MVZ Labor Dr. Kirkamm GmbH

Test, Franzi
geb. 01.01.1980 w
Barcode 42414067
Labornummer 1901070218
Probenabnahme am 07.01.2019
Probeneingang am 07.01.2019 12:55
Ausgang am 25.01.2019

MVZ Labor Dr. Kirkamm GmbH - Hans-Böckler-Straße 109 - 55128 Mainz

Praxis
Dr. med. Hugo Muster
Facharzt für Allgemeinmedizin

Hans-Böckler-Str. 109

55128 Mainz

DAkkS Deutsche Akkreditierungsstelle D-ML-13151-01-00

Laborärztlicher Befundbericht

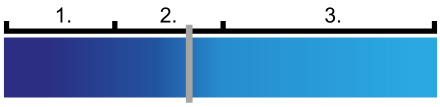
Benötigtes Untersuchungsmaterial: Mikrobiom Spezialröhrchen

Befundbericht - intestinales Mikrobiom

Diversität

Die Diversität entspricht der Vielfalt der bakteriellen Flora im Darm. Sie repräsentiert die Stabilität und Kolonisationsresistenz.

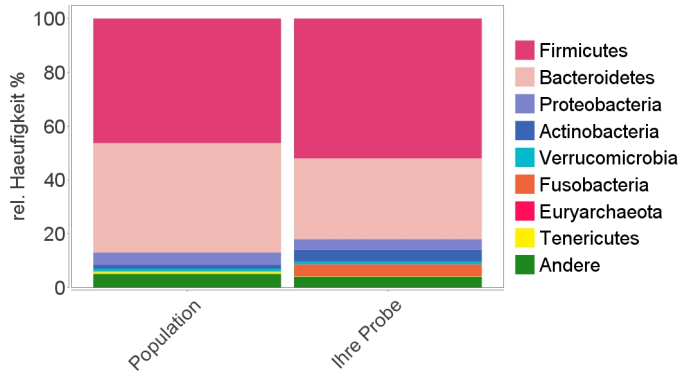
FODMAP-Index



FODMAP TYP2

FODMAP-arme Ernährung sollte als Versuch zur Besserung bei reizdarm-ähnlichen bzw. gastrointestinalen Beschwerden eingesetzt werden.

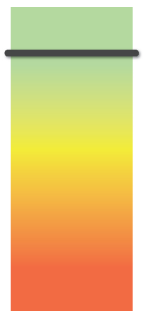
Verteilungsdiagramm Bakterienstämme



Die Häufigkeitsverteilung bildet die Verhältnisse unter den häufigsten Bakterienstämmen ab und vergleicht Ihre Probe mit der durchschnittlichen Verteilung innerhalb der Population.

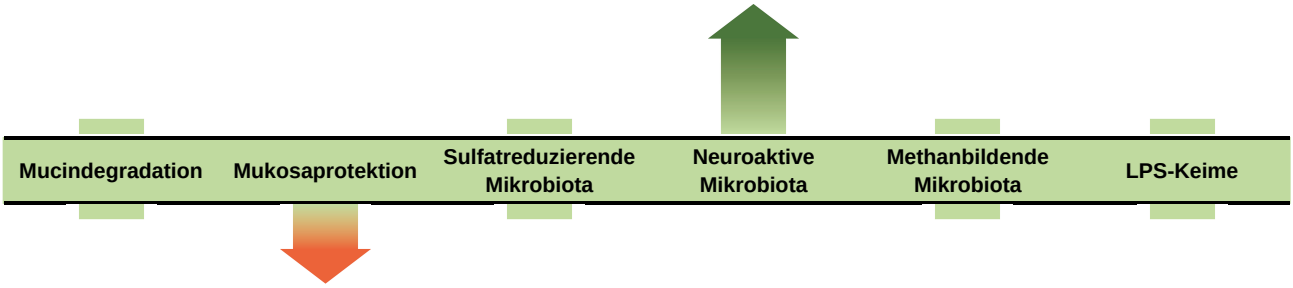
Dysbiose

Gesamtbeurteilung Dysbiose



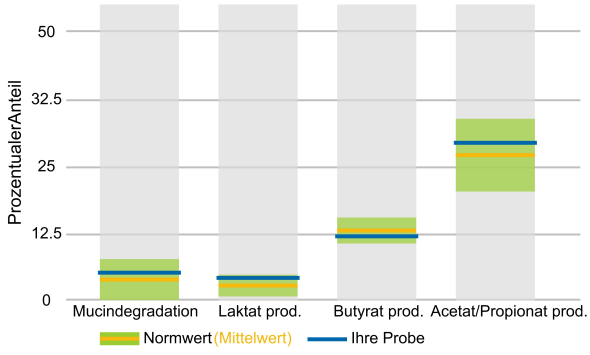
Die Dysbiose-Pfeilgrafik zeigt die Abweichungen des pH-Wertes, der Fäulnis-, Säuerungs- und histaminbildenden Flora sowie der Hefen und Schimmelpilze von den zugrundeliegenden Referenzbereichen.

Funktionelle Mikrobiota



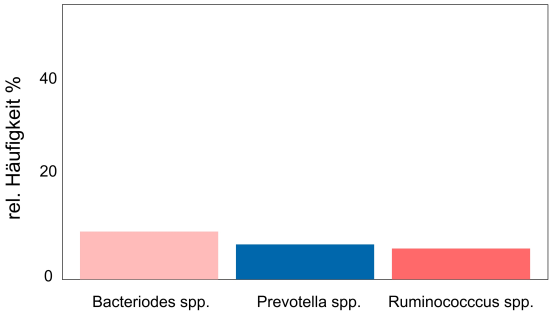
Die Pfeilgrafik zeigt die gemessenen Abweichungen der funktionellen Bakteriengruppen von den Populationswerten.

Bakterielle Stoffwechselaktivität



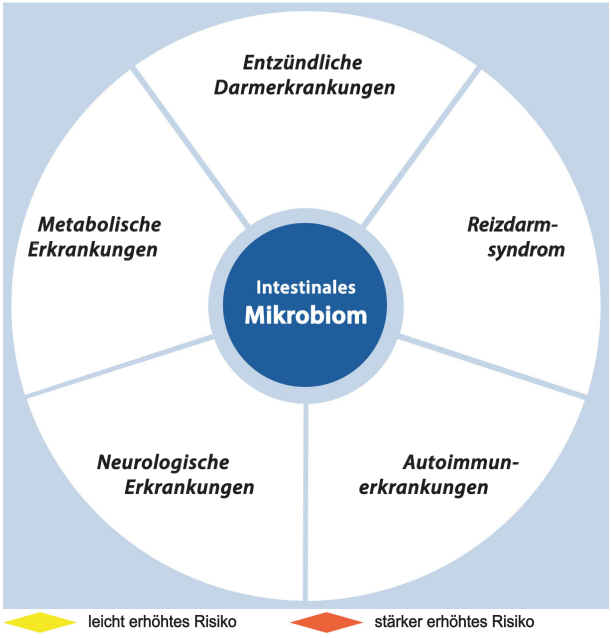
Eine Zuordnung zu den Gruppen erfolgte auf Basis der bei den Bakterienarten bekannten überwiegenden Stoffwechselleistung (Modifiziert nach Brown et al. 2011).

Enterotyp 2



Das intestinale Mikrobiom lässt sich aufgrund vorherrschender Bakterien in 3 Enterotypen einteilen, die Rückschlüsse auf langfristige Ernährungsgewohnheiten ermöglichen.

Mikrobiomassoziierte Gesundheitsrisiken



Das Mikrobiom hat Einfluss auf bestimmte gesundheitliche Risiken. Das Auftreten dieser Risiken kann durch das Fehlen protektiver Keime oder durch das Vorhandensein potentiell pathogener Bakterien verursacht werden. Pfeile in der Grafik deuten auf ein erhöhtes mikrobiom-assoziiertes Risiko in diesem Bereich hin.

MVZ Labor Dr. Kirkamm GmbH

Test, Franzi
geb. 01.01.1980 w
Barcode 42414067
Labornummer 1901070218
Probenabnahme am 07.01.2019
Probeneingang am 07.01.2019 12:55
Ausgang am 25.01.2019

Laborärztlicher Befundbericht

Bioindikatoren

Biodiversität (Shannon Index)**	3,88		> 2,8
Firmicutes/Bacteroidetes-Ratio**	1,0		1,4 - 2,1
Butyratproduktion**	12,0	%	11,0 - 16,0
Laktatproduktion**	4,0	%	0,8 - 5,0
Acetat - und Propionatproduktion**	30,0	%	21,0 - 35,0
Mucindegradation**	5,0	%	0,1 - 8,0
Prevotella spp./Bacteroides spp.-Ratio**	0,7		< 1,8
LPS-tragende Bakterien**	1,000	%	< 2,0

Bakterienstämme (Phyla)

Firmicutes**	52,000	%	50,0 - 58,0
Bacteroidetes**	30,000	%	27,0 - 36,0
Proteobacteria**	3,900	%	2,0 - 5,0
Actinobacteria**	4,400	%	1,1 - 5,0
Verrucomicrobia**	1,000	%	0,006 - 1,8
Fusobacteria**	4,500	%	< 0,003
Cyanobacteria**	0,100	%	0,005 - 0,5
Euryarchaeota**	0,020	%	< 0,03
Tenericutes**	0,200	%	0,003 - 0,100

Funktionelle Bakteriengruppen

Mucindegradierende Bakterien

Akkermansia muciniphila**	0,200	%	0,01 - 1,50
Prevotella spp.**	6,800	%	0,005 - 4,0
Prevotella copri**	0,700	%	< 0,365

Mukosaprotektive Mikrobiota

Akkermansia muciniphila**	0,200	%	0,01 - 1,50
Faecalibacterium prausnitzii**	1,000	%	1,9 - 5,0

Sulfatreduzierende Bakterien

Bilophila wadsworthia**	0,100	%	< 0,189
Desulfobacter spp.**	0,002	%	< 0,005
Desulfovibrio spp.**	0,000	%	< 0,1
Desulfuromonas spp.**	0,000	%	< 0,001

Neuroaktive Mikrobiota

Bifidobacterium adolescentis**	1,000	%	0,001 - 1,7
Bifidobacterium dentium**	0,011	%	> 0,001
Lactobacillus brevis**	0,003	%	> 0,001
Lactobacillus plantarum**	0,060	%	> 0,001
Lactobacillus paracasei**	0,020	%	> 0,001
Oscillibacter spp.**	0,000	%	< 0,02
Alistipes spp.**	2,000	%	1,6 - 5,0

Methanbildende Bakterien

Methanobacteria**	0.000	%	< 0,03
Methanobrevibacter smithii**	0,010	%	< 0,03

LPS-tragende Bakterien

Citrobacter spp.**	0,000	%	< 0,001
Enterobacter spp.**	0,000	%	< 0,005
Escherichia spp.**	0,000	%	< 0,13
Klebsiella spp.**	0,000	%	< 0,002
Providencia spp.**	0,000	%	< 0,001
Pseudomonas spp.**	0,000	%	< 0,001
Serratia spp.**	0,000	%	< 0,001
Sutterella spp.**	2,200	%	< 2,0

Immunmodulation

Escherichia spp.**	0,000	%	< 0,13
Enterococcus spp.**	0,020	%	0,001 - 0,1

Ballaststoffabbauende Mikrobiota

Bifidobacterium adolescentis**	1,000	%	0,001 - 1,7
Ruminococcus spp.**	6,000	%	4,9 - 8,1

Buttersäure (Butyrat) produzierende Bakterien

Butyrivibrio crossotus**	2,200	%	0,001 - 0,01
Eubacterium spp.**	2,000	%	0,3 - 2,3
Faecalibacterium prausnitzii**	1,000	%	1,9 - 5,0
Roseburia spp.**	1,000	%	0,5 - 2,4
Ruminococcus spp.**	6,000	%	4,9 - 8,1

Acetat- / Propionatbildende Bakterien

Alistipes spp.**	2,000	%	1,6 - 5,0
Bacteroides spp.**	9,300	%	12,0 - 25,0
Dorea spp.**	0,500	%	0,3 - 0,8

Laktatbildende / saccharolytische Bakterien

Bifidobacterium spp.**	2,000	%	0,6 - 4,5
Bifidobacterium adolescentis**	1,000	%	0,001 - 1,7
Enterococcus spp.**	0,020	%	0,001 - 0,1
Lactobacillus spp.**	0,020	%	0,01 - 0,05

Clostridiaceae

Clostridium spp.**	2,000	%	1,0 - 2,3
Clostridium difficile**	0,000	%	< 0,001
Clostridium scindens**	2,000	%	> 0,01

Sonstige Mikrobiota

Fusobacterium nucleatum**	0,000	%	< 0,001
Oxalobacter formigenes**	0,900	%	> 0,001
Anaerotruncus colihominis**	0,050	%	0,03 - 0,08
Streptococcus spp.**	0,300	%	0,2 - 1,3

Pilze

Candida spp.**	0,200	%	< 0,05
Candida albicans**	0,200	%	< 0,05
Geotrichum candidum**	0,000	%	< 0,03
Saccharomyces cerevisiae**	0,400	%	< 0,7
Schimmelpilze**	positiv		negativ

Zusammenfassung molekulare Stuhldiagnostik, Hinweis auf:

- gestörte Mukosaprotektion

Befundinterpretation intestinales Mikrobiom

Diversität

Als Diversität wird die Vielfalt der Spezies bezeichnet, die in einem Mikrobiom vorkommen. Physiologisch besitzt das Mikrobiom eine hohe Diversität, also eine hohe Anzahl von unterschiedlichen Spezies, und hat eine große Fähigkeit, Veränderungen und Störungen zu absorbieren. Bei einer niedrigen Diversität ist die Ökologie der Mikrobiota gestört und der Mensch wird sehr anfällig für verschiedene Erkrankungen, wie Reizdarm-Syndrom, Nahrungsmittelunverträglichkeiten, chronisch entzündlichen Darmerkrankungen und Infektionen. Die wichtigste Ursache für eine verminderte Vielfalt ist die Anwendung von Antibiotika, deren Spektrum einen direkten Einfluss auf die Minderung der Diversität hat.

FODMAP-Index

Der Begriff FODMAP („Fermentable Oligosaccharides, Disaccharides, Monosaccharides And Polyols“) beschreibt bestimmte kurzkettige, leicht fermentierbare Kohlenhydrate sowie Zuckeralkohole, die natürlicherweise in zahlreichen Nahrungsmitteln enthalten sind. Patienten mit reizdarm-ähnlichen, gastrointestinalen Beschwerden können je nach Zusammensetzung ihres intestinalen Mikrobioms

von einer FODMAP-armen Ernährung profitieren.

Literaturquellen:
Staudacher H. The impact of low fodmap dietary advice and probiotics on symptoms in irritable bowel syndrome: a randomised, placebo-controlled, 2 × 2 factorial trial. Gut 2015; 64:A51.
Halmos E. P. A diet low in FODMAPs reduces symptoms of irritable bowel syndrome. Gastroenterology. 2014; 146(1):67-75.

Dysbiose

Der Stuhlbefund zeigt weitgehend **physiologische Verhältnisse** zwischen Fäulnisflora, Säuerungsflora und den histaminbildenden Bakterien.

Es wurden **erhöhte Keimzahlen fakultativ-pathogener Hefen und Schimmelpilze** nachgewiesen.
Pilze sind prinzipiell kein Bestandteil der physiologischen Darmflora, werden aber täglich über die Nahrung - insbesondere pflanzlicher Herkunft - aufgenommen, so dass einem positivem Befund in vielen Fällen lediglich der Stellenwert einer **transienten Mykoflora** zukommt. Diese Situation kann sich allerdings jederzeit durch immunsuppressive und milieu-destabilisierende Einflüsse ändern. So kann aus einem passageren "Durchwandern" des Darms eine dauerhafte Besiedelung und im ungünstigsten Falle eine opportunistische Mykose werden. Zur Beurteilung der klinischen Wertigkeit eines positiven Pilznachweises im Stuhl muss demnach grundsätzlich zwischen transienter, kommensaler und pathologischer Besiedelung unterschieden werden.

Enterotyp-Bestimmmung

Der Enterotyp ihrer Stuhlprobe entspricht Typ 2.

Das intestinale Mikrobiom lässt sich in drei sogenannte **Enterotypen** einteilen. Diese sind unabhängig von Alter, Geschlecht, Körpergewicht und Nationalität. Studien deuten darauf hin, dass langjährige Ernährungsmuster, z.B. der Verzehr von tierischen Fetten und Proteinen, einen Wechsel zwischen Enterotypen bedingen können. Auch wurden erste Zusammenhänge zwischen dem Enterotyp III und der Erkrankung Atherosklerose beschrieben (Karlsson FH et al. (2012) Symptomatic atherosclerosis is associated with an altered gut metagenome. Nat. Commun. 3:1245).

Prevotella spp. ist die dominierende Keimgruppe des **Enterotyps II**, welche wesentlich die Verstoffwechselung von Muzinen, Mucoglycoproteinen und die Thiamin-Biosynthese unterstützt.

Bioindikatoren

Firmicutes/Bacteroidetes-Ratio

Die Stämme der **Firmicutes** und **Bacteroidetes** sind mit **über 90%** die beiden dominierenden Bakteriengruppen im menschlichen Darm.
Dabei können Darmbakterien der **Firmicuten**-Stämme durch **Abbau unverdauter Nahrungsbestandteile** dem menschlichen Körper kurzkettige Kohlenhydrate und Fettsäuren als **zusätzliche Energiequelle** zur Verfügung stellen.
In zahlreichen Studien konnte gezeigt werden, dass das Verhältnis von Firmicutes zu Bacteroidetes mit dem Körpergewicht des Menschen korreliert. Durch einen erhöhten Anteil von Firmicutes wird eine erhöhte Kohlenhydratmenge über die menschliche Darmschleimhaut resorbiert.

MVZ Labor
Dr. Kirkamm GmbH

Test, Franzi
geb. 01.01.1980 w
Barcode 42414067
Labornummer 1901070218
Probenabnahme am 07.01.2019
Probeneingang am 07.01.2019 12:55
Ausgang am 25.01.2019

Mukosaprotektive Flora

Die mukosaprotektive Flora ihrer Probe liegt im **suboptimalen Bereich**. Der Schutz der intestinalen Mukosa durch *Akkermansia muciniphila* und *Faecalibacterium prausnitzii* ist leicht reduziert. Die Keimzahl der mukosaprotektiven Flora kann durch eine ballaststoffreiche Ernährung erhalten und erhöht werden.

Akkermansia muciniphila ist ein gramnegatives obligat anaerobes Stäbchen. Es ist ein mucinspaltender Keim, das unter anderem durch metabolische Spaltprodukte zur Erhaltung des ***Faecalibacterium prausnitzii*** wesentlich beiträgt. Durch aktuelle Studien konnte ein positiver Einfluss des Keims auf verschiedenen Gesundheitsfaktoren nachgewiesen werden. Zusätzlich konnte in Studien eine **antiinflammatorische Wirkung** und ein positiver Einfluss des *Akkermansia muciniphila* auf die Erhaltung einer **intakten Darmbarriere** nachgewiesen werden.

Faecalibacterium prausnitzii ist ein grampositives obligat anaerobes Stäbchen, das zum Stamm der Firmicutes gehört. Der Keim gehört zu den drei häufigsten anaeroben Keimen der Darmflora. Bei Patienten mit **entzündlichen Darmerkrankungen, Reizdarmsyndrom** und **Zöliakie** wurden Veränderungen bei spezifischen Bakterienspezies der Darmflora nachgewiesen. Eine solche Veränderung ist die Verringerung der Keimzahl von *Faecalibacterium prausnitzii*. In verschiedenen Studien konnten bedeutende Wirkungen des Keims auf Zellen des Immunsystems nachgewiesen werden. Außerdem ist bekannt, dass durch die Produktion von Buttersäure entzündliche Prozesse im Darm erheblich reduziert werden. *Faecalibacterium prausnitzii* gehört nachweislich zu den größten buttersäurebildenden Bakterien im Dickdarm.
Insgesamt reduziert *Faecalibacterium prausnitzii* intestinale inflammatorische Prozesse und hat einen günstigen Einfluss auf entzündliche Darmerkrankungen wie Morbus Crohn und Colitis ulcerosa.

Durch viele aktuelle Studien konnte ein positiver Zusammenhang von hohen Keimzahlen der ***Akkermansia muciniphila*** und folgenden Zuständen gezeigt werden:

- Niedriges Körpergewicht
- Niedriger Fettanteil
- Reduzierte metabolische Endotoxinämie durch bakterielle Lipopolysaccharide
- Reduzierte adipöse Gewebeinflammation
- Reduzierte Insulinresistenz (Typ 2-Diabetes)

In verschiedenen Studien konnten folgende **immunologische Wirkungen** von ***F. prausnitzii*** nachgewiesen werden:

- Hemmung des Transkriptionsfaktors NF-KB → Hemmung des proinflammatorischen Interleukins 8 (IL-8)
- Produktion von Buttersäure, die zusätzlich den Faktor NF-KB hemmt
- Differenzierung der regulatorischen T-Zellen → Erhöhung des antiinflammatorischen Interleukins 10 (IL-10), Reduktion des proinflammatorischen Interleukins 12 (IL-12)

Buttersäure produzierende Bakterien

Buttersäure (Butyrat) produzierende Bakterien sind vor allem *Faecalibacterium prausnitzii, Eubacterium spp., Roseburia spp., Ruminococcus spp.* und *Butyrivibrio crossotus.*
Solche Bakterien reduzieren intestinale Inflammationsprozesse durch Förderung der Bildung regulatorischer T-Zellen und durch Hemmung der Bildung pro-inflammatorischer Zytokine von Makrophagen und dendritischen Zellen. Butyrat erhöht außerdem den Sauerstoffverbrauch der Kolonozyten und verstärkt das Phänomen der "physiologischen Hypoxie" der Mukosa, das zur Unterstützung der intestinalen Barrierefunktion beiträgt. Bei Krebszellen hemmt es die Proliferation und induziert die Apoptose.
Eine Verminderung der Buttersäurebildner kann entzündliche Prozesse begünstigen, die Durchlässigkeit der Darmschleimhaut erhöhen (Leaky-Gut), und die Manifestation von entzündlichen Erkrankungen (Morbus Crohn, Colitis ulcerosa), Reizdarmsyndrom, Nahrungsmittelunverträglichkeiten und Zöliakie fördern.

Mucindegradierende Bakterien

Mucindegradierende Bakterien sind vor allem *Akkermansia muciniphila* und *Prevotella*-Spezies. Solche Bakterien können Mucin abbauen und sind essentiell für die Erneuerung der physiologischen Mucinschicht. Dadurch unterstützen sie die Erhaltung einer intakten Darmbarriere durch butyratbildende Bakterien, wie das *Faecalibacterium prausnitzii*.

Sulfatreduzierende Bakterien

Sulfatreduzierende Bakterien wie *Desulfovibrio spp., Desulfomonas spp.* und *Desulfobacter spp.*, sind anaerobe Bakterien die Energie durch Sulfatreduktion erhalten und hohe Mengen von Sulfiden bilden. Das metabolische Endprodukt der Keime ist Schwefelwasserstoff, das zytotoxische Eigenschaften besitzt. Schwefelwasserstoff kann eine Hemmung der Buttersäureoxidation bewirken, die essentiell für die Energieversorgung der Kolonozyten ist. Eine Vermehrung der sulfatreduzierenden Bakterien kann eine chronische Entzündung des Darmepithels nach sich ziehen.

Methanproduzierende Bakterien

Methanproduzierende Bakterien wie *Methanobrevibacter spp.* und *Methanobacterium spp.* gehören zur Domäne der Archaea. Sie sind dadurch charakterisiert, dass sie bakterielle primäre und sekundäre Fermentationsprodukte, wie Wasserstoff und Kohlendioxid, in Methan umwandeln können. Dadurch spielen sie eine große Rolle für die Optimierung der Energiebilanz. Darüber hinaus hat Methan eine hemmende Wirkung auf die intestinale Motilität, was zur Verstärkung einer chronischen Obstipation führen kann. Diese Bakterien können auch dendritische Zellen der Darmmukosa aktivieren und die Bildung von TNF-alpha und anderen pro-inflammatorischen Zytokinen induzieren.

Saccharolytische Bakterien

Saccharolytische Bakterien im Darm sind für die Spaltung von komplexen Poly- und Oligosacchariden wie z.B. resistenter Stärke verantwortlich. Die bei der Spaltung entstehende Milchsäure dient anderen Bakterien wie *Ruminococcus bromii* oder *Faecalibacterium prausnitzii* als Grundlage für die Herstellung von Buttersäure. Eine Schlüsselrolle spielt dabei *Bifidobacterium adolescentis*, was in einer Studie mit gesunden Probanden untersucht wurde (Venkataraman et al. Microbiome 2016).

LPS-Keime

LPS-Keime sind gramnegative Keime, die in der Außenmembran Lipopolysaccharide (LPS) als sogenanntes Endotoxin führen und nach Eindringen in die Darmmukosa bei einem Leaky-Gut pro-inflammatorische Prozesse aktivieren können. Die Aktivierung des Immunsystems kann als Konsequenz eine niedriggradige chronische Entzündung ("silent Inflammation") haben.

MVZ Labor
Dr. Kirkamm GmbH

Test, Franzi
geb. 01.01.1980 w
Barcode 42414067
Labornummer 1901070218
Probenabnahme am 07.01.2019
Probeneingang am 07.01.2019 12:55
Ausgang am 25.01.2019

Mikrobiom-assoziierte Gesundheitsrisiken

Metabolische Erkrankungen	Reizdarmsyndrom	Entzündliche Darmerkrankungen	Autoimmun-erkrankungen	Neurologische Erkrankungen
Adipositas	Reizdarm	Chronisch-entzündliche Darmerkrankungen	Zöliakie	Depression
Diabetes mellitus Typ 2	Leaky Gut Syndrom	Kolorektales Karzinom	Rheumatoide Arthritis	Chronisches Fatigue Syndrom
Kardiovaskuläre Erkrankungen	Histaminintoleranz	Dysbiose	Psoriasis	Autism Spectrum Disorder
Nicht-alkoholische Fettleber	Nahrungsmittel-unverträglichkeit	Reduzierte Kolonisationsresistenz	Allergie / Asthma	Morbus Parkinson
Alkoholische Fettleber	SIBOS	Gastrointestinale Infektanfälligkeit	Diabetes mellitus Typ 1	Morbus Alzheimer

Laborärztlich validiert durch Frau Sabine Hein
Freigegeben durch Herrn Dr. med. Patrik Zickgraf

Die mit * gekennzeichneten Untersuchungen wurden von einem unserer akkreditierten Partnerlaboratorien durchgeführt.
** Untersuchung nicht akkreditiert

Grundsätze der Mikrobiom-Therapie

Die Entwicklung, die Diversität und die Stabilität des intestinalen Mikrobioms sind empfindlich mit den Lebens- und Ernährungsgewohnheiten des Menschen verknüpft. Daher ist das intestinale Mikrobiom immer als Produkt unseres Lebensstils zu betrachten. Im Umkehrschluss lässt sich daraus ableiten, dass eine dauerhafte Stabilisierung des intestinalen Mikrobioms nur durch Beseitigung von Ernährungsfehlern und anderen, ungünstigen Lebensumständen möglich ist.

So basiert die Mikrobiom-Therapie einerseits auf einer **langfristigen Umstellung der Ernährung** und andererseits auf der Verabreichung **präbiotischer Präparate**. Mit dieser Therapie werden auf biologische Weise die intestinalen Milieuverhältnisse stabilisiert, was gleichsam die gewünschte Anpassung des Mikrobioms nach sich zieht. Damit wird deutlich, dass nicht die Gabe von lebensfähigen Mikroben in Form von **Probiotika** im Vordergrund stehen kann, sondern vielmehr ein geeignetes Substratangebot für die gewünschte Modulation des Mikrobioms priorisiert werden muss.

Voraussetzung für ein physiologisches Darmmikrobiom bei hoher Diversität ist somit eine dauerhaft abwechslungsreiche, fettarme, ballaststoffreiche und sekundäre Pflanzeninhaltsstoffe enthaltende Ernährungsform, wie sie beispielsweise der vegetarischen Vollwertkost entspricht!

Ohnehin ist laut der *Deutschen Gesellschaft für Ernährung* (DGE) eine vegetarische Kost mit viel Obst, Gemüse und Vollkorngetreide – möglichst immer aus biologischer Landwirtschaft - zu empfehlen. Gleichsam zeichnet eine „mikrobiom-gesunde Ernährung“ einen weitgehenden Verzicht auf künstliche Lebensmittel-Zusatzstoffe wie z.B. Konservierungsstoffe, Nahrungsemulgatoren, künstliche Aromen, Farbstoffe usw. aus.

Substrate, die ein **physiologisches Mikrobiom begünstigen**

Ballaststoffe (Präbiotika) wie:

* Flohsamenschalen
* Leinsamen
* Akazienfaser
* Weizenkleie
* Resistente Stärke (z.B. Dextrin)
* Fructo-/Galactooligosaccharide
* Amylopectin / Citruspectin
* Vollkornhirse
* Buchweizen
* Erdmandeln
* Baobab (afrik. Affenbrotbaum)

Sekundäre Pflanzenstoffe aus der Gruppe der Polyphenole wie:

* (Epi)Catechin (grüner Tee)
* Procyanidine (rote Trauben)
* Flavanole (Kakao)
* Tannine (Tee)

Substrate, die ein **unphysiologisches Mikrobiom begünstigen**:

- Eiweiß in zu hohen Mengen (unabhängig von der Quelle; auch Entzündungseiweiß steht der putriden Flora als Substrat zur Verfügung)
- Fett in zu hohen Mengen
- Raffinierte Kohlenhydrate/Stärke

Störende Einflüsse auf die Entwicklung eines gesunden Mikrobioms

Demgegenüber stehen die in den hiesigen Breiten eher ungünstigen Ernährungsgewohnheiten, die oftmals bereits im Säuglingsalter durch die Verwendung der Formula-Nahrung ihren Anfang finden. In der Jugend und im Erwachsenenalter summiert sich dazu Stress, ein gestörter Schlaf-Wachrhythmus, der zu hohe Konsum industriell erzeugter Lebensmittel, der übermäßige Konsum von kohlenhydratreichen Nahrungsmitteln sowie die regelmäßige Zufuhr von Zusatzstoffe wie künstliche Aromen, Farbstoffe, Zuckeraustauschstoffe und Nahrungsemulgatoren. Ebenso hemmen Alkohol sowie diverse toxische Rückstände in den Nahrungsmitteln die Entwicklung eines gesunden Mikrobioms. Darüber hinaus sind oft **unnötige Antibiotika-Therapien** ein bedeutender Grund für die Entwicklung von Dysbiosen. Daher sollte während sowie im Anschluss an eine Antibiotika-Gabe eine präventive, probiotische oder synbiotische Therapie durchgeführt werden.

Download

Weiterführende Informationen zur Therapie finden Sie in unserer Fachbroschüre **Intestinales Mikrobiom** in unserem Downloadcenter unter www.ganzimmun.de

Ballaststoffe

Ballaststoffe sind unverdauliche Kohlenhydrate pflanzlicher Nahrungsmittel, die ausschließlich dem Mikrobiom, nicht aber dem Menschen als Nahrungssubstrat dienen. Aus diesem einfachen Sachverhalt lässt sich direkt ableiten, dass durch eine unzureichende Ballaststoffaufnahme zwangsläufig „Versorgungsstörungen“ des Mikrobioms resultieren, die zu gravierenden und ausschließlich nachteiligen Veränderungen für die gesamte gastrointestinale Mikrobiota führen, die sich letztlich in entsprechendem Umfang auch auf den Wirt auswirken.

MVZ Labor
Dr. Kirkamm GmbH

Test, Franzi	
geb. 01.01.1980	w
Barcode 42414067	
Labornummer 1901070218	
Probenabnahme am 07.01.2019	
Probeneingang am 07.01.2019 12:55	
Ausgang am 25.01.2019	

Präbiotika

Präbiotika sind Lebensmittelbestandteile aus der Gruppe der löslichen Ballaststoffe. Sie bestehen aus unverdaulichen natürlichen Fructo-Oligosacchariden (FOS) oder Galacto-Oligosacchariden (GOS), sind magensäurestabil und stehen - entsprechend den o.g. Grundsätzen über Ballaststoffe - dem Mikrobiom und nicht dem menschlichen Organismus als Nährsubstrat zur Verfügung. Somit beeinflussen Präbiotika im Kolon selektiv das Wachstum sowie die Stoffwechselleistung des intestinalen Mikrobioms. Ihnen kommt daher eine bedeutende gesundheiterhaltende Wirkung zu. Bewährt haben sich Mischungen verschiedener Präbiotika, wie sie in Fertigformulierungen in unterschiedlicher Kombination vorliegen.

Präbiotische Oligosaccharide, die bedeutendste Gruppe innerhalb der Präbiotika, sind auch in der Muttermilch enthalten. Sie sind Voraussetzung für eine gesunde Entwicklung des kindlichen Mikrobioms. Damit wird deutlich, dass der Einsatz von Präbiotika bereits auch im Kindesalter angebracht sein kann.

Sekundäre Pflanzeninhaltsstoffe

Sekundäre Pflanzeninhaltsstoffe werden von Pflanzen u.a. als Abwehrstoffe gegen Schädlinge und Krankheiten, als Wachstumsregulatoren oder als Farbstoffe gebildet. Aus Sicht der Evolution ist davon auszugehen, dass bioaktive Pflanzeninhaltsstoffe an der Erhaltung und Förderung der Gesundheit und Leistungsfähigkeit des Menschen essentiell beteiligt sind. Dies scheint auch für das intestinale Mikrobiom zu gelten, welches im besonderen Maße durch Polyphenole moduliert wird. In die Gruppe der Polyphenole gehören Stoffe wie **Procyanidine** sowie Farbstoffe wie **Flavonoide** und **Anthocyane**. Eine abwechslungsreiche, an frischem Obst und Gemüse reiche Ernährung, enthält ausreichend hohe Konzentrationen an sekundären Pflanzeninhaltsstoffen.

Eine aktuelle Studie* belegt die Bedeutung von sekundären Pflanzeninhaltsstoffen auch für die Spezies ***Akkermansia muciniphila***. Durch Polyphenole erhält *Akkermansia* verwertbare Substrate, die Überlebensvorteile nach sich ziehen und so zu seiner Stabilisierung bzw. Vermehrung beitragen.

Literatur:

* Anonye, B. O. 2017. Commentary: Dietary Polyphenols Promote Growth of the Gut Bacterium Akkermansia muciniphila and Attenuate High-Fat Diet-Induced Metabolic Syndrome. Front Immunol. 8:850.

Probiotika

Probiotika sind lebende, stoffwechselaktive Mikroorganismen, die aufgrund ihrer Säureresistenz die Magenpassage überstehen und im Darm spezifische und unspezifische Wirkungen entfalten. Durch ihre metabolische Aktivität kräftigen sie die physiologische, patienteneigene Flora, so dass unerwünschte Keimspezies verdrängt werden können. Durch Substratkonkurrenz hemmen sie Fäulnisbakterien wie z.B. Histaminbildner und stabilisieren so ein physiologisches mikrobielles Darmmilieu.

In der Mikrobiom-Therapie dient die Verabreichung von Probiotika der Ergänzung der oben beschriebenen präbiotischen Maßnahmen im Sinne einer weiteren Optimierung der Milieuverhältnisse. Mit Hilfe der verschiedenen, heute zur Verfügung stehenden Keimkompositionen, können die Maßnahmen in Abhängigkeit des Befundes sowie des klinischen Bildes variiert werden.

Um eine effiziente probiotische Wirkung zu erreichen, sind sowohl tägliche Gaben **hoch konzentrierter Probiotika** (mindestens $1x10^9$) als auch eine möglichst hohe Vielfalt der eingesetzten Bakterienarten erforderlich wie in sog. **Multispezies-Probiotika**.