

Externe Nr. [REDACTED]

Name [REDACTED] Geburtsdatum [REDACTED] Auftrag Nr. [REDACTED]
Vorname [REDACTED] Geschlecht [REDACTED] Eingang am [REDACTED]

Probenentnahme am [REDACTED] Validiert von [REDACTED] Befundstatus [REDACTED] **Endbericht**
Probenmaterial [REDACTED] Validiert am [REDACTED] Befundstatus am [REDACTED]

Test	Ergebnis	Einheit	Normbereich	Vorwert	Probenmaterial Methode
Stuhlagnostik					
Molekulargenetische Mikrobiomanalyse Maxi NEU					
Molekulargenetische Mikrobiomanalyse 3.0					
Eigenschaften des Stuhls					
Farbe	braun			hellbraun	FE NA) VISU
Konsistenz	breiig			breiig	FE NA) VISU
pH-Wert	6,0		5,8 - 6,5	6,5	FE NA) TESTS
Artenvielfalt					
Diversität	5,17		> 5,5		FE NA) MGSEQ

Die Artenvielfalt an Bakterien im Darm (Diversität) kann von Mensch zu Mensch stark variieren. Antibiotika-Gaben, Infektionen, zunehmendes Alter, eine einseitige Ernährung oder Rauchen sind Ursachen einer abnehmenden Diversität.

Grad

4

Enterotyp

Prevotella FE
NA) MGSEQ

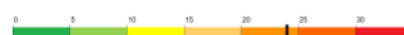
Das Mikrobiom des Menschen lässt sich in drei Enterotypen einteilen. Die Enterotypen bilden stabile, deutlich unterschiedliche Bakterien-Cluster mit typischen Stoffwechseleigenschaften. Enterotyp 1 ist v.a. gekennzeichnet durch hohe Bacteroides-Keimzahlen und Enterotyp 2 durch eine starke Prevotella-Besiedlung. Enterotyp 3 weist eine stark ausgeprägte Ruminococcus-Flora auf.

Enterotyp

2

Dysbioseindex

Der Dysbioseindex stellt ein Maß für Abweichungen innerhalb des Mikrobioms dar. Berücksichtigt werden alle erfassten Phyla, Gattungen und ggf. Arten, in Abhängigkeit von ihrer Relevanz.

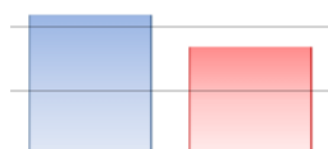


Index

24

Ratio

1,30



Firmicutes / Bacteroidetes
Normbereich: < 3,0

0,17

Actinobacteria / Proteobacteria
Normbereich: > 1,0

3,17

Prevotella / Bacteroides
Normbereich: > 0,1

Test	Ergebnis	Einheit	Normbereich	Vorwert	Probenmaterial Methode
------	----------	---------	-------------	---------	---------------------------

Bakterienphyla

Actinobacteria	0,2	%	1,5 - 7		FE NA) MGSEQ
Bacteroidetes	42,2	%	20 - 45		FE NA) MGSEQ
Firmicutes	54,8	%	50 - 75		FE NA) MGSEQ
Fusobacteria	0,0	%	0,0 - 1,0		FE NA) MGSEQ
Proteobacteria	1,2	%	1,0 - 3,5		FE NA) MGSEQ
Verrucomicrobia	0,5	%	1,5 - 5,0		FE NA) MGSEQ
Sonstige	1,1	%			FE NA) MGSEQ

Metabolom (Stoffwechsel-aktive Bakteriengruppen)

Gallensäuren sek.	49,6	%			
TMA / TMAO	-38,0	%			
Indoxylsulfat	870,2	%			
Phenole	80,8	%			
Ammoniak	-16,2	%			
Histamin	-50,0	%			
Equol	138,0	%			
Beta-Glucuronidasen	-49,6	%			

Bakterienphyla mit den wichtigsten Gattungen und Arten

Actinobacteria

Bifidobakterium	2,1 x 10^7	KBE/g Stuhl	> 1,0 x 10^10		FE NA) MGSEQ
Bifidobakterium longum	67	%			FE NA) MGSEQ
Bifidobakterium adolescentis	33	%			FE NA) MGSEQ

Bacteroidetes

Bacteroides	8,2 x 10^10	KBE/g Stuhl	> 5,0 x10^10		FE NA) MGSEQ
Bacteroides ovatus	27	%			FE NA) MGSEQ
Bacteroides uniformis	25	%			FE NA) MGSEQ
Prevotella	2,6 x 10^11	KBE/g Stuhl	> 1,0 x 10^10		FE NA) MGSEQ
Prevotella copri	26	%			FE NA) MGSEQ

Firmicutes

Butyratbildner

Gesamtkeimzahl	4,0 x 10^11	KBE/g Stuhl	> 2,4 x 10^11		FE NA) MGSEQ
Faecalibacterium prausnitzii	1,6 x 10^11	KBE/g Stuhl	>1,0 x10^11		FE NA) MGSEQ
Eubacterium rectale	4,3 x 10^10	KBE/g Stuhl	> 2,0 x 10^10		FE NA) MGSEQ
Eubacterium hallii	6,5 x 10^10	KBE/g Stuhl	> 1,5 x 10^10		FE NA) MGSEQ
Roseburia spp.	8,2 x 10^10	KBE/g Stuhl	> 3,0 x10^10		FE NA) MGSEQ
Ruminococcus spp.	2,7 x 10^10	KBE/g Stuhl	> 5,0 x 10^10		FE NA) MGSEQ
Coprococcus spp.	2,2 x 10^10	KBE/g Stuhl	> 5,0 x 10^10		FE NA) MGSEQ
Butyrivibrio spp.	3,5 x 10^9	KBE/g Stuhl	>1,5 x 10^10		FE NA) MGSEQ

Clostridien

Gesamtkeimzahl	7,4 x 10^9	KBE/g Stuhl	< 4,0 x 10^9		FE NA) MGSEQ
Clostridien Cluster I	1,0 x 10^5	KBE/g Stuhl	< 2,0 x 10^9		FE NA) MGSEQ
Clostridium histolyticum	< 1,0 x 10^5	KBE/g Stuhl	< 2,0 x 10^9		FE NA) MGSEQ
Clostridium perfringens	< 1,0 x 10^5	KBE/g Stuhl	< 1,0 x 10^8		FE NA) MGSEQ
Clostridium sporogenes	< 1,0 x 10^5	KBE/g Stuhl	< 1,0 x 10^8		FE NA) MGSEQ

Test	Ergebnis	Einheit	Normbereich	Vorwert	Probenmaterial Methode
Weitere Firmicutes					
Christensenellaceae	3,1 x 10^9	KBE/g Stuhl	> 5,0 x 10^9	6,9 x 10^8	FE NA) MGSEQ
Dialister spp.	< 1,0 x 10^5	KBE/g Stuhl	< 4,0 x 10^10	< 1,0 x 10^5	FE NA) MGSEQ
Cl. butyricum	4,2 x 10^7	KBE/g Stuhl	> 1,0 x 10^8	< 1,0 x 10^5	FE NA) MGSEQ
Fusobacteria					
Fusobacterium	6,9 x 10^6	KBE/g Stuhl	< 1,0 x 10^7		FE NA) MGSEQ
Verrucomicrobia					
Akkermansia muciniphila	4,9 x 10^8	KBE/g Stuhl	> 5,0 x 10^9		FE NA) MGSEQ
Proteobacteria					
Pathogene oder potentiell pathogene Bakterien					
Haemophilus spp.	9,0 x 10^7	KBE/g Stuhl	< 5,0 x 10^8		FE NA) MGSEQ
Acinetobacter spp.	< 1,0 x 10^5	KBE/g Stuhl	< 1,0 x 10^6		FE NA) MGSEQ
Proteus spp.	< 1,0 x 10^5	KBE/g Stuhl	< 1,0 x 10^6		FE NA) MGSEQ
Klebsiella spp.	< 1,0 x 10^5	KBE/g Stuhl	< 1,0 x 10^7		FE NA) MGSEQ
Enterobacter spp.	< 1,0 x 10^5	KBE/g Stuhl	< 1,0 x 10^6		FE NA) MGSEQ
Serratia spp.	< 1,0 x 10^5	KBE/g Stuhl	< 1,0 x 10^7		FE NA) MGSEQ
Hafnia spp.	< 1,0 x 10^5	KBE/g Stuhl	< 1,0 x 10^6		FE NA) MGSEQ
Morganella spp.	< 1,0 x 10^5	KBE/g Stuhl	< 1,0 x 10^6		FE NA) MGSEQ
Citrobacter spp.	< 1,0 x 10^5	KBE/g Stuhl	< 5,0 x 10^8		FE NA) MGSEQ
Pseudomonas spp.	< 1,0 x 10^5	KBE/g Stuhl	< 5,0 x 10^7		FE NA) MGSEQ
Providencia spp.	< 1,0 x 10^5	KBE/g Stuhl	< 5,0 x 10^7		FE NA) MGSEQ
H2S-Bildung					
Sulfat-reduzierende Bakterien	1,8 x 10^9	KBE/g Stuhl	< 2,5 x 10^9		FE NA) MGSEQ
Desulfovibrio piger	< 1,0 x 10^5	KBE/g Stuhl	< 1,0 x 10^9		FE NA) MGSEQ
Desulfomonas pigra	< 1,0 x 10^5	KBE/g Stuhl	< 1,0 x 10^9		FE NA) MGSEQ
Bilophila wadsworthii	< 1,0 x 10^5	KBE/g Stuhl	< 2,0 x 10^9		FE NA) MGSEQ
Oxalat-abbauende Bakterien					
Oxalobacter formigenes	< 1,0 x 10^5	KBE/g Stuhl	> 1,0 x 10^8	< 1,0 x 10^5	FE NA) MGSEQ
Immunogenität/Mucusbildung					
Immunogen wirkende Bakterien					
Escherichia coli	6,9 x 10^5	KBE/g Stuhl	10^6 - 10^7		FE NA) MGSEQ
Enterococcus spp.	6,9 x 10^6	KBE/g Stuhl	10^6 - 10^7		FE NA) MGSEQ
Lactobacillus spp.	7,0 x 10^4	KBE/g Stuhl	10^5 - 10^7		FE NA) MGSEQ
Mucinbildung/Schleimhautbarriere					
Akkermansia muciniphila	4,9 x 10^8	KBE/g Stuhl	> 5,0 x 10^9		FE NA) MGSEQ
Faecalibacterium prausnitzii	1,6 x 10^11	KBE/g Stuhl	>1,0 x10^11		FE NA) MGSEQ
Archaea					
Methanogene					
Methanobrevibacter spp.	< 1,0 x 10^5	KBE/g Stuhl	< 5,0 x 10^8		FE NA) MGSEQ
ACHTUNG:Das neue OmicSnap-Röhrchen und die darin enthaltene Matrix ermöglichen einen noch effektiveren Probenaufschluss, vor allem bei den grampositiven Bakterien. Dadurch ergeben sich leichte Verschiebungen in den Normbereichen. Wir bitten das zu berücksichtigen.					
Mykobiom: relevante Hefen					
Candida albicans (CA)	<1,0 x 10^3	KBE/g Stuhl	<1,0 x 10^3		FE NA) QPCR
Candida krusei (CK)	<1,0 x 10^3	KBE/g Stuhl	< 1,0 x 10^3		FE NA) QPCR

Pathobionten

Pathogene Darmprotozoen

Giardia lamblia negativ negativ negativ

Entamoeba histolytica negativ negativ negativ

Cyclospora cavetanensis negativ negativ

Cylindrospora cayentensis negativ negativ negativ negativ A) MOLEK