacity varies in *Prevotella*- versus *Bacteroides*-dominated gut microbiota *Sci Rep* 2017; 7(1); 2594

Frankenfeld CL., (2011)

O-desmethylangolensin: the importance of equol's lesser known cousin to human health *Adv Nutr* 2011; 2(4); 317-24



Brahe LK et al, (2015)

Dietary modulation of the gut microbiota--a randomised controlled trial in obese postmenopausal women *Br J Nutr* 2015; 114(3); 406-17

Del Chierico F et al, (2014)

Mediterranean diet and health: food effects on gut microbiota and disease control *Int J Mol Sci* 2014; 15(7); 11678-99

Pieper R et al, (2009)

Effect of carbohydrate composition in barley and oat cultivars on microbial ecophysiology and proliferation of *Salmonella enterica* in an in vitro model of the porcine gastrointestinal tract *Appl Environ Microbiol* 2009; 75(22); 7006-16

Sheflin AM et al, (2015)

Pilot dietary intervention with heat-stabilized rice bran modulates stool microbiota and metabolites in healthy adults *Nutrients* 2015; 7(2); 1282-300

Prykhodko O et al, (2018)

Impact of Rye Kernel-Based Evening Meal on Microbiota Composition of Young Healthy Lean Volunteers With an Emphasis on Their Hormonal and Appetite Regulations, and Blood Levels of Brain-Derived Neurotrophic Factor *Front Nutr* 2018; 5; 45

Liu H et al, (2012)

Inclusion of chicory (*Cichorium intybus* L.) in pigs' diets affects the intestinal microenvironment and the gut microbiota *Appl Environ Microbiol* 2012; 78(12); 4102-9

Hsieh MH et al, (2008)

The human microbiome and probiotics: implications for pediatrics *Curr Probl Pediatr Adolesc Health Care* 2008; 38(10); 309-27

Kerr KR et al, (2013)

Effects of dietary cooked navy bean on the fecal microbiome of healthy companion dogs *PLoS One* 2013; 8(9); e74998

Zou S et al, (2018)

Dysbiosis of gut microbiota in promoting the development of colorectal cancer *Gastroenterol Rep (Oxf)* 2018; 6(1); 1-12

Vernocchi P et al, (2017)

A Metagenomic and in Silico Functional Prediction of Gut Microbiota Profiles May Concur in Discovering New Cystic Fibrosis Patient-Targeted Probiotics *Nutrients* 2017; 9(12); 1342

Liu H et al, (2014)

Heat Shock Proteins: Intestinal Gatekeepers that Are Influenced by Dietary Components and the Gut Microbiota Pathogens 2014; 3(1); 187-210