



Labor Limbach - Im Breitspiel 16 - 69126 Heidelberg

Praxis f. neural. Erkrankungen
Gisela de Abos y Padilla

Augustaanlage 13 (4. OG)
68165 Mannheim

Laborbefund

Eingang / Ausgang	06.09.2023 / 19.10.2023
Patient	Tom Parkinson
Patienten-Code	495-237709 XX.03.1970
Geboren	männlich
Geschlecht	

Sehr geehrte Kolleginnen und Kollegen,
vielen Dank für Ihre Einsendung.
Hiermit teilen wir Ihnen folgenden Befund mit:

Unter Berücksichtigung des hohen Artenreichtums (alpha-Diversität), des Nachweises von *Faecalibacterium* (2 %), *Roseburia* (8 %), *Eubacterium* (1 %), *Collinse/Ja* (0,04 %), *Akkermansia muciniphila* (0,5 %), *Peptostreptococcaceae* (1 %) und *Anaerostipes* (0,1 %), des niedrigen Nachweises von *Enterobacteriaceae* (0,01 %) sowie des Fehlens von *Fusobacterium* (0 %), liefert der Befund keinen Hinweis auf aktive entzündliche Darmveränderungen.

Die angeforderten Parameter (*Oesu/fovibrio desulfuricans*, *Desulfovibrio fairfieldensis*, *Desulfovibrio piger*) waren in den parallel sequenzierten Kontrollproben nachweisbar. Jedoch konnten sie in der Patientenprobe nicht nachgewiesen werden.

Der Nachweis der saccharolytischen, Butyrat bildenden Bakterien *Faeca/ibacterium* (2 %), *Roseburia* (8 %), *Blautia* (3 %), und *Eubacterium* (1 %) zusammen mit dem Nachweis von *Bacteroides* (2 %) und der alpha-Diversität spricht gewöhnlich für eine faser- und ballaststoffdominierte Ernährung.

Auffällig ist ein erhöhter Nachweis an *Bifidobacterium adolescentis* (9 %) und *Coprococcus eutactus*. (5 %).
Die Erhöhung des *Bifidobacteriums* kann auf die Einnahme von Probiotika zurückzuführen sein.

Bei den nicht weiter differenzierbaren *Lachnospiraceae* (35 %) handelt es sich um einen *Agathobacter rectalis* (früher *Eubacterium rectalis*). Eine Bewertung der physiologischen Relevanz des erhöhten Nachweises von *Agathobacter rectalis* ist nach aktueller Publikationslage nur eingeschränkt möglich. *Agathobacter rectalis* wird bedingt durch die hohe Butyratbildungskapazität eine gesundheitsfördernde Funktion zugesprochen, jedoch gibt es in der Literatur Hinweise, dass besonders bei Patienten mit Reizdarmsyndrom ein vergleichbar hohes Vorkommen zu beobachten ist.



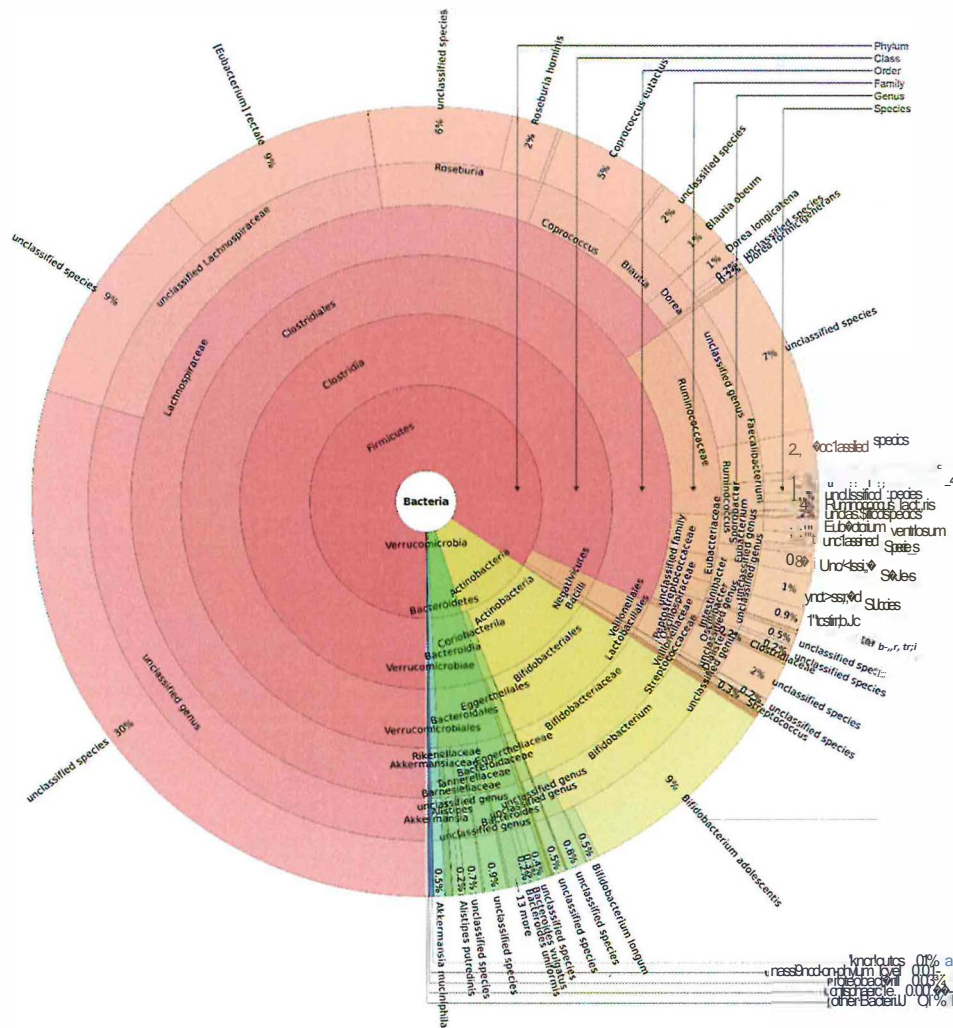
Insgesamt ein normwertiger Stuhlbefund, wobei die bakterielle Signatur mit der eines irritablen Kolons vereinbar ist. Nach aktueller Datenlage ist eine Diagnose nur im Zusammenhang mit der Klinik möglich.

Für eine detaillierte Aufstellung der Daten siehe:

<https://mikrobiom.labor-limbach.de/login.cgi>

User: Ihr Patienten Code + Password: Ihr Patienten Code

Firmicutes/Bacteroidetes-Ratio:	19,96
Artenreichtum (alpha-Diversität) nach Shannon	4,10
Enterotype:	Firmicutes/ Ruminococcus



Graphische Darstellung der bakteriellen Zusammensetzung des Mikrobioms. Jeder Ring stellt die Zusammensetzung (in Prozent) der Bakterien in der Probe auf Phylum (Stamm)/Klasse/Ordnung/Familien/Genus (Art) und Spezies Ebene (von innen nach außen) dar. Für detaillierte Darstellung siehe <https://labor-limbach.biobyte.de> User: Ihr Patienten- Code+ Passwort: Ihr Patienten-Code.

Graphical representation of the bacterial composition of the microbiome. Each ring represents the composition (in percent) of the bacteria in the sample on phylum/class/order/family/genus/species. For a detailed description see: <https://labor-limbach.biobyte.de> User: your patient-code + password: your patient-code.



Phylum	Familie	Genus	Spezies	Patient(%)	Nr ¹ (%)
Actinobacteria					
	- Actinomycetaceae			11	57
	- Actinomycetes			0.05	s 0.1
		Actinomyces		0.05	s 0.1
			Actinomyces lingnae	0.007	0
			Actinomyces meyeri	0.005	0
			Actinomyces odontolyticus	0.03	s 0.1
	- Atopobiaceae			0.16	s 0.1
	- f. Olsenella			0.14	0
	- Bifidobacteriaceae			10	s 3
	- Bifidobacterium			9	s 3
		Bifidobacterium	Bifidobacterium adolescentis	9	s 0.8
			Bifidobacterium Jongum	0.49	s 0.7
			Bifidobacterium ruminantium	0.009	0
	- Coriobacteriaceae			0.03	s 0.5
	- Collinsella			0.03	s 0.4
		Collinsella	Collinsella aerofaciens	0.03	± 0.4
	- Eggerthellaceae			0.58	s 2
	- Adlercreutzia			0.02	s 0.1
	- Eggerthella			0.02	s 0.2
	- Gordonibacter			0.005	s 0.1
		Gordonibacter	Gordonibacter pamelaee	0.005	s 0.1
	- Slackia			0.04	0
	- Micrococcaceae			0.007	0
	- Rothia			0.007	0
		Rothia	Rothia mucilaginosa	0.005	0
	- Propionibacteriaceae			0.009	0
	- Propionibacterium			0.009	0
		Propionibacterium	Propionibacterium freudenreichii	0.009	0
tet^r → 110tes					
	- Bacteroidaceae			4	≤ 60
	- Bacteroides			2	s 36
		Bacteroides		2	s 34
			Bacteroides caccae	0.04	s 0.7
			Bacteroides cellulosilyticus	0.005	s 0.3
			Bacteroides coprocola	0.10	0
			Bacteroides dorei	0.15	s 0.9
			Bacteroides eggerthii	0.06	0
			Bacteroides finegoldii	0.007	s 0.1
			Bacteroides massiliensis	0.12	s 0.1
			Bacteroides ovatus	0.02	s 2
			Bacteroides salyersiae	0.03	0
			Bacteroides stercoris	0.05	s 0.2
			Bacteroides thetaiotaomicron	0.04	s 0.2
			Bacteroides uniformis	0.24	s 6
			Bacteroides vulgatus	0.31	s 6
	- Barnesiellaceae			0.71	s 1
	- Barnesiella			0.005	s 0.8
		Barnesiella	Barnesiella viscericla	0.005	s 0.7
	- Odoribacteraceae			0.009	s 0.3
	- Prevotellaceae			0.21	s 1
	- Paraprevotella			0.02	0
		Paraprevotella	Paraprevotella clara	0.02	0
	- Prevotella			0.02	s 0.2
		Prevotella	Prevotella copri	0.005	0
	- Rikenellaceae			0.55	s 5
	- Alistipes			0.50	s 3
		Alistipes	Alistipes finegoldii	0.009	s 0.1
			Alistipes indistinctus	0.10	s 0.2
			Alistipes putredinis	0.24	s 0.9
			Alistipes shahii	0.09	s 0.3
			Alistipes timonensis	0.03	0
	- Tannerellaceae			1.00	≤ 2
	- Parabacteroides			0.08	s 1
		Parabacteroides	Parabacteroides distasonis	0.009	s 0.5
			Parabacteroides merdae	0.07	< 0.5
Bifidobacteria					
	- Acidaminococcaceae			0.01	s 2
	- Acidaminococcus			0.007	s 0.4
	- Bacillaceae			0.02	0
	- Christensenellaceae			0.01	s 0.2
	- Clostridiaceae			0.23	s 2
	- Butyricoccus			0.13	s 0.4
		Butyricoccus	Butyricoccus desmolans	0.06	s 0.1
	- Clostridium			0.03	s 0.5
		Clostridium	Clostridium sp. ATCC BAA-442	0.009	s 0.2
	- Clostridiales Family XIII. Incertae Sedis			0.14	s 0.5
	- Erysipelotrichaceae			0.10	s 1
	- Erysipelatoclostridium			0.08	s 0.3
	- Holdemanella			0.005	s 0.1
		Holdemanella	Holdemanella biformis	0.005	s 0.1
	- Eubacteriaceae			2	s 8
	- Eubacterium			1	s 7
		Eubacterium	Eubacterium oxidoreducens	0.009	0
			Eubacterium ramulus	0.19	s 1
			Eubacterium ventriosum	0.60	s 2
			[Eubacterium] eligens	0.17	s 4
	- Lachnospiraceae			65	s 85
	- Anaerostipes			0.06	s 0.2
	- Blautia			3	s 3
		Blautia	Blautia obeum	1	s 0.8
			[Ruminococcus] torques	0.005	s 0.1
	- Coprococcus			5	s 3
		Coprococcus	Coprococcus comes	0.13	s 0.3
			Coprococcus eutactus	5	s 1
	- Dorea			1	s 12
		Dorea	Dorea formicigenerans	0.20	s 1
			Dorea longicatena	1	± 10

Der Bericht wird auf der nächsten Seite fortgesetzt (Report continues on the next page)



Phylum	Familie	Genus	Spezies	Patient{ %}	Nk ¹ (%)
	- Faecalicatena			0.05	s 0.1
	- Lachnospiraceae			0.09	s 5
		[Clostridium]	symbiosum	0.02	s 1
	- Pseudobutyrvibrio			0.03	0
		Pseudobutyrvibrio	ruminis	0.03	0
	- Roseburia			8	s 9
		Roseburia	hominis	2	s 2
		Roseburia	intestinalis	0.18	s 0.1
	- Tyzzerella			0.01	s 0.3
		[Clostridium]	propionicum	0.009	0
- Lactobacillaceae				0.05	s 0.1
	- Lactobacillus			0.05	s 0.1
		Lactobacillus	fuchuensis	0.005	0
		Lactobacillus	plantarum	0.02	0
		Lactobacillus	rhamnosus	0.007	0
- Oscillospiraceae				0.91	s 5
	- Oscillibacter			0.67	s 4
		Oscillibacter	valericigenes	0.17	s 1
- Peptostreptococcaceae				1	s 0.4
	- Intestinibacter			0.88	s 0.2
		Intestinibacter	bartlettii	0.88	s 0.2
	- Terrisporobacter			0.06	0
		Terrisporobacter	mayombei	0.007	0
- Ruminococcaceae				11	s 39
	- Anaerofilum			0.007	s 0.1
	- Anaerotruncus			0.005	0
		Anaerotruncus	colihominis	0.005	0
	- Faecalibacterium			2	s 7
		Faecalibacterium	sp. MC_41	0.34	s 2
	- Ruminiclostridium			0.08	s 0.5
		[Eubacterium]	siraeum	0.06	s 0.1
	- Ruminococcus			1	s 7
		Ruminococcus	albus	0.02	0
		Ruminococcus	bromii	0.03	s 2
		Ruminococcus	callidus	0.57	s 0.2
		Ruminococcus	lactaris	0.35	s 1
	- Sporobacter			0.21	s 2
- Streptococcaceae				0.35	s 2
	- Streptococcus			0.33	s 1
		Streptococcus	mitis	0.03	s 0.1
		Streptococcus	salivarius	0.14	s 0.2
		Streptococcus	thermophilus	0.07	s 0.3
- Veillonellaceae				2	s 11
	- Dialister			2	s 9
		Dialister	invisus	0.01	s 7
fÜsoliacena				0	0
- Fusobacteriaceae				0	0
	- Fusobacterium			0	0
Proteobacterii!				0.03	s 5
- Desulfovibrionaceae				0.01	s 0.6
	- Bilophila			0.009	s 0.3
		Bilophila	wadsworthia	0.009	s 0.3
- Enterobacteriaceae				0.01	s 0.7
- Sutterellaceae				0.005	s 1
Verrucomicrobia				0.48	s 2
- Akkermansia				0.48	s 2
	- Akkermansia			0.48	s 2
		Akkermansia	muciniphila	0.46	s 2

Tabellarische Darstellung der häufigsten Bakterien auf Phylum-, Familien-, Genus- und Spezies Ebene in %. Eine Bewertung der Qualität jeder einzelnen Identifizierung finden Sie in der Web-Darstellung des Befundes auf der Webseite <https://labor-limbach.biobyte.de> unter der Rubrik "Taxonomische Häufigkeit"

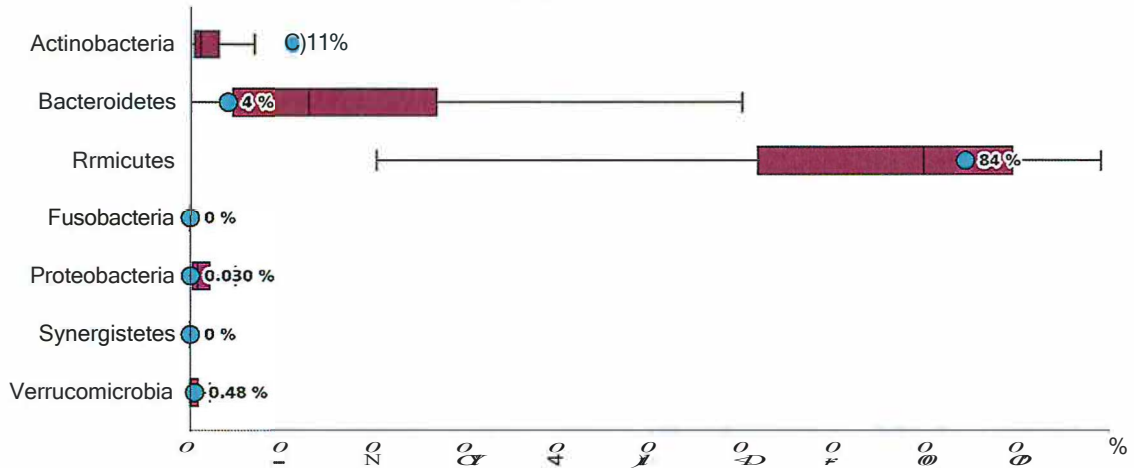
Tabular presentation of the most common bacteria on phylum-, family-, genus- and species level. An evaluation of the quality of each individual identification can be found in the web presentation of the report on the website <https://labor-limbach.biobyte.de> under the rubric "Taxonomic frequency"

1 Normalkollektive.

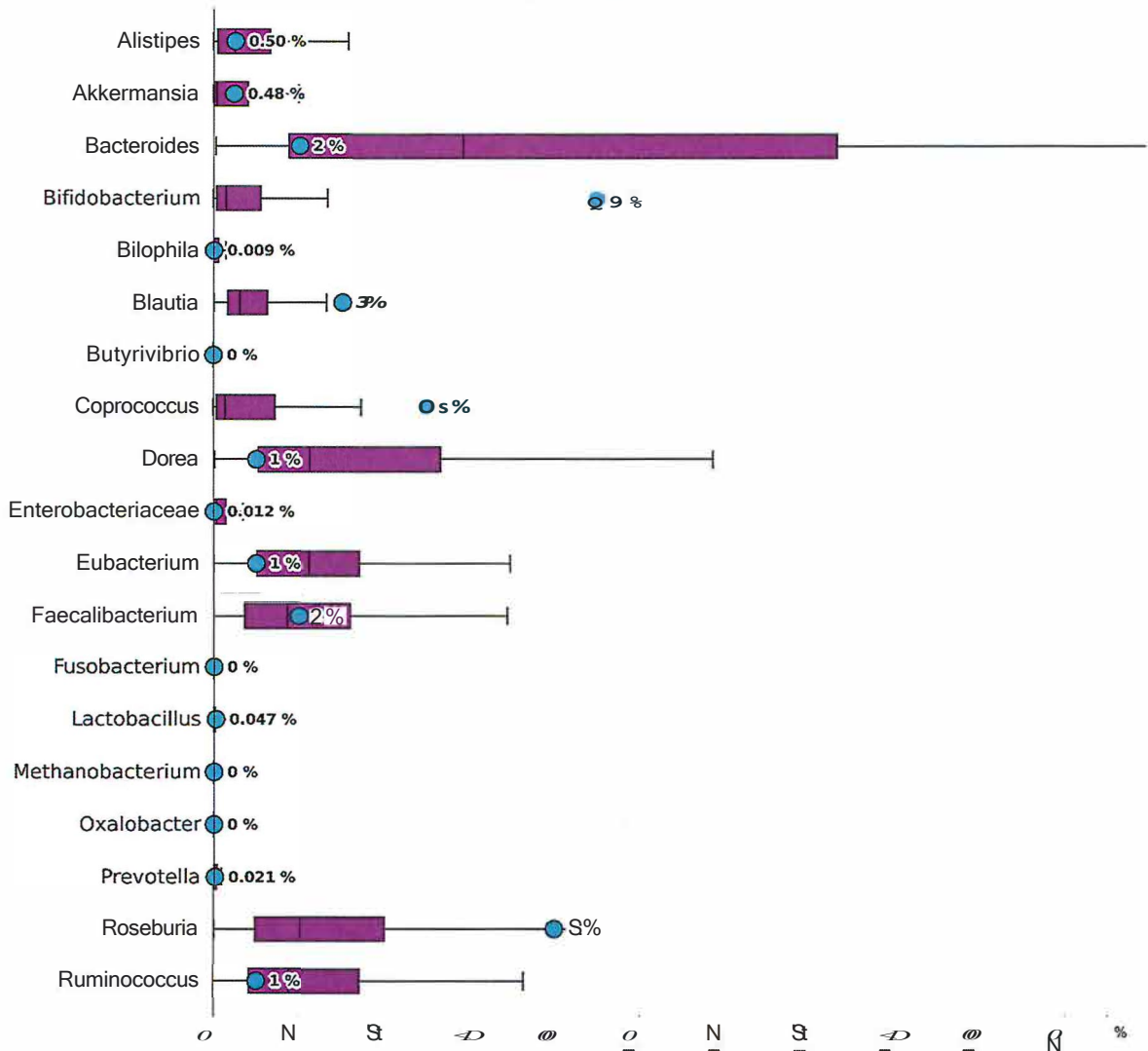
1 Normal collective



A: Phylum



B: Genus



Graphische Darstellung der Häufigkeitsverteilung der zu untersuchenden Probe auf Phylum - Ebene (A) und wichtiger Bakterienstämme (B) im Vergleich zu einem Normalkollektiv. Das Normalkollektiv wird als Boxplot dargestellt. Die Box (graue Fläche) entspricht der Häufigkeit, in der die mittleren 50 % der Daten liegen. Durch die Linie werden die außerhalb der Box liegenden Werte (ohne Ausreißer) dargestellt.

Graphical representation of the frequency distribution of the sample to be examined at phylum level (A) and important bacterial strains (B) compared to a normal collective. The normal collective is shown as a box plot. The box (gray area) corresponds to the frequency of the average of 50% of the data. The line shows the values outside the box (without outliers).