

WYNIKI ANALIZY

Numer próbki: 6222727452

Data pobrania: 21.06.2025

Data przyjęcia: 23.06.2025

Data wydania wyniku: 09.07.2025

Zlecone przez

Jednostka zlecająca: Sklep Internetowy/Punkt Pobrań

Imię i nazwisko: brak

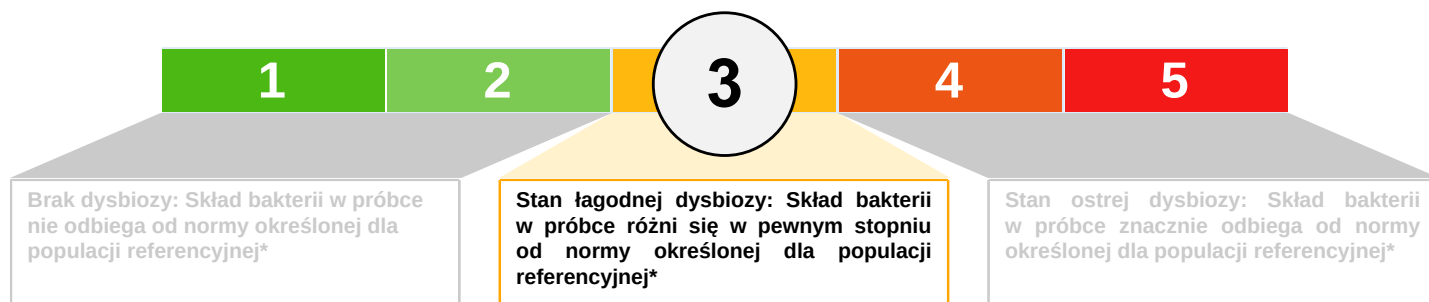
Dane pacjenta

Imię i nazwisko

Data urodzenia

INDEKS DYSBIOZY

Dysbiozę definiuje się jako stały lub przejściowy brak równowagi w składzie mikroflory jelitowej. Źródłem zaburzeń może być wzrost liczby potencjalnie szkodliwych bakterii, jak i spadek liczby bakterii komensalnych (będących w symbiozie z jelitem gospodarza). Indeks dysbiozy (ID) jest przedstawiany w skali od 1 do 5. Poniżej znajduje się wyjaśnienie skali oraz interpretacja wyników.



Wynik: Mikrobiota jest w stanie łagodnej dysbiozy

RÓŻNORODNOŚĆ

Różnorodność mikrobioty jelitowej jest definiowana jako liczba różnych gatunków bakterii w jelicie oraz ich względna obfitość. Różnorodność jest określana jako „niższa niż oczekiwano”, „nieznacznie niższa niż oczekiwano” lub „zgodna z oczekiwaniami” i jest obliczana na podstawie indeksu różnorodności Shannona.



Wynik: Różnorodność bakterii jest nieznacznie niższa niż oczekiwano

SKŁAD ILOŚCIOWY MIKROBIOTY JELITOWEJ

Poniżej przedstawiono względną liczebność 48 wcześniej wyselekcjonowanych markerów bakteryjnych. Markery bakteryjne zostały pogrupowane w kategorie i grupy na podstawie ich funkcji. Należy zaznaczyć, że jeden marker bakteryjny może należeć do wielu kategorii/grup. Bakterie zostały pogrupowane w celu ułatwienia interpretacji wyników, przypisując je do kategorii, które najbliższej odzwierciedlają ich wpływ na zdrowie człowieka.

Kategoria A. Powszechnie występujące komensalne bakterie jelitowe

Grupa	Nr.	Bakteria	Niedobór			Norma*	Nadmiar			Wynik dla grupy
			-3	-2	-1		1	2	3	
A1. Najliczniej występujące grupy bakterii jelitowych	300	Various Bacillota								✔
	206	Various Bacteroidota								
A2. Różnorodne populacje bakterii jelitowych	100	Various Actinomycetota								!
	302	Various Bacilli								
	305	Various Clostridia & Negativicutes								
	331	Various Bacillales & Lachnospirales								

A1. Dwie **najliczniejsze grupy bakterii w jelitach** to Bacillota (Firmicutes) i Bacteroidota (Bacteroidetes). Zwiększony stosunek Bacillota do Bacteroidota został powiązany z otyłością i zespołem metabolicznym, a zmniejszony stosunek Bacillota może być powiązany z IBD [2]. **Wynik: skład ilościowy bakterii w normie.**

A2. **Bakterie jelitowe są zróżnicowane.** Należy do nich wiele gatunków z różnych grup taksonomicznych. Zaburzenie w ilościach któregośkolwiek z taksonów wskazuje na zmiany w różnorodności i bogactwie gatunkowym mikrobioty jelitowej w porównaniu z profilem zdrowej populacji. **Wynik: nieznacznie zmieniony skład ilościowy bakterii względem normy.**

Kategoria B: Grupa bakterii zależna od diety bogatej w produkty zwierzęce

Grupa	Nr.	Bakteria	Niedobór			Norma*	Nadmiar		Wynik dla grupy
			-3	-2	-1	1	2	3	
B1. Grupa bakterii zależna od diety bogatej w produkty zwierzęce	201	<i>Alistipes</i> spp.				●			✓
	202	<i>Alistipes onderdonkii</i>				●			

B1. Bakterie z rodzaju *Alistipes* są odporne na działanie żółci i występują w większej ilości przy stosowaniu **diety bogatych w produkty zwierzęce** [3]. Potrafią metabolizować tryptofan do pochodnych indolu. Choć umiarkowane poziomy tych związków są korzystne, ich nadmierna produkcja może zmniejszać dostępność serotoniny – neuroprzekaźnika niezbędnego do regulacji nastroju i funkcji poznawczych [4]. Z tego powodu podwyższony poziom *Alistipes* może wiązać się z depresją [4]. Zwiększona ilość *A. onderdonkii* może również służyć jako wskaźnik wysokiej zawartości tkanki tłuszczowej i podwyższonego cholesterolu całkowitego w organizmie [5]. Natomiast, zmniejszona ilość tych bakterii związana jest ze zwiększonym stanem zapalnym, np. w niealkoholowej stłuszczeniowej chorobie wątroby (NAFLD) lub chorobie Leśniowskiego-Crohna [4, 6]. **Wynik: skład ilościowy bakterii w normie.**

Kategoria C. Niezbędne bakterie uczestniczące w odżywianiu krzyżowym

Grupa	Nr.	Bakteria	Niedobór			Norma*	Nadmiar			Wynik dla grupy
			-3	-2	-1		1	2	3	
C1. Bakterie rozkładające węglowodany złożone	205	<i>Bacteroides xylanisolvens</i>				●				!
	207	<i>Bacteroides stercoris</i>							●	
	208	<i>Bacteroides zoogloeiformans</i>				●				
	209	<i>Parabacteroides johnsonii</i>					●			
	210	<i>Parabacteroides</i> spp.						●		
	306	<i>[Clostridium] methylpentosum</i>				●				
	316	<i>[Eubacterium] siraeum</i>				●				
	323	<i>Ruminococcus bromii</i>				●				
	332	<i>[Bacteroides] pectinophilus</i>				●				
C2. Bakterie kwasu mlekowego (LAB) i probiotyki	103	<i>Bifidobacteriaceae</i>			●					!
	319	<i>Pediococcus</i> & <i>Ligilactobacillus ruminis</i>				●				
	320	<i>Lactobacillaceae</i>				●				
	321	<i>Lactobacillus acidophilus</i> & <i>L. acetotolerans</i>				●				
	325	<i>Streptococcus agalactiae</i> & <i>Blautia wexlerae</i>			●					
	326	<i>Streptococcus thermophilus</i> , <i>S. gordonii</i> & <i>S. sanguinis</i>				●				
	327	<i>Streptococcus salivarius</i> group & <i>S. mutans</i>				●				

C1. Bakterie rozkładające węglowodany złożone to mikroorganizmy, które żywią się różnymi rodzajami błonnika pokarmowego i prebiotykami, takim jak inulina, skrobia oporna czy pektyny. Związki te występują m.in. w owsie, bananach, jabłkach, czosnku i cebuli, czyli żywności o wysokiej zawartości FODMAP. Dzięki rozkładowi węglowodanów złożonych bakterie z tej grupy wspierają produkcję krótkołańcuchowych kwasów tłuszczowych (SCFA) i innych metabolitów, kluczowych dla wzajemnego odżywiania innych gatunków bakteryjnych w jelicie [5, 7]. Warto zauważyć, że wiele bakterii rozkładając węglowodany złożone w procesie fermentacji, przyczynia się do powstawania i gromadzenia gazów w jelitach, co może mieć związek ze wzdęciami i bólem brzucha [8]. **Wynik: nieznacznie zmieniony skład ilościowy bakterii względem normy.**

C2. Bakterie kwasu mlekowego (LAB) i bakterie probiotyczne wytwarzają kwas mlekowy oraz inne związki, które pomagają kontrolować rozrost bakterii patogennych, wspierają barierę jelitową, modulują układ odpornościowy i ułatwiają fermentację błonnika pokarmowego. Funkcje te są kluczowe dla zapobiegania infekcjom, zmniejszenia stanów zapalnych, produkcji składników odżywczych (zwłaszcza witamin z grupy B i K) oraz utrzymania zdrowych jelit [9]. Wiele z tych bakterii naturalnie występuje w żywności fermentowanej, np. w jogurtach oraz jest składnikiem preparatów probiotycznych. Nadmierny rozrost bakterii produkujących mleczany może sprzyjać produkcji siarczków przez bakterie redukujące siarczany, co potencjalnie szkodzi zdrowiu jelit i przyczynia się do rozwoju stanów zapalnych, takich jak zapalenie jelita grubego [11]. Dodatkowo, stosowanie inhibitorów pompy protonowej może zwiększyć ilość gatunków *Streptococcus* i *Lactobacillus* [10]. **Wynik: nieznacznie zmieniony skład ilościowy bakterii względem normy.**

Kategoria D. Bakterie przeciwzapalne

Grupa	Nr.	Bakteria	Niedobór			Norma*		Nadmiar		Wynik dla grupy
			-3	-2	-1	1	2	3		
D1. Marker integralności nabłonka jelitowego	701	<i>Akkermansia muciniphila</i>			●					!
D2. Główni producenci SCFA	304	<i>Catenibacterium mitsuokai</i>				●				!
	307	<i>Clostridium</i> sp. L2-50				●				
	308	<i>Coprobacillus cateniformis</i>				●				
	310	<i>Dialister</i> spp.				●				
	312	<i>Dorea</i> spp., <i>Blautia faecicola</i> & <i>Mediterraneibacter massiliensis</i>				●				
	313	<i>Holdemanella biformis</i>				●				
	314	<i>Anaerobutyricum hallii</i> & <i>A. soehngenii</i>				●				
	315	<i>Agathobacter rectalis</i>			●					
	317	<i>Faecalibacterium prausnitzii</i>				●				
	318	Various <i>Lachnospiraceae</i> & <i>Clostridiaceae</i>				●				
	330	Various Veillonellales, Lachnospirales & Eubacteriales			●					
	322	<i>Phascolarctobacterium faecium</i>				●				

D1. Marker integralności nabłonka jelitowego: *Akkermansia muciniphila* reguluje produkcję śluzu w nabłonku jelitowym, wspierając procesy metaboliczne i redukując stany zapalne [12]. Obniżony poziom tej bakterii jest związany z zaburzeniami metabolicznymi i chorobami układu sercowo-naczyniowego [12, 13]. Polifenole i błonnik prebiotyczny, występujące w dużej ilości w żywności tj. czerwone jagody, kakao w proszku, nasiona i orzechy, wspierają prawidłowy poziom *A. muciniphila* [14]. Podwyższona ilość tego gatunku może występować u pacjentów leczonych metforminą [15].
Wynik: nieznacznie zmieniony skład ilościowy bakterii względem normy.

D2. Bakterie produkujące SCFA (ang. krótkołańcuchowe nasycone kwasy tłuszczowe) są kluczowe do produkcji octanu, propionianu i maślanu poprzez fermentację skrobi odpornej i błonnika pokarmowego. Te krótkołańcuchowe kwasy tłuszczowe (SCFA) utrzymują integralność i funkcjonalność ściany jelita, regulują kwasowość jelit, redukują stany zapalne i ułatwiają komunikację oś jelito-mózg [16]. Maślan jest głównym źródłem energii dla kolonocytów (komórek błony śluzowej jelita grubego) i odgrywa kluczową rolę w utrzymaniu prawidłowej funkcji bariery jelitowej. Obniżony poziom bakterii produkujących maślan, m.in. *F. prausnitzii*, powoduje zaburzenia przewodu pokarmowego i stany zapalne jelit, w tym zespół jelita nadwrażliwego (IBS) oraz choroby zapalne jelit (IBD) [17]. Zmniejszony poziom jest również związany z zaburzeniami zdrowia psychicznego, takimi jak lęk i depresja, prawdopodobnie z powodu zaburzonej sygnalizacji osi jelito-mózg [18]. Bakterie produkujące SCFA przynoszą znaczące korzyści dla naszego organizmu, natomiast nadmierny ich rozrost może prowadzić do zwiększonej produkcji gazów powodując wzdęcia i dyskomfort w jamie brzusznej [8].
Wynik: nieznacznie zmieniony skład ilościowy bakterii względem normy.

Kategoria E. Bakterie prozapalne i oportunistyczne patogeny

Grupa	Nr.	Bakteria	Niedobór			Norma*			Nadmiar			Wynik dla grupy
			-3	-2	-1	1	2	3	1	2	3	
E1. Wskaźnik stanu zapalnego	324	<i>Ruminococcus gnavus</i>				●						✓
E2. Bakterie potencjalnie wirulentne (zjadliwe)	203	<i>Bacteroides fragilis</i>				●						✓
E3. Bakterie względnie beztlenowe	500	Various <i>Pseudomonadota</i>				●						✓
	502	<i>Enterobacter</i> , <i>Cronobacter</i> , <i>Citrobacter</i> & <i>Salmonella</i>				●						
	504	<i>Escherichia</i> , <i>Shigella</i> , <i>Citrobacter koseri</i>				●						
E4. Bakterie kolonizujące jamę ustną	101	Various <i>Actinomycetaceae</i> & <i>Corynebacteriaceae</i>			●							✓
	311	<i>Dialister invisus</i> & <i>Megasphaera micronuciformis</i>				●						
	328	<i>Streptococcus mitis</i> group				●						
	329	<i>Streptococcus viridans</i> group				●						
E5. Bakterie dróg moczowo-płciowych, oddechowych i skórne	501	<i>Acinetobacter junii</i>				●						✓
	601	<i>Metamycoplasma</i> spp.				●						

E1. *Ruminococcus gnavus*, obecnie klasyfikowany jako *Mediterraneibacter gnavus*, jest uznawany za marker chorób związanych ze stanem zapalnym i jest **wskaźnikiem zapalenia**. Bakteria ta wytwarza cząsteczki prozapalne podczas rozkładu mucyn, co może osłabiać barierę śluzówki jelita, czyniąc głębsze jej warstwy podatnymi na patogeny oportunistyczne i toksyny [19]. **Wynik: skład ilościowy bakterii w normie.**

E2. **Potencjalnie wirulentne:** Niektóre szczepy *Bacteroides fragilis* produkują czynniki zjadliwości, np. toksyna *Bacteroides fragilis* (BFT), które mogą zaburzać połączenia komórek nabłonkowych, zwiększać przepuszczalność jelit i wywoływać stan zapalny [20]. U pacjentów z IBS zwiększona ilość tego markera może wiązać się z lepszą odpowiedzią na dietę o małej zawartości FODMAP. **Wynik: skład ilościowy bakterii w normie.**

E3. **Bakterie względnie beztlenowe** to bakterie tolerujące i rosnące w środowisku z dostępem tlenu. W okrężnicy panują warunki ściśle beztlenowe. Wzrost poziomu bakterii względnie beztlenowych, połączony ze spadkiem innych grup bakterii, może wskazywać na dostęp tlenu w jelitach, co może sugerować stan zapalny i utajone krwawienie jelitowe [22]. **Wynik: skład ilościowy bakterii w normie.**

E4. **Bakterie kolonizujące jamę ustną.** Zwiększony skład ilościowy tych bakterii w kale może wskazywać na zubożenie mikrobioty jelitowej lub kolonizację jelit bakteriami jamy ustnej, co może być związane z chorobami dziąseł lub zaburzeniami równowagi mikrobiologicznej w obszarze jama ustna-jelito [23]. **Wynik: skład ilościowy bakterii w normie.**

E5. Obecność w kale **bakterii kolonizujących drogi moczowo-płciowe, drogi oddechowe i skórę** może być powiązana z zakażeniami szpitalnymi, typowymi dla osób z obniżoną odpornością. Często wiąże się także z zakażeniami dróg moczowych [24, 25]. **Wynik: skład ilościowy bakterii w normie.**

GA-map[®] Dysbiosis Test – WYJAŚNIENIE RAPORTU

Wyniki w tym raporcie zostały wygenerowane przy użyciu zestawu odczynników GA-map[®] Dysbiosis Test Lx v2 (nr części 1001, Genetic Analysis AS, Norwegia).

Test dysbiozy GA-map[®] jest narzędziem do analizy DNA mikrobioty jelitowej z kału w celu identyfikacji i charakterystyki dysbiozy u osób dorosłych. Wyniki badań klinicznych potwierdzają, że stan łagodnej dysbiozy (ID 3) występuje u 16% zdrowej populacji [1]. W grupie pacjentów z zespołem jelita drażliwego (IBS) oraz z nieswoistym zapaleniem jelit (IBD) właściwy profil bakteryjny (ID 1-2) występuje u około 20-30% badanych, podczas gdy około 70-80% osób ma profil bakteryjny wykraczający poza normę (ID > 2) [1]. U pacjentów z IBD notuje się zwykle większy stopień dysbiozy niż u pacjentów z IBS (ID 4-5) [1].

TABELA LICZEBNOŚCI WYSELEKCJONOWANYCH MARKERÓW BAKTERII

Wyniki analizy przedstawiono w przystępnej tabeli zawierającej 48 wybranych markerów bakteryjnych. Niektóre markery są specyficzne dla jednego wybranego gatunku bakterii (np. *Akkermansia muciniphila*), podczas gdy inne obejmują większą grupę bakterii (np. typ, Proteobakterie). Wyselekcjonowane do panelu bakterie mają duże znaczenie dla zdrowia, a ich rola w zaburzeniach czynności jelitowych jest potwierdzona badaniami zarówno laboratoryjnymi jak i klinicznymi. Wyniki są określane jako  (zgodne z normą),  (nieznacznie zmienione) lub  (zmienione) i pokazują w jakim stopniu mikrobiota pacjenta jest zbliżona do zdrowej populacji referencyjnej GA-map[®].

Kategoria D. Bakterie przeciwzapalne

Grupa	Nr.	Bakteria	-3	-2	-1	Norma*	1	2	3	Wynik dla grupy
D1. Marker integralności nabłonka jelitowego	701	<i>Akkermansia muciniphila</i>								

Mapa kolorów dla tabeli wyników składu ilościowego mikrobioty jelitowej:



Brak dysbiozy



Niewielki związek ze zwiększonym wynikiem ID



Umiarkowany związek ze zwiększonym wynikiem ID



Wysoki związek ze zwiększonym wynikiem ID

- o Czarny punkt przedstawia skład ilościowy markerów bakteryjnych próbki pacjenta
- o Każdy marker posiada swój niepowtarzalny numer identyfikacyjny (np. ID: 701 - *Akkermansia muciniphila*)
- o Zakres wykrywalności dla każdej bakterii jest oznaczony jako kolorowe pole (zielone, pomarańczowe i czerwone)
- o Ciemnozielone pola oznaczają zakres ilościowy bakterii występujący u zdrowej populacji referencyjnej*
- o Zakres wykrywalności dla każdej bakterii jest oznaczony jako kolorowe pole (od zielonego do czerwonego)
- o Bezbarwne pola oznaczają poziomy wykraczające poza zakres wykrywalności dla danej bakterii

BAKTERIE JELITOWE CZŁOWIEKA OZNACZANE PRZEZ MARKERY BAKTERYJNE O SZERKOIM SPEKTRUM (Ang. Various - Różne)

Nr.	Bakteria	Rodzaje bakterii oznaczanych przez wskazany marker
300	Various Bacillota	<i>Oscillibacter</i> , <i>Dysosmobacter</i> , <i>Phascolarctobacterium</i> , <i>Lawsonibacter</i> , <i>Coprobaecillus</i> , <i>Flintibacter</i> , <i>Acidaminococcus</i> , <i>Intestinimonas</i> , <i>Enterococcus</i> , <i>Mitsuokella</i> , <i>Negativibacillus</i> , <i>Allisonella</i> , <i>Longicatena</i> , etc.
206	Various Bacteroidota	<i>Bacteroides</i> , <i>Phocaeicola</i> , <i>Prevotella</i> , <i>Mediterranea</i> , etc.
100	Various Actinomycetota	<i>Bifidobacterium</i> , <i>Actinomyces</i> , <i>Arcanobacterium</i> , <i>Winkia</i> , <i>Alloscardovia</i> , <i>Gardnerella</i> , <i>Kocuria</i> , <i>Rothia</i> , <i>Microbacterium</i> , etc.
302	Various Bacilli	<i>Streptococcus</i> , <i>Enterococcus</i> , <i>Lactococcus</i> , <i>Lactobacillus</i> , <i>Staphylococcus</i> , <i>Latilactobacillus</i> , <i>Bacillus</i> , <i>Granulicatella</i> , <i>Ligilactobacillus</i> , <i>Paenibacillus</i> , <i>Psychrobacillus</i> , <i>Cytobacillus</i> , etc.
305	Various Clostridia & Negativicutes	<i>Clostridium</i> , <i>Anaerostipes</i> , <i>Intestinibacter</i> , <i>Romboutsia</i> , <i>Megasphaera</i> , <i>Monoglobus</i> , <i>Mitsuokella</i> , <i>Veillonella</i> , <i>Frisingicoccus</i> , <i>Negativicoccus</i> , <i>Colibacter</i> , <i>Paeniclostridium</i>
331	Various Bacillales & Lachnospirales	<i>Lachnospira</i> , <i>Staphylococcus</i> , <i>Christensenella</i> , <i>Eubacterium</i> , <i>Bacillus</i> , <i>Alkalihalobacillus</i> , <i>Psychrobacillus</i> , <i>Anaerostipes</i> , <i>Cytobacillus</i> , <i>Peribacillus</i> , <i>Priestia</i> , <i>Rosellomorea</i> , <i>Virgibacillus</i> , etc.
318	Various Lachnospiraceae & Clostridiaceae	<i>Blautia</i> , <i>Fusicatenibacter</i> , <i>Roseburia</i> , <i>Coprococcus</i> , <i>Anaerobutyricum</i> , <i>Butyrivibrio</i> , <i>Tyzzerella</i> , <i>Butyribacter</i> , <i>Pararoseburia</i> , <i>Lachnoclostridium</i> , <i>Enterocloster</i> , <i>Hungatella</i> , <i>Anaerostipes</i> , etc.
330	Various Veillonellales, Lachnospirales & Eubacteriales	<i>Roseburia</i> , <i>Dialister</i> , <i>Veillonella</i> , <i>Megasphaera</i> , etc.
500	Various Pseudomonadota	<i>Shigella</i> , <i>Escherichia</i> , <i>Salmonella</i> , <i>Enterobacter</i> , <i>Bilophila</i> , <i>Haemophilus</i> , <i>Klebsiella</i> , <i>Citrobacter</i> , <i>Desulfovibrio</i> , <i>Pantoea</i> , <i>Leclercia</i> , <i>Lelliottia</i> , <i>Proteus</i> , etc.

1. C. Casén, Vebø HC, Sekelja M, Hegge FT, Karlsson MK, Ciemniewska E, Dzankovic S, Frøyland C, Nestestog R, Engstrand L, Munkholm P, Nielsen OH, Rogler G, Simrén M, Öhman L, Vatn MH, Rudi K. Deviations in human gut microbiota: a novel diagnostic test for determining dysbiosis in patients with IBS or IBD. *Aliment Pharmacol Ther.* 2015 Jul;42(1):71-83. doi: 10.1111/apt.13236. Epub 2015 May 14. PMID: 25973666; PMCID: PMC5029765.
2. S. Stojanov, A. Berlec, and B. Štrukelj, "The Influence of Probiotics on the Firmicutes/Bacteroidetes Ratio in the Treatment of Obesity and Inflammatory Bowel disease," *Microorganisms*, vol. 8, no. 11, 2020, doi: 10.3390/microorganisms8111715.
3. L. A. David et al., "Diet rapidly and reproducibly alters the human gut microbiome," *Nature*, vol. 505, no. 7484, pp. 559–563, 2014, doi: 10.1038/nature12820.
4. B. J. Parker, P. A. Wearsch, A. C. M. Veloo, and A. Rodriguez-Palacios, "The Genus *Alistipes*: Gut Bacteria With Emerging Implications to Inflammation, Cancer, and Mental Health," *Front Immunol*, vol. 11, 2020, [Online]. Available: <https://www.frontiersin.org/journals/immunology/articles/10.3389/fimmu.2020.00906>
5. L. Gaundal et al., "Gut microbiota is associated with dietary intake and metabolic markers in healthy individuals," *Food Nutr Res*, vol. 66, 2022.
6. A. Strömbeck et al., "Fecal microbiota composition is linked to the postoperative disease course in patients with Crohn's disease," *BMC Gastroenterol*, vol. 20, no. 1, p. 130, 2020, doi: 10.1186/s12876-020-01281-4.
7. H. J. Flint, K. P. Scott, S. H. Duncan, P. Louis, and E. Forano, "Microbial degradation of complex carbohydrates in the gut," *Gut Microbes*, vol. 3, no. 4, pp. 289–306, Jul. 2012, doi: 10.4161/gmic.19897.
8. E. Mutuyemungu, M. Singh, S. Liu, and D. J. Rose, "Intestinal gas production by the gut microbiota: A review," *J Funct Foods*, vol. 100, p. 105367, 2023, doi: <https://doi.org/10.1016/j.jff.2022.105367>.
9. M. Gryaznova et al., "Changes in the Human Gut Microbiome Caused by the Short-Term Impact of Lactic Acid Bacteria Consumption in Healthy People," *Probiotics Antimicrob Proteins*, vol. 16, no. 4, pp. 1240–1250, 2024, doi: 10.1007/s12602-023-10111-4.
10. M. Hojo et al., "Gut Microbiota Composition Before and After Use of Proton Pump Inhibitors," *Dig Dis Sci*, vol. 63, no. 11, pp. 2940–2949, 2018, doi: 10.1007/s10620-018-5122-4.
11. P. Marquet, S. H. Duncan, C. Chassard, A. Bernalier-Donadille, and H. J. Flint, "Lactate has the potential to promote hydrogen sulphide formation in the human colon," *FEMS Microbiol Lett*, vol. 299, no. 2, pp. 128–134, Oct. 2009, doi: 10.1111/j.1574-6968.2009.01750.x.
12. V. F. Rodrigues et al., "Akkermansia muciniphila and Gut Immune System: A Good Friendship That Attenuates Inflammatory Bowel Disease, Obesity, and Diabetes," *Front Immunol*, vol. 13, 2022, [Online]. Available: <https://www.frontiersin.org/journals/immunology/articles/10.3389/fimmu.2022.934695>.
13. A. P. Lakshmanan, S. Murugesan, S. Al Khodor, and A. Terranegra, "The potential impact of a probiotic: *Akkermansia muciniphila* in the regulation of blood pressure—the current facts and evidence," *J Transl Med*, vol. 20, no. 1, p. 430, 2022, doi: 10.1186/s12967-022-03631-0.
14. M. C. Rodríguez-Daza and W. M. de Vos, "Polyphenols as Drivers of a Homeostatic Gut Microecology and Immuno-Metabolic Traits of *Akkermansia muciniphila*: From Mouse to Man," *Int J Mol Sci*, vol. 24, no. 1, 2023, doi: 10.3390/ijms24010045.
15. K. Zhou, "Strategies to promote abundance of *Akkermansia muciniphila*, an emerging probiotics in the gut, evidence from dietary intervention studies," *J Funct Foods*, vol. 33, pp. 194–201, 2017, doi: <https://doi.org/10.1016/j.jff.2017.03.045>.
16. W. Fusco et al., "Short-chain fatty-acid-producing bacteria: key components of the human gut microbiota," *Nutrients*, vol. 15, no. 9, p. 2211, 2023.
17. M. Parsaei, N. Sarafraz, S. Y. Moaddab, and H. Ebrahimzadeh Leylabadlo, "The importance of *Faecalibacterium prausnitzii* in human health and diseases," *New Microbes New Infect*, vol. 43, p. 100928, 2021, doi: <https://doi.org/10.1016/j.nmni.2021.100928>.
18. Z. Hao, W. Wang, R. Guo, and H. Liu, "*Faecalibacterium prausnitzii* (ATCC 27766) has preventive and therapeutic effects on chronic unpredictable mild stress-induced depression-like and anxiety-like behavior in rats," *Psychoneuroendocrinology*, vol. 104, pp. 132–142, 2019, doi: <https://doi.org/10.1016/j.psyneuen.2019.02.025>.
19. J. Hong et al., "An Update on the Role and Potential Molecules in Relation to *Ruminococcus gnavus* in Inflammatory Bowel Disease, Obesity and Diabetes Mellitus," *Diabetes, Metabolic Syndrome and Obesity*, vol. 17, no. null, pp. 1235–1248, Dec. 2024, doi: 10.2147/DMSO.S456173.
20. E. Valguarnera and J. B. Wardenburg, "Good Gone Bad: One Toxin Away From Disease for *Bacteroides fragilis*," *J Mol Biol*, vol. 432, no. 4, pp. 765–785, 2020, doi: <https://doi.org/10.1016/j.jmb.2019.12.003>.
21. J. Valeur, M. C. Småstuen, T. Knudsen, G. A. Lied, and A. G. Røseth, "Exploring Gut Microbiota Composition as an Indicator of Clinical Response to Dietary FODMAP Restriction in Patients with Irritable Bowel Syndrome," *Dig Dis Sci*, vol. 63, no. 2, pp. 429–436, 2018, doi: 10.1007/s10620-017-4893-3.
22. Y. Litvak, M. X. Byndloss, R. M. Tsois, and A. J. Bäuml, "Dysbiotic Proteobacteria expansion: a microbial signature of epithelial dysfunction," *Curr Opin Microbiol*, vol. 39, pp. 1–6, 2017, doi: <https://doi.org/10.1016/j.mib.2017.07.003>.
23. B. J. Kunath, C. De Rudder, C. C. Laczny, E. Letellier, and P. Wilmes, "The oral–gut microbiome axis in health and disease," *Nat Rev Microbiol*, vol. 22, no. 12, pp. 791–805, 2024, doi: 10.1038/s41579-024-01075-5.
24. Y.-T. Hung et al., "Clinical characteristics of patients with *Acinetobacter junii* infection," *J Microbiol Immunol Infect*, vol. 42, no. 1, pp. 47–53, 2009, [Online]. Available: <http://europepmc.org/abstract/MED/19424558>.
25. J. Ahmed, J. Rawre, N. Dhawan, N. Khanna, and B. Dhawan, "*Mycoplasma hominis*: An under recognized pathogen," *Indian J Med Microbiol*, vol. 39, no. 1, pp. 88–97, 2021, doi: <https://doi.org/10.1016/j.ijmmb.2020.10.020>.