

送檢單位：OO 醫院

報告編號：NGSM-250901001

檢測項目：次世代基因腸道菌叢分析檢測

客戶名稱：陳 OO(123456)

精準醫療領航者

**The leader of
precision medicine**



光晟健康集團

BioRay Biotech Inc. 光晟生物科技中心

台南市善化區大利二路1號(台南科學工業園區)

06-505-2755

目錄

1. 基本資料.....	2
2. 分析總覽.....	3
3. 腸道年齡分析.....	4
4. 定殖益生菌分析.....	5
5. 腸型飲食分析.....	6
6. 維生素合成代謝菌種.....	7
7. 短鏈脂肪酸合成能力分析.....	8
8. 疾病腸道菌指標.....	9
9. 伺機致病菌.....	14
10. 參考文獻.....	16

1. 基本資料

姓名	陳 OO	報告編號	NGSM-250901001
出生年月日	2025/01/01	檢測日	2025/09/01

敬愛的客戶您好—

腸道菌叢是一個高度複雜且動態的微生物生態系統，由數以兆計的細菌、病毒、真菌及其他微生物組成，在營養吸收、代謝調控、免疫系統發育與調節中發揮著至關重要的作用，對人體健康的維持不可或缺。近年來，越來越多的研究顯示，腸道菌叢的平衡和多樣性與肥胖、糖尿病等慢性疾病以及腸胃不適疾病如腸躁症、便秘有著密切的聯繫。因此，精準分析腸道菌叢的組成及功能成為健康管理的重要基礎。

光晟生物科技股份有限公司深耕腸道健康領域，致力於開發創新的腸道健康檢測與管理技術。我們採用了先進的高通量基因測序技術，結合大數據分析，提供針對腸道菌叢的精確解析，涵蓋腸道年齡評估、腸道菌群的代謝功能以及慢性病和腸胃不適相關指標的檢測。為確保檢測結果的準確性，我們採用了專門設計的保存液，能快速固定菌群結構，避免樣本因暴露於好氧環境而導致的菌群變化。此技術確保了每一份樣本的真實性，為分析結果的準確性提供了可靠保障。

透過這一技術，光晟生物科技的腸道健康檢測服務能精確評估個體腸道菌叢的多樣性及代謝參與情況，揭示腸道菌群與慢性病風險、腸胃不適以及其他健康問題之間的聯繫。例如，透過檢測與腸胃疾病相關的菌種，我們能提供有針對性的健康建議，幫助客戶改善腸道健康。同時，慢性病風險評估則利用特定菌種的比例和功能特徵，協助客戶提前預防可能的健康問題。

本報告將綜合介紹腸道菌叢的基礎知識、最新科學進展及其應用價值，並詳細說明光晟生物科技在腸道健康檢測與技術創新中的突破性成果。我們希望藉由這些數據與洞察，不僅為研究社群提供有價值的參考，也為客戶提供個性化的健康管理方案，提升整體生活品質。

2. 分析總覽

腸道年齡



多樣性指標



已定殖常見益生菌



飲食習慣調整建議



建議補充維生素



短鏈脂肪酸合成能力



伺機致病菌



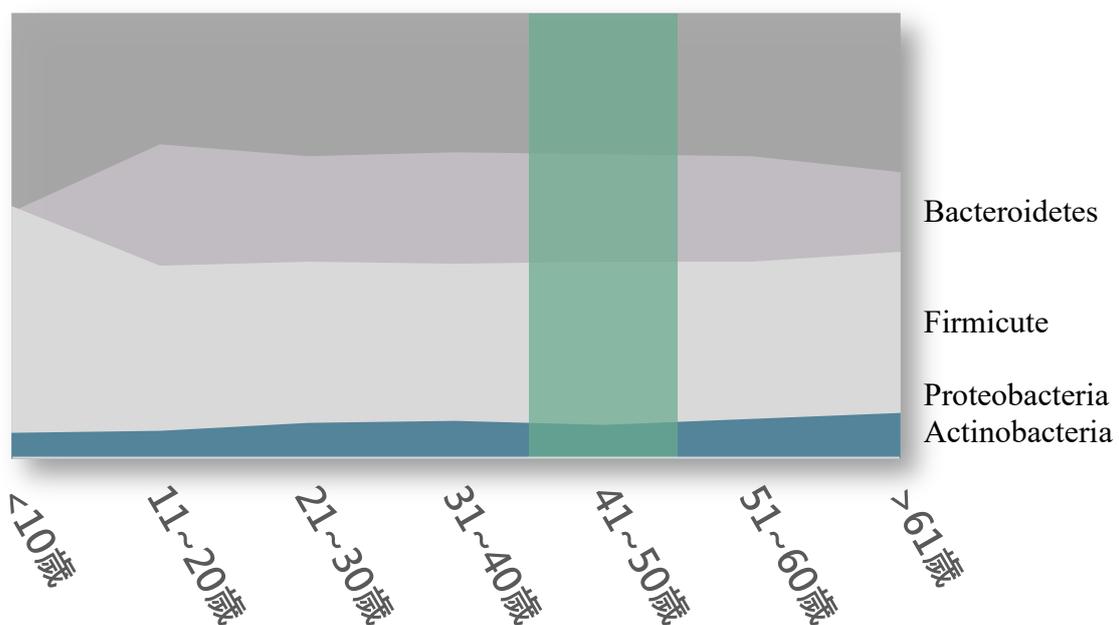
疾病相關菌



3. 腸道年齡分析

腸道菌群組成會隨著年齡發生顯著變化，反映不同年齡階段的生理狀態與代謝需求。正常情況下放線菌門 (Actinobacteria) 在青少年階段 (10-20 歲) 達到最高，隨著年齡增長逐漸下降，顯示其在年輕時對腸道穩定性的重要性，特別是雙歧桿菌。厚壁菌門 (Firmicutes) 在年輕階段 (20-30 歲) 比例較高，隨後逐漸下降，可能與能量吸收及脂肪代謝需求的變化有關。而擬桿菌門 (Bacteroidetes) 的比例則會隨年齡增加逐漸上升，特別在 30-40 歲最為明顯，反映出碳水化合物代謝在中年階段的重要性。變形菌門 (Proteo-bacteria) 則隨年齡增加逐漸上升，尤其在 40 歲後更為顯著，這可能與腸道微生態失衡、慢性發炎及腸道屏障功能下降有關。藉由放線菌門、厚壁菌門、擬桿菌門與變形菌門的比例，可以反映腸道年齡變化與健康狀態的潛在關聯。

預估腸道年齡區間(綠色區塊)：



4. 定殖益生菌分析

指標菌種	菌種介紹	比例	結果
嗜酸乳酸桿菌 <i>Lactobacillus acidophilus</i>	簡稱A菌、為應用歷史悠久的益生菌，能產生強力的有機酸、能有效對抗與抑制壞菌增長，增強免疫力、維持陰道菌群平衡，具有一定的抗癌效果。	<0.001	未定殖
植物乳酸桿菌 <i>Lactobacillus plantarum</i>	在胃中存活時間較久，幫忙調節免疫功能，保持腸道通透、抑制產氣細菌生長，用於預防壞死性腸炎。	<0.001	未定殖
加氏乳酸桿菌 <i>Lactobacillus gasseri</i>	在胃中存活時間較久，幫忙調節免疫功能，抑制病原微生物，使腸道細菌保持平衡，避免壞菌增生。	<0.001	未定殖
副乾酪乳桿菌 <i>Lactobacillus paracasei</i>	在胃中存活時間較久，幫忙調節免疫功能，抑制病原微生物，使腸道細菌保持平衡，避免壞菌增生。	0.001	已定殖
唾液乳酸桿菌 <i>Lactobacillus salivarius</i>	存在於口腔與小腸中，產生乳酸，耐胃酸、膽鹼；可幫助腸道內的動態平衡，有助於維持消化道機能。	<0.001	未定殖
洛德乳酸桿菌 <i>Lactobacillus reuteri</i>	應用於改善自體免疫疾病之用途，經過實驗證實能有效促進免疫細胞分泌IL-10，使長期處於發炎狀態的身體回歸正常平衡。	0.001	已定殖
鼠李糖乳酸桿菌 <i>Lactobacillus rhamnosus</i>	母親於懷孕與哺乳時補充，可預防嬰兒過敏性皮膚炎的發生；能抑制沾附於陰道和尿道的致病菌。	<0.001	未定殖
約氏乳酸桿菌 <i>Lactobacillus johnsonii</i>	促進INF- γ 及IL-12 分泌和減少IgE 抗體、嗜伊紅白血球數量，達到改善過敏體質、調節免疫功能。	<0.001	未定殖
雙叉乳桿菌 <i>Bifidobacterium bifidum</i>	定殖力強，抑制腸道致病菌(金黃色葡萄球菌、李斯特菌)、用於預防壞死性腸炎。	0.003	已定殖
比菲德氏龍根菌 <i>Bifidobacterium longum</i>	抑制大腸桿菌、胃幽門桿菌，改善腸胃道的發炎性疾病；調節Th2細胞免疫反應，有效的改善因花粉引起的過敏症狀。	0.177	已定殖

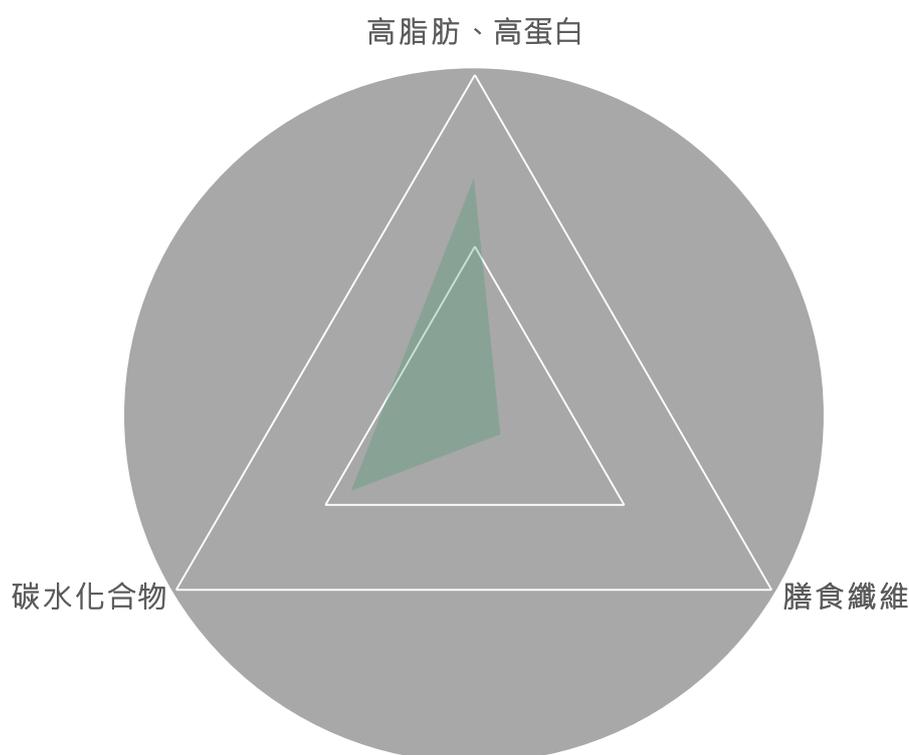
5. 腸型飲食分析

依統計分類為三型，腸型分析主要是提供個人當前飲食與生活習慣的一項指標，並非對應的體態，建議維持三者平衡的飲食型態，以維持良好的腸道菌叢與健康狀態，可以半年至一年固定追蹤自己的腸型變化。

Bacteroides 分解動物蛋白和脂肪，幫助宿主消化複雜的脂肪和蛋白質。

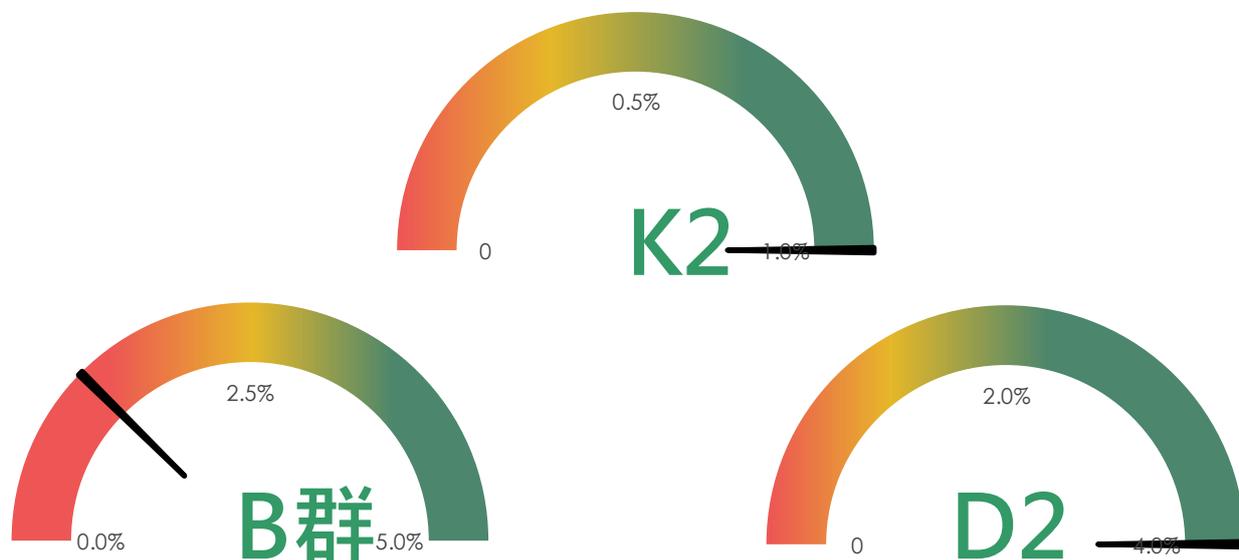
Prevotella 有助於分解膳食纖維和多醣，生成短鏈脂肪酸（如丙酸），促進腸道健康。

Ruminococcus 會幫助細胞吸收醣類，可能對體重增加有相關。



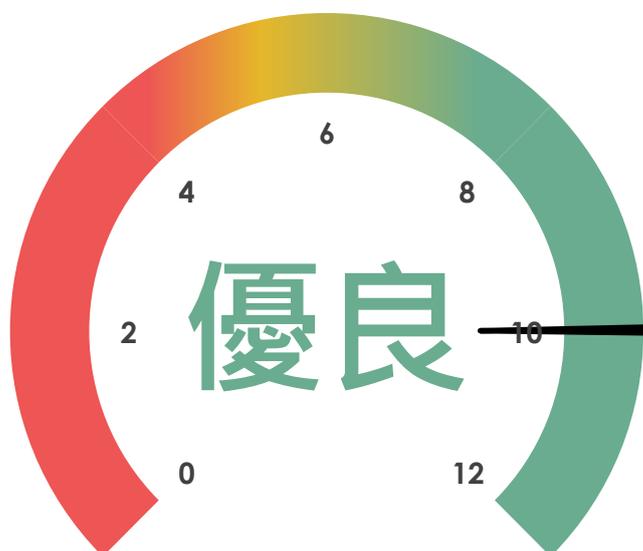
指標菌種	菌種占比	代表飲食	飲食攝取建議
<i>Bacteroides</i>	45.809 (35%-65%)	高脂肪、高蛋白	維持現行比例
<i>Prevotella</i>	3.604 (20%-40%)	膳食纖維	補充比例
<i>Ruminococcus</i>	0.826 (1%-2%)	碳水化合物	補充比例

6. 維生素合成代謝菌種



指標菌種	菌種介紹	比例
<i>Lactobacillaceae</i>	合成維生素B12並幫助葉酸代謝	0.013
<i>Propionibacterium freudenreichii</i>	合成維生素B12並幫助維生素B2代謝	<0.001
<i>Akkermansia muciniphila</i>		0.015
<i>Bifidobacterium animalis</i>		<0.001
<i>Bifidobacterium infantis</i>	協助維生素B群及葉酸的代謝	<0.001
<i>Bifidobacterium bifidum</i>		0.003
<i>Bifidobacterium longum</i>		0.177
<i>Escherichia coli</i>		0.022
<i>Clostridium butyricum</i>		<0.001
<i>Bacteroides uniformis</i>	參與維生素K2及維生素B群的合成	0.952
<i>Bacteroides stercoris</i>		0.038
<i>Faecalibacterium prausnitzii</i>	飲食中的維生素D2可提升腸道屏障功能，間接促進 <i>F. prausnitzii</i> 的豐度，可藉此評估飲食中維生素D2攝取量。	6.177

7. 短鏈脂肪酸合成能力分析



指標菌種	菌種介紹	比例
<i>Lactobacillus</i>		0.013
<i>Faecalibacterium prausnitzii</i>	<p>短鏈脂肪酸 (Short chain fatty acids, SCFAs) 是腸道菌群發酵膳食纖維產生的代謝物，包括乙酸、丙酸和丁酸。它們對維持腸道健康和全身代謝至關重要。丁酸是結腸上皮細胞的主要能量來源，促進腸道屏障完整性並減少腸漏現象；丙酸和乙酸則參與肝臟和外周組織的能量代謝，幫助穩定血糖和調節脂質代謝。此外，SCFAs還具有抗炎功能，調控調節性T細胞生成並減少腸道炎症，對免疫系統和腦腸軸健康產生深遠影響。</p> <p>腸道菌叢的結構和多樣性直接影響SCFAs的生成。厚壁菌門 (如 <i>F. prausnitzii</i> 和 <i>A. muciniphila</i>) 及乳酸菌門 (<i>Lactobacillus</i> spp.) 是主要的SCFAs生產菌。膳食纖維的充足攝入促進有益菌生長，增加SCFAs生成，維持腸道平衡。腸道菌群失衡或纖維攝入不足會導致SCFAs水平下降，影響腸道屏障和代謝健康。</p>	6.177
<i>Bifidobacterium bifidum</i>		0.003
<i>Bifidobacterium breve</i>		0.017
<i>Eubacterium rectale</i>		<0.001
<i>Lactobacillaceae</i>		0.013
<i>Akkermansia muciniphila</i>		0.015
<i>Ruminococcaceae</i>		20.625
<i>Lachnospiraceae</i>		14.564
<i>Coprococcus catus</i>		0.002
<i>Coprococcus comes</i>		<0.001
<i>Coprococcus eutactus</i>	0.001	

8. 疾病腸道菌指標

一、肥胖

風險菌種	菌種介紹	比例	結果
<i>Blautia hydrogenotrophica</i>	主要幫助吸收熱量，許多的研究顯示會顯著增加於肥胖者。	<0.001	低風險 (<0.001)
<i>Ruminococcus bromii</i>	在亞洲族群的研究肥胖者會顯著的增加。	0.001	低風險 (<0.100)
<i>Firmicutes</i>	主要幫助吸收熱量，許多的研究顯示會顯著增加於肥胖者。	39.582	低風險 (<40.000)
<i>Parabacteroides distasonis</i>	台灣族群的研究顯示，是肥胖(BMI \geq 27)與正常(18.5 \leq BMI<24)的指標性菌種。	4.254	低風險 (<5.000)
有益菌種	菌種介紹	比例	結果
<i>Akkermansia muciniphila</i>	AKK夠附著在腸細胞上，增強上皮完整性，並通過其類菌毛蛋白節免疫反應和腸道屏障功能。此外，AKK的細胞外囊泡可調節緊密連接，影響腸道通透性。一些研究指出，AKK的一種蛋白質能刺激GLP-1分泌，進而改代謝健康。	0.015	低風險 (>0.001)

二、糖尿病及併發症

風險菌種	菌種介紹	比例	結果
<i>Bacteroides ovatus</i>	在Cellular & Molecular Immunology發表的原創研究中指出，B.ovatus是從單純性肥胖進展為糖尿病的重要腸道菌群。	2.177	高風險 (≥ 0.500)
<i>Prevotella Copri</i>	研究顯示此二菌種可生成支鏈胺基酸，並伴隨胰島素的抗性增加，顯著增加於台灣族群糖尿病患者。	0.003	低風險 (< 10.000)
<i>Bacteroides vulgatus</i>		19.395	高風險 (≥ 10.000)
<i>Klebsiella pneumoniae</i>	重要的感染性病原菌，大部分人體內都有肺炎克雷伯氏菌(Klebsiella pneumoniae)，但血糖控制不佳的糖尿病患者，易引發KP菌嚴重感染，變成重症，危及生命。	0.077	高風險 (≥ 0.010)
<i>Eggerthella lenta</i>	Eggerthella lenta菌血症最常見的潛在健康情況是實體癌或血液器官癌、糖尿病和心血管疾病。而所有這些患者的主要感染源是胃腸道、皮膚和軟組織和膿腫。	0.001	高風險 (≥ 0.001)
有益菌種	菌種介紹	比例	結果
<i>Bacteroides uniformis</i>	Bacteroides uniformis在腸道中具有多種功能和代謝活性。它們參與葡萄糖和其他碳水化合物的代謝，多項研究發現該菌的比例與血糖特征呈負相關。	0.952	低風險 (> 0.001)

三、肝硬化/非酒精性脂肪肝

風險菌種	菌種介紹	比例	結果
<i>Proteobacteria</i>	代謝異常相關脂肪肝病與脂肪肝炎病患，某些腸道菌或會顯著較健康人來得多。另外在代謝異常相關脂肪肝病進展過程中，也會出現增加與減少之情形。	9.060	低風險 (<10.000)
<i>Fusobacteria</i>	與大腸直腸癌相關的致病菌、同樣在亞洲NAFLD患者會有增加的情形。	0.135	高風險 (≥ 0.001)
<i>Ruminococcus</i>	在NAFLD患者會有增加的情況，並伴隨NAFLD轉變成NASH非酒精性脂肪肝炎而增加。	0.826	高風險 (≥ 0.001)

四、心血管疾病

風險菌種	菌種介紹	比例	結果
<i>Collinsella</i>	瘤胃球菌科、理研菌科、梭菌科及柯林斯菌	0.203	高風險 (≥ 0.001)
<i>Ruminococcus</i>	(<i>Collinsella aerofacien</i>)的多樣性和脈搏波速度呈正相關，也確認了女性體內，若腸道微生物多樣性越低，動脈僵硬程度越高。	0.826	低風險 (<2.000)
<i>Rikenellaceae</i>		<0.001	低風險 (<0.001)
<i>Porphyromonas gingivalis</i>	<i>Porphyromonas gingivalis</i> 感染血管內皮細胞，導致細胞產生IL-6增加，在動物實驗中也發現 <i>Porphyromonas gingivalis</i> 會使血管平滑肌細胞移行，巨噬細胞大量堆積在血管內皮下空間，加劇動脈粥狀硬化之情形。	<0.001	低風險 (<0.001)
<i>Desulfovibrio desulfuricans</i>	可將膽鹼類物質代謝為三甲胺trimethyl amine(TMA)，TMA會再轉變成氧化三甲胺TMAO促進動脈硬化生成。	<0.001	低風險 (<0.001)
<i>Enterobacteriaceae</i>	下轄涵蓋許多的病原菌屬，大規模的研究顯示，在心血管疾病患者會顯著的增加。	0.050	低風險 (<0.050)

五、慢性疲勞症候群

風險菌種	菌種介紹	比例	結果
<i>Ruminococcus gnavu</i>	糞便內的R. gnavu和C. bolteae已被證實與自閉症以及一些自體免疫和異位性疾病有關聯。在多發性硬化症中，糞便C. bolteae的數量與疲勞呈正相關。	0.096	低風險 (<0.201)
<i>Clostridium bolteae</i>		<0.001	低風險 (<0.001)
<i>Coprobacillus</i>	特定腸道菌群的改變可能與慢性疲勞症的發展有關，而 Coprobacillus 和 Eggerthelia 的增加可能會加重患者的疲勞症狀。這些菌種可能通過改變腸道的代謝產物和免疫反應來影響身體的整體狀態，從而促進疲勞感的發生。	0.001	低風險 (<5.000)
<i>Eggerthella</i>		0.001	低風險 (<1.000)
有益菌種	菌種介紹	比例	結果
<i>Faecalibacterium prausnitzii</i>		6.177	低風險 (≥ 2.000)
<i>Coprococcus</i>	腸道內的 F. prausnitzii、Coprococcus、Roseburia 和 Odoribacter 被認為是具抗炎作用的益生菌群，在維持腸道健康和免疫平衡方面發揮重要作用。研究表明，這些菌群的減少可能與慢性疲勞症候群 (CFS) 的發生有一定關聯。	1.995	低風險 (≥ 0.001)
<i>Roseburia</i>		1.585	高風險 (<2.000)
<i>Odoribacter</i>		0.001	高風險 (<0.100)

六、消化道癌症

風險菌種	菌種介紹	比例	結果
<i>Bacteroides fragilis</i>	研究顯示，會著大腸直腸癌的演變，而有逐漸增加的趨勢。	0.037	高風險 (≥ 0.001)
<i>Bacteroides massiliensis</i>	研究顯示，會著大腸直腸癌的演變，而有逐漸增加的趨勢。	0.001	低風險 (< 0.110)
<i>Fusobacterium nucleatum</i>	許多的研究顯示，在大腸直腸癌患者顯著的增加，並與化療抗藥性有關。	< 0.001	低風險 (< 0.001)
<i>Streptococcus bovis</i>	最早被研究發現與大腸直腸有關促進發炎與癌化，與大腸直腸癌的早期增長有關。	0.001	低風險 (< 0.010)
<i>Clostridium septicum</i>	研究指出，當身體中檢測到 <i>Clostridium septicum</i> 的感染時，應考慮進行腫瘤篩查，因為它常被認為是一種「癌症標誌」細菌。特別是在結腸癌患者中，這種細菌的存在可能意味著疾病的進展，甚至可能預示腫瘤的侵襲性增加。	< 0.001	低風險 (< 0.001)
<i>Helicobacter pylori</i>	為各式胃部疾病的主要致病菌，會造成胃潰瘍、十二指腸潰瘍，並與胃癌發生風險有關。	< 0.001	低風險 (< 0.001)
<i>Proteobacteria</i>	下轄涵蓋許多的病原菌屬，其比例的增加意味著腸道環境的不健康，同時會伴隨 <i>H. pylori</i> 陽性而增加。	9.060	低風險 (< 10.000)
<i>Klebsiella pneumoniae</i>	為伺機性感染的致病菌，平時少量潛伏在呼吸道與腸道中，當免疫力下降時會造成肺炎、泌尿系統感染，糖尿病患者合併肝膿瘍的主要致病菌，同樣在胃癌患者會有增加的趨勢。	0.077	高風險 (≥ 0.010)

9. 伺機致病菌

風險菌種	菌種介紹	比例	結果
曲狀桿菌 <i>Campylobacter jejuni</i>	曲狀桿菌為革蘭氏陰性菌、有鞭毛、微好氧。是全世界最常造成細菌性胃炎的人類致病菌之一，是旅遊者下痢的常見病因。曲狀桿菌為世界性的人畜共通傳染病，也是常見的食物媒介疾病，受感染動物的排泄物可污染土或水，又經由屠宰過程繼續感染屠宰場中的其他肉類，多數人感染是由於食用未煮熟的污染食品，如未煮熟禽、豬肉品和未經適當滅菌之牛奶和水。	<0.001	低風險 (<0.001)
產酸克雷伯氏菌 <i>Klebsiella oxytoca</i>	為細菌性感染原之一，與出血性大腸炎有關。	0.003	高風險 (≥0.001)
克雷伯氏肺炎菌 <i>Klebsiella pneumoniae</i>	為伺機性染的病菌，平時多潛伏在呼吸道與腸胃道中，當免疫力下降時會成肺炎、泌尿系統感染，糖尿病患者合併肝膿瘍的主要致病菌。	0.077	高風險 (≥0.010)
幽門螺旋桿菌 <i>Helicobacter pylori</i>	為各式胃部疾病的主要致病，會造成十二指腸潰瘍，並與胃癌發生險有關。	<0.001	低風險 (<0.001)
腸炎弧菌 <i>Vibrio parahaemolyticus</i>	腸炎弧菌，又稱為副溶血弧菌。屬於弧菌屬，是一種常見的病原菌，腸炎弧菌是一嗜鹽性的革蘭氏陰性菌，主要棲息在海水中，如果食用了受污染的海鮮，會引發食物中毒。在台灣、日本及東南亞，每年都有相當多的病患因食用被腸炎弧菌污染的海鮮而發生食物中毒，是引起食物中毒的主要原因之一。	<0.001	低風險 (<0.001)
腸炎沙門氏菌 <i>Salmonella enteritidis</i>	人畜共通的致病菌，會造成家禽死亡，在人身上則會造成急性腸胃炎、腹瀉與嘔等症狀。	<0.001	低風險 (<0.001)
腸道沙門氏菌 <i>Salmonella enterica</i>	人類主要致病之一，主要染源來自生蠔或半熟的食物、受汙染的肉，會造成胃炎、敗血症。	0.001	高風險 (≥0.001)
具核梭桿菌 <i>Fusobacterium nucleatum</i>	透過生物薄膜與病菌共生(念珠菌屬與空腸桿菌屬)，在腸道中會誘發長期發炎與大腸癌，在口腔中會誘發牙周病、牙髓炎，扁桃腺炎、頭頸癌等。	<0.001	低風險 (<0.005)

風險菌種	菌種介紹	比例	結果
蠟樣芽孢桿菌 <i>Bacillus cereus</i>	蠟樣芽孢桿菌又稱仙人掌桿菌，是一種革蘭氏陽性的杆狀細菌，經常在土和食物中被發現，有些菌株會引起食物中毒，例如炒飯症候群(Fried Rice Syndrome)；另外一些菌株則對其他動物有益。屬於兼厭，與其他芽孢桿相同，會產生防禦性的內生孢子而長期存活在環境中。	<0.001	低風險 (<0.001)
金黃色葡萄球菌 <i>Staphylococcus aureus</i>	金黃色葡萄球菌在顯鏡下排列成葡萄串狀、金黃色葡萄球菌無芽孢、鞭毛大多數無莢膜。是常見的引起食物中的致病-常見於皮膚表面及上呼吸道黏，金黃色葡萄球菌為表正常菌叢，常造成伺機性染，引起不同程度的化性炎症擴疾病，如癬、癰、中耳炎、鼻竇炎、骨髓炎和毒症等金色葡萄球菌已經化出具有抵抗免疫系統攻擊的基因特徵，	<0.001	低風險 (<0.001)
大腸桿菌 <i>Escherichia coli</i>	大腸桿菌是一種兩端鈍圓、能運動、無芽孢的革蘭氏陰性菌，生活環境為兼性厭氧。大多數大腸桿菌的是無害的，但某些血清型(EIEC、ETEC等)會在其宿主中引起嚴重的食物中毒症狀，且偶會導致食物產品污染事件。無害的菌株是人體腸道中正常菌叢的一部分，會製造維生素 K，防止腸道中其他病菌的生長，對人體有益。大腸桿菌常透過糞便排放而散布到環境中，它會在新鮮的糞便且氧氣充足的環境中孳生約3天，之後菌數就會下降。	0.022	高風險 (≥0.005)
產氣夾膜梭菌 <i>Clostridium perfringens</i>	主要的致病菌。會分解肌肉和締組中的醣，而產出大量氣體，並能在內形成莢膜。會產生腸道毒素、影響血液循環、造成組織壞死。	0.003	高風險 (≥0.001)
困難梭狀芽孢桿菌 <i>Clostridium difficile</i>	主要發生在院內染與常服用抗生素人群，會造成輕微到嚴重的腹瀉，偽膜性大腸炎，甚至導致敗血症。	<0.001	低風險 (<0.001)
福氏志賀菌 <i>Shigella flexneri</i>	細菌性痢疾的主要致病，主要來自糞口感染。會成腹瀉、發燒、噁心嘔吐，等痢疾症狀。	<0.001	低風險 (<0.001)
宋內志賀菌 <i>Shigella sonnei</i>	細菌性痢疾的主要致病，主要來自糞口感染。會成腹瀉、發燒、噁心嘔吐，等痢疾症狀。	<0.001	低風險 (<0.001)

10. 參考文獻

1. Castaner O, Goday A, Park YM, et al. The Gut Microbiome Profile in Obesity: A Systematic Review. *Int J Endocrinol*. 2018;2018:e4095789. doi:10.1155/2018/4095789
2. Byndloss MX, Olsan EE, Rivera-Chávez F, et al. Microbiota-activated PPAR- γ signaling inhibits dysbiotic Enterobacteriaceae expansion. *Science*. 2017;357(6351):570-575. doi:10.1126/science.aam9949
3. Allin KH, Nielsen T, Pedersen O. Mechanisms in endocrinology: Gut microbiota in patients with type 2 diabetes mellitus. *Eur J Endocrinol*. 2015;172(4):R167-177. doi:10.1530/EJE-14-0874
4. Larsbrink J, Rogers TE, Hemsworth GR, et al. A discrete genetic locus confers xyloglucan metabolism in select human gut Bacteroidetes. *Nature*. 2014;506(7489):498-502. doi:10.1038/nature12907
5. Kiernan MG, Coffey JC, McDermott K, et al. The Human Mesenteric Lymph Node Microbiome Differentiates Between Crohn's Disease and Ulcerative Colitis. *J Crohns Colitis*. 2019;13(1):58-66. doi:10.1093/ecco-jcc/jjy136
6. Zhu L, Baker SS, Gill C, et al. Characterization of gut microbiomes in nonalcoholic steatohepatitis (NASH) patients: a connection between endogenous alcohol and NASH. *Hepatology*. 2013;57(2):601-609. doi:10.1002/hep.26093
7. Tachedjian G, Aldunate M, Bradshaw CS, Cone RA. The role of lactic acid production by probiotic Lactobacillus species in vaginal health. *Res Microbiol*. 2017;168(9-10):782-792. doi:10.1016/j.resmic.2017.04.001
8. Roy S, Trinchieri G. Microbiota: a key orchestrator of cancer therapy. *Nat Rev Cancer*. 2017;17(5):271-285. doi:10.1038/nrc.2017.13
9. Iida N, Dzutsev A, Stewart CA, et al. Commensal bacteria control cancer response to therapy by modulating the tumor microenvironment. *Science*. 2013;342(6161):967-970. doi:10.1126/science.1240527
10. Bodogai M, O'Connell J, Kim K, et al. Commensal bacteria contribute to insulin resistance in aging by activating innate B1a cells. *Sci Transl Med*. 2018;10(467):eaat4271. doi:10.1126/scitranslmed.aat4271
11. King CH, Desai H, Sylvestry AC, et al. Baseline human gut microbiota profile in healthy people and standard reporting template. *PloS One*. 2019;14(9):e0206484. doi:10.1371/journal.pone.0206484
12. Chen J, Chia N, Kalari KR, et al. Multiple sclerosis patients have a distinct gut microbiota compared to healthy controls. *Sci Rep*. 2016;6:28484. doi:10.1038/srep28484
13. Rigsbee L, Agans R, Shankar V, et al. Quantitative profiling of gut microbiota of children with diarrhea-predominant irritable bowel syndrome. *Am J Gastroenterol*. 2012;107(11):1740-1751. doi:10.1038/ajg.2012.287
14. McCann A, Jeffery IB, Ouliass B, et al. Exploratory analysis of covariation of microbiota-derived vitamin K and cognition in older adults. *Am J Clin Nutr*. 2019;110(6):1404-1415. doi:10.1093/ajcn/nqz220
15. Kok DE, Steegenga WT, Smid EJ, Zoetendal EG, Ulrich CM, Kampman E. Bacterial folate biosynthesis and colorectal cancer risk: more than just a gut feeling. *Crit Rev Food Sci Nutr*. 2020;60(2):244-256. doi:10.1080/10408398.2018.1522499
16. Magnúsdóttir S, Ravcheev D, de Crécy-Lagard V, Thiele I. Systematic genome assessment of B-vitamin biosynthesis suggests co-operation among gut microbes. *Front Genet*. 2015;6:148. doi:10.3389/fgene.2015.00148
17. Louis P, Flint HJ. Formation of propionate and butyrate by the human colonic microbiota. *Environ Microbiol*. 2017;19(1):29-41. doi:10.1111/1462-2920.13589
18. Nakayama H, Kinouchi T, Kataoka K, Akimoto S, Matsuda Y, Ohnishi Y. Intestinal anaerobic bacteria hydrolyse sorivudine, producing the high blood concentration of 5-(E)-(2-bromovinyl)uracil that increases the level and toxicity of 5-fluorouracil. *Pharmacogenetics*. 1997;7(1):35-43. doi:10.1097/00008571-199702000-00005
19. Ma W, Mao Q, Xia W, Dong G, Yu C, Jiang F. Gut Microbiota Shapes the Efficiency of Cancer Therapy. *Front Microbiol*. 2019;10:1050. doi:10.3389/fmicb.2019.01050

20. Giongo A, Gano KA, Crabb DB, et al. Toward defining the autoimmune microbiome for type 1 diabetes. *ISME J.* 2011;5(1):82-91. doi:10.1038/ismej.2010.92
21. Granado-Serrano AB, Martín-Garí M, Sánchez V, et al. Faecal bacterial and short-chain fatty acids signature in hypercholesterolemia. *Sci Rep.* 2019;9(1):1772. doi:10.1038/s41598-019-38874-3
22. Koliada A, Syzenko G, Moseiko V, et al. Association between body mass index and Firmicutes/Bacteroidetes ratio in an adult Ukrainian population. *BMC Microbiol.* 2017;17(1):120. doi:10.1186/s12866-017-1027-1
23. Kasai C, Sugimoto K, Moritani I, et al. Comparison of the gut microbiota composition between obese and non-obese individuals in a Japanese population, as analyzed by terminal restriction fragment length polymorphism and next-generation sequencing. *BMC Gastroenterol.* 2015;15:100. doi:10.1186/s12876-015-0330-2
24. Wei X, Yan X, Zou D, et al. Abnormal fecal microbiota community and functions in patients with hepatitis B liver cirrhosis as revealed by a metagenomic approach. *BMC Gastroenterol.* 2013;13:175. doi:10.1186/1471-230X-13-175
25. Loomba R, Seguritan V, Li W, et al. Gut Microbiome-Based Metagenomic Signature for Non-invasive Detection of Advanced Fibrosis in Human Nonalcoholic Fatty Liver Disease. *Cell Metab.* 2017;25(5):1054-1062.e5. doi:10.1016/j.cmet.2017.04.001
26. Qin J, Li Y, Cai Z, et al. A metagenome-wide association study of gut microbiota in type 2 diabetes. *Nature.* 2012;490(7418):55-60. doi:10.1038/nature11450
27. Scott KP, Antoine JM, Midtvedt T, van Hemert S. Manipulating the gut microbiota to maintain health and treat disease. *Microb Ecol Health Dis.* 2015;26:25877. doi:10.3402/mehd.v26.25877
28. Barnett C, Nazzari L, Goldfarb DS, Blaser MJ. The Presence of Oxalobacter formigenes in the Microbiome of Healthy Young Adults. *J Urol.* 2016;195(2):499-506. doi:10.1016/j.juro.2015.08.070
29. Saito K, Koido S, Odamaki T, et al. Metagenomic analyses of the gut microbiota associated with colorectal adenoma. *PloS One.* 2019;14(2):e0212406. doi:10.1371/journal.pone.0212406
30. Duncan SH, Louis P, Flint HJ. Lactate-utilizing bacteria, isolated from human feces, that produce butyrate as a major fermentation product. *Appl Environ Microbiol.* 2004;70(10):5810-5817. doi:10.1128/AEM.70.10.5810-5817.2004
31. Gupta A, Dhakan DB, Maji A, et al. Association of Flavonifractor plautii, a Flavonoid-Degrading Bacterium, with the Gut Microbiome of Colorectal Cancer Patients in India. *mSystems.* 2019;4(6):e00438-19. doi:10.1128/mSystems.00438-19