

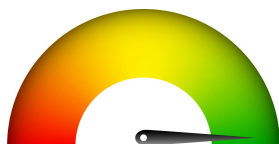


210025YH Muster

laboratorium *rapport*

Uitslag, Pagina 1 van 10

Diversiteit



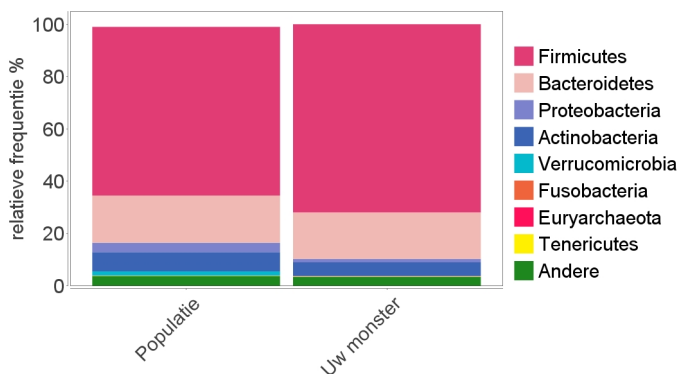
De diversiteit komt overeen met de verscheidenheid van de bacteriële flora in de darm. Het vertegenwoordigt de stabiliteit en kolonisatieresistentie.

FODMAP-Index



FODMAP-arme voeding wordt aanbevolen voor de verbetering van prikkelbare darm-achtige of gastro-intestinale klachten.

Frequentieverdeling bacteriënstammen



De frequentieverdeling vormt een overzicht van de verhoudingen onder de meest voorkomende bacteriënstammen en vergelijkt uw monster met de gemiddelde verdeling binnen de populatie.

Dysbiose

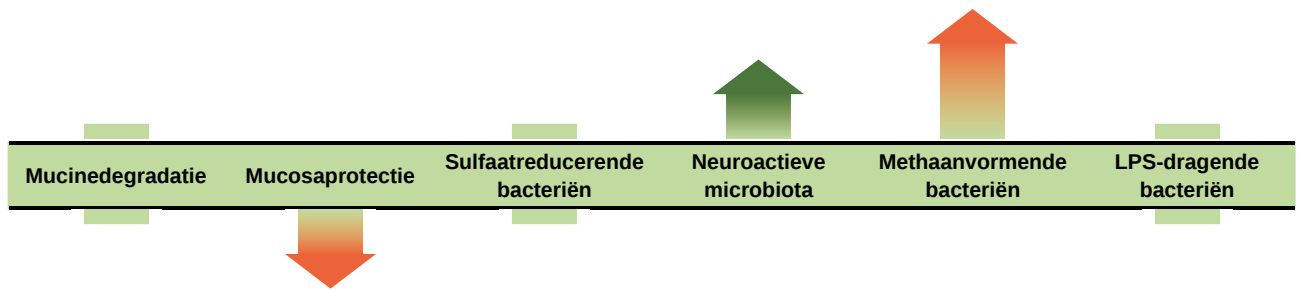
Algemene beoordeling dysbiose



De dysbiose-pijlgrafiek verduidelijkt de afwijkingen van de pH-waarde, het rottingsflora, het verzurende en histaminevormende flora evenals de gisten en schimmels van de onderliggende referentiebereiken.

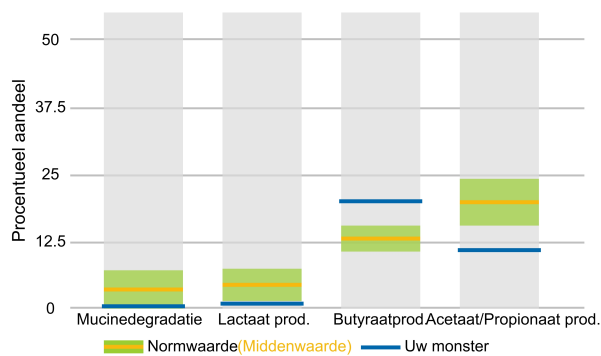


Functionele bacteriegroepen



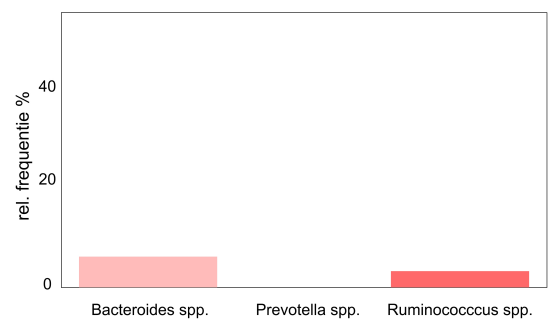
De pijlgrafiek toont de gemeten afwijkingen van de functionele bacteriegroepen van de populatiewaarden.

Bacteriële metabole activiteit



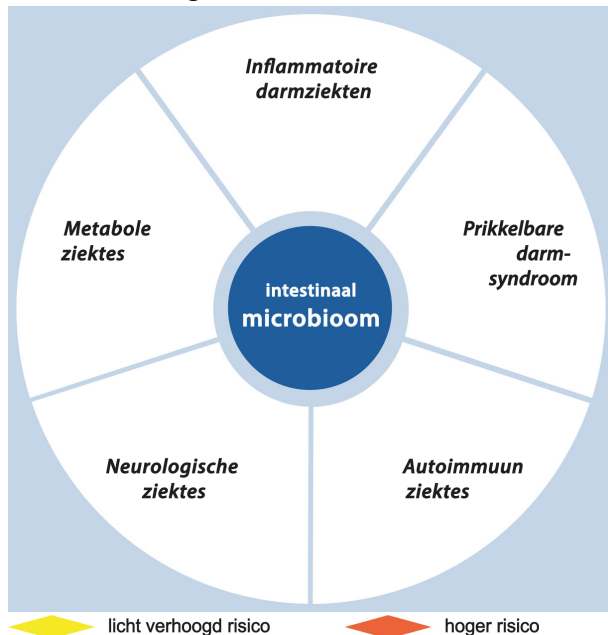
Een toewijzing tot de groepen gebeurde op basis van de bij de bacteriesoorten bekende overheersende metabole prestatie (gemodificeerd volgens Brown et al. 2011).

Enterotype onduidelijk



Het darm-microbioom kan vanwege de dominerende bacteriën in 3 enterotypes verdeeld worden, die conclusies mogelijk maken over langetermijn-eetgewoonten.

Microbioom-geassocieerde risico's



Het microbioom heeft invloed op bepaalde gezondheidsrisico's. Het optreden van deze risico's kan worden veroorzaakt door het ontbreken van beschermende bacteriën of door de aanwezigheid van potentieel pathogene bacteriën. Pijlen in de grafiek duiden op een verhoogd microbiom-geassocieerd risico in dit gebied.



Bio-indicatoren

pH-waarde van de ontlasting	6,5		5,5 - 6,5
Biodiversiteit (Shannon index)**	5,44		> 4,6
Firmicutes / bacteroidetes-verhouding**	4,1		2,9 - 4,8
Butyraat vorming**	20,3	%	11,0 - 19
Lactaat vorming**	0,6	%	1,5 - 7,7
Acetaat- / propionaatvorming**	10,9	%	12,0 - 21
Mucinedegradatie**	0,1	%	0,01 - 7,4
LPS-dragende bacteriën**	0,237	%	< 2,2

Bacteriestammen (phyla)

Firmicutes	71,960	%	61 - 70
Bacteroidetes	17,742	%	14 - 22
Proteobacteria	1,300	%	1,4 - 5,9
Actinobacteria	5,195	%	3,6 - 11
Verrucomicrobia	0,118	%	0,001 - 3,2
Fusobacteria	0,000	%	< 0,002
Cyanobacteria	0,013	%	0,001 - 0,009
Euryarchaeota	0,173	%	< 0,05
Tenericutes	0,166	%	0,001 - 0,1

Functionele bacteriegroepen



Mucinedegraderende bacteriën

Akkermansia muciniphila	0,121	%	0,001 - 3,2
Prevotella spp.	0,000	%	0,001 - 2,4
Prevotella copri	0,000	%	< 0,7



Mucosaprotectieve microbiota

Akkermansia muciniphila	0,121	%	0,001 - 3,2
Faecalibacterium prausnitzii	12,620	%	6,7 - 12



Sulfaatreducerende bacteriën

Bilophila wadsworthia	0,057	%	< 0,4
-----------------------	-------	---	-------

Desulfobacter spp.	0,000	% 	< 0,001
Desulfovibrio spp.	0,027	% 	< 0,2
Desulfuromonas spp.	0,000	% 	< 0,001



Neuroactieve microbiota

Bifidobacterium adolescentis	0,000	% 	0,001 - 2,6
Bifidobacterium dentium	0,000	% 	> 0,001
Lactobacillus brevis	0,000	% 	> 0,001
Lactobacillus plantarum	0,000	% 	> 0,001
Lactobacillus paracasei	0,000	% 	> 0,001
Oscillibacter spp.	0,066	% 	< 0,3
Alistipes spp.	0,790	% 	0,2 - 1,3



Methaanvormende bacteriën

Methanobacteria	0,173	% 	< 0,05
Methanobrevibacter spp.	0,175	% 	< 0,04



LPS-dragende bacteriën

Citrobacter spp.	0,000	% 	< 0,002
Enterobacter spp.	0,007	% 	< 0,006
Escherichia spp.	0,000	% 	< 0,1
Klebsiella spp.	0,002	% 	< 0,003
Providencia spp.	0,000	% 	< 0,001
Pseudomonas spp.	0,235	% 	< 0,001
Serratia spp.	0,000	% 	< 0,001
Sutterella spp.	0,000	% 	< 1,6



Immuunmodulatie

Escherichia spp.	0,000	% 	< 0,1
Enterococcus spp.	0,000	% 	0,001 - 0,01



Vezelaftbrekende microbiota

Bifidobacterium adolescentis	0,000	% 	0,001 - 2,6
Ruminococcus spp.	3,158	% 	0,7 - 5,1



Butyraatvormende bacteriën

Butyrivibrio crossotus	0,000	% 	> 0,001
Eubacterium spp.	0,518	% 	0,2 - 0,9
Faecalibacterium prausnitzii	12,620	% 	6,7 - 12
Roseburia spp.	3,996	% 	0,4 - 2,4
Ruminococcus spp.	3,158	% 	0,7 - 5,1



Acetaat-/ Propionaatvormende bacteriën

Alistipes spp.	0,790	% 	0,2 - 1,3
Bacteroides spp.	5,979	% 	6,4 - 15

**laboratorium rapport**

Uitslag, Pagina 5 van 10



Bacteroides vulgatus	0,005	%		0,6 - 5,1
Dorea spp.	0,930	%		0,5 - 1,2

**Lactaatvormende / saccharolytische bacteriën**

Bifidobacterium spp.	0,560	%		0,4 - 6,5
Bifidobacterium adolescentis	0,000	%		0,001 - 2,6
Enterococcus spp.	0,000	%		0,001 - 0,01
Lactobacillus spp.	0,009	%		0,07 - 1,3

Histaminevormende bacteriën

Citrobacter spp.	0,000	%		< 0,002
Clostridium spp.	0,786	%		0,4 - 0,9
Enterobacter spp.	0,007	%		< 0,006
Hafnia alvei	0,000	%		< 0,001
Klebsiella spp.	0,002	%		< 0,003
Serratia spp.	0,000	%		< 0,001
Escherichia spp.	0,000	%		< 0,1

Clostridiaceae

Clostridium spp.	0,786	%		0,4 - 0,9
Clostridium difficile	0,000	%		< 0,025
Clostridium scindens	0,136	%		> 0,006

Overige bacteriën

Fusobacterium nucleatum	0,000	%		< 0,001
Oxalobacter formigenes	0,000	%		> 0,001
Anaerotruncus colihominis	0,045	%		0,005 - 0,03
Streptococcus spp.	1,152	%		0,2 - 1,9

Gisten en schimmels

Candida spp.	0,000	%		< 0,002
Candida albicans	0,000	%		< 0,001
Geotrichum candidum	0,000	%		< 0,001
Saccharomyces cerevisiae	0,000	%		< 0,03

Overzicht van de moleculaire ontlastingsdiagnostiek, verwijzing naar:

- Met microbiom geassocieerde gezondheidsrisico's

Uitslaginterpretatie van het intestinale microbiom

Diversiteit

De microbiële diversiteit in uw ontlasting is **optimaal**.

In tegenstelling tot menselijke genomen, die 99,99% identiek zijn, vertoont het intestinaal microbiom een **hoge genetische diversiteit**. Met diversiteit wordt de soortenrijkdom bedoeld, die in een microbiom voorkomen. Fysiologisch bezit het microbiom een hoge diversiteit, dus een groot aantal van verschillende species. Bij een lage diversiteit is de mens zeer gevoelig voor verschillende ziektes, zoals het prikkelbaredarmsyndroom, voedingsintoleranties, chronisch inflammatoire darmziekten en infecties. De belangrijkste en meest voorkomende oorzaak voor een verminderde verscheidenheid is het gebruik van antibiotica, waarvan het spectrum een directe invloed op de vermindering van de diversiteit heeft.

FODMAP-Index

De samenstelling van uw darmmicrobiom wijst op een FODMAP-type 3.

Een FODMAP-arm dieet wordt sterk aanbevolen bij type 3 om prikkelbare darm-achtige klachten of andere gastro-intestinale klachten te verminderen.

De term FODMAP ("Fermentable Oligosaccharides, Disaccharides, Monosaccharides And Polyols") beschrijft bepaalde, korte keten, gemakkelijk fermenteerbare koolhydraten alsook suikeralcoholen, die van nature in talrijke voedingsmiddelen aanwezig zijn. Patiënten met prikkelbare darm-achtige, gastro-intestinale klachten kunnen, afhankelijk van de samenstelling van hun intestinale microbiom, van een FODMAP-arme voeding profiteren.

Literatuurbronnen:

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

De ontlastingsuitslag vertoont in hoge mate **fysiologische verhoudingen** tussen rottingsflora, verzurende flora en de histamine-vormende bacteriën.

De **verzurende flora is licht verminderd**. De vermindering van de **Bifidobacterium spp.**, **Lactobacillus spp.** of **Enterococcus spp.** kan tot een verstoorde kolonisatieresistentie en aanwas van pathogene bacteriën leiden. Mogelijke oorzaken zijn een eenzijdige eiwitrijke resp. vetvrije voeding, slechte spijsvertering of plasma-eiwitverlies in het duodenum door inflammatoire slijmvliesveranderingen. De neutraliserende functie is verstoord, waardoor groei van rottingsbacteriën resp. histaminevormende bacteriën tot buikklachten kan leiden.

Enterotype-bepaling

Uw ontlastingsmonster kon niet aan een bekend enterotype toegewezen worden.



Het intestinale microbioom kan in drie zogenaamde **enterotypes** ingedeeld worden. Deze zijn onafhankelijk van leeftijd, geslacht, lichaamsgewicht en nationaliteit. Studies wijzen erop, dat jarenlange voedingsmonsters, bijvoorbeeld de consumptie van dierlijke vetten en proteïnen een verandering tussen enterotypes kunnen veroorzaken. Ook worden eerste verbanden tussen enterotype III en de ziekte atherosclerose beschreven (Karlsson FH et al, Symptomatic atherosclerosis is associated with an altered gut metagenome, Nat. Commun. 3:1245 (2012)).

Bio-indicatoren

Firmicutes/Bacteroidetes-verhouding

De stammen van de **firmicutes** en de **bacteroidetes** zijn met **meer dan 90%** de beide dominerende bacteriegroepen in de menselijke darm.

Daarbij kunnen darmbacteriën van de **firmicuten**-stammen door **afbraak van onverteerde voedselbestanddelen** aan het menselijk lichaam korte keten koolhydraten en vetzuren als **aanvullende energiebron** ter beschikking stellen.

In talrijke studies kon aangetoond worden, dat de verhouding van firmicutes tot bacteroidetes met het lichaamsgewicht van de mens samenhangt. Door een verhoogd aandeel van firmicutes wordt een verhoogde koolhydraathoeveelheid via het menselijke darmslijmvlies geresorbeerd.

Mucosaprotectieve flora

De mucosaprotectieve flora van uw monster ligt in het **suboptimale bereik**. De bescherming van de intestinale mucosa door *Akkermansia muciniphila* en *Faecalibacterium prausnitzii* is licht gereduceerd. Het kiemgetal van de mucosaprotectieve flora kan door een vezelrijke voeding behouden en verhoogd worden.

Akkermansia muciniphila is een gramnegatief obligaat anaeroob staafje. Het is een mucine splitsende kiem, die onder andere door metabole splitsproducten wezenlijk aan de het behoud van de ***Faecalibacterium prausnitzii*** bijdraagt. Actuele studies toonden een positieve invloed van de bacterie op gezondheidsfactoren aan. Bovendien kon in studies een **anti-inflammatoire werking** en een positieve invloed van *Akkermansia muciniphila* op het behoud van een **intacte darmbarrière** aangetoond worden.

Faecalibacterium prausnitzii is een gramnegatief obligaat anaeroob staafje, dat tot de stam van de firmicutes behoort. De bacterie behoort tot de drie meest voorkomende anaërobe bacteriën van de darmflora. Bij patiënten met **inflammatoire darmziekten, prikkelbaredarmsyndroom** en **coeliakie** werden veranderingen bij specifieke bacteriënsoorten van de darmflora aangetoond. Een dergelijke verandering is de afname van het kiemgetal *Faecalibacterium prausnitzii*. In diverse studies konden belangrijke effecten van de bacterie op cellen van het immuunsysteem aangetoond worden. Bovendien is bekend, dat door de productie van boterzuur ontstekingsprocessen in de darm aanzienlijk gereduceerd worden. *Faecalibacterium prausnitzii* behoort aantoonbaar tot de grootste boterzuurvormende bacteriën in de dikke darm.

Alles bij elkaar reduceert *Faecalibacterium prausnitzii* intestinale ontstekingsprocessen en heeft een gunstige invloed op inflammatoire darmziekten,



Door veel recente studies kon een positieve correlatie van hoge kiemgetallen van de ***Akkermansia muciniphila*** en volgende toestanden aangetoond worden:

- ▶ Laag lichaamsgewicht
- ▶ Laag vetpercentage
- ▶ Gereduceerde metabole endotoxemie door bacteriële lipopolysacchariden
- ▶ Verminderde adipose weefselontsteking
- ▶ Verminderde insulineresistentie (diabetes type 2)



In verschillende studies konden de volgende **immunologische effecten** van ***F. prausnitzii*** aangetoond worden:

- ▶ Remming van de transcriptiefactor NF- κ B → Remming van het pro-inflammatoire interleukins 8 (IL-8)
- ▶ Productie van boterzuur, die bovendien de factor NF-KB remt.
- ▶ Differentiatie van de regulatoire T-cellen daardoor toename van het anti-inflammatoire interleukins 10 (IL-10), afname van het pro-inflammatoire interleukins 12 (IL-12)

zoals de ziekte van Crohn en Colitis ulcerosa.

Butyraatvormende bacteriën

Butyraatvormende bacteriën zijn vooral *Faecalibacterium prausnitzii*, *Eubacterium spp.*, *Roseburia spp.*, *Ruminococcus spp.* en *Butyrivibrio crossotus*.

Dergelijke bacteriën verminderen darmondstekingsprocessen door de vorming van regulerende T-cellen te bevorderen en door de vorming van pro-inflammatoire cytokinen van macrofagen en dendritische cellen te remmen. Butyraat verhoogt bovendien het zuurstofverbruik van de colonocyten en verbetert het fenomeen van "fysiologische hypoxie" van het mucosa, dat bijdraagt aan de ondersteuning van de darmbarrièrefunctie. Bij kankercellen remt het de proliferatie en induceert het apoptose.

Een vermindering van de butyraatvormers kan ontstekingsprocessen bevorderen die de permeabiliteit van het darmslijmvlies (lekkende darm) verhogen en de verschijning van ontstekingsziekten (ziekte van Crohn, Colitis Ulcerosa), prikkelbaredarmsyndroom, voedselintoleranties en coeliakie bevorderen.

Mucinedegraderende bacteriën

Mucinedegraderende bacteriën zijn vooral *Akkermansia muciniphila* en *Prevotella*-species. Dergelijke bacteriën kunnen mucine afbreken en zijn essentieel voor de vernieuwing van de fysiologische mucinelaag. Daardoor ondersteunen ze het behoud van een intacte darmbarrière door butyraatvormende bacteriën, zoals *Faecalibacterium prausnitzii*.

Sulfaatreducerende bacteriën

Sulfaatreducerende bacteriën zoals *Desulfovibrio spp.*, *Desulfomonas spp.* en *Desulfobacter spp.*, zijn anaërobe bacteriën die energie krijgen door sulfaatreductie en grote hoeveelheden sulfaat vormen. Het metabole eindproduct van de bacteriën is zwavelwaterstof, dat cytotoxische eigenschappen bezit. Zwavelwaterstof kan een remming van de butyraatoxidatie teweeg brengen, die essentieel is voor de energievoorziening van de colonocyten. Een toename van de sulfaatreducerende bacteriën kan een chronische ontsteking van het darmepitheel veroorzaken.

Methaan-producerende bacteriën

Methaan-producerende bacteriën zoals *Methanobrevibacter spp.* en *Methanobacterium spp.* behoren tot het domein van de Archaea. Ze worden gekenmerkt door het feit dat ze bacteriële primaire en secundaire fermentatieproducten, zoals waterstof en kooldioxide in methaan kunnen omzetten. Daardoor spelen ze een grote rol bij het optimaliseren van de energiebalans. Bovendien heeft methaan een remmend effect op de intestinale motiliteit, wat kan leiden tot een versterking van chronische obstipatie. Deze bacteriën kunnen ook dendritische cellen van het darmmucosa activeren en de vorming TNF-alpha en andere pro-inflammatoire cytokinen induceren.

Saccharolytische bacteriën

Saccharolytische bacteriën in de darm zijn verantwoordelijk voor de splitsing van complexe poly- en oligosacchariden zoals bijv. resistent zetmeel. Het melkzuur dat bij de splitsing ontstaat, dient andere bacteriën zoals *Ruminococcus bromii* of *Faecalibacterium prausnitzii* als basis voor de productie van boterzuur. Een sleutelrol speelt hierbij *Bifidobacterium adolescentis*, wat in een studie met gezonde proefpersonen onderzocht is (Venkataraman et al. Microbiome 2016).

LPS-bacteriën

LPS-bacteriën zijn gramnegatieve bacteriën, die in het buitenmembraan lipopolysacchariden (LPS) als zogenaamd endotoxine leiden en na het binnendringen in de darmmucosa bij een Leaky-Gut pro-inflammatoire processen kunnen activeren. De activering van het immuunsysteem kan als consequentie een laaggradige chronische ontsteking ("silent Inflammation") hebben.



Neuroactieve microbiota

Neuroactieve microbiota zijn microbiota, die meewerken aan het metabolisme van neuroactieve stoffen of dergelijke stoffen vormen.

Alistipes-soorten zijn indol-positief en kunnen daarmee de beschikbaarheid van tryptofaan beïnvloeden.

Omdat **tryptofaan de voorloper is van serotonine**, kan het verhoogde kiemgetal van *Alistipes* daarom het evenwicht van het serotonerge systeem in de darm verstoren. *Oscillibacter* vormt valeriaanzuur als de belangrijkste metaboliet. Valeriaanzuur heeft een structurele gelijkenis met **gamma-aminoboterzuur (GABA)** en kan, net als GABA, binden aan GABA-receptor en deze remmen. Bacteriën die het neuroactieve **gamma-aminoboterzuur (GABA)** kunnen vormen, omvatten o.a. *Bifidobacterium adolescentis*, *Bifidobacterium dentium*, *Lactobacillus brevis*, *Lactobacillus plantarum* en *Lactobacillus paracasei*.

Microbioom-geassocieerde gezondheidsrisico's

De gespecificeerde risico's vormen geen diagnose, maar eerder die in de huidige wetenschappelijke studies bepaalde statistische relaties tussen ziektekiemen en specifieke ziektebeelden in relatie tot de vastgestelde microbiom..

Metabole ziekten	Prikkelbare-darmsyndroom	Inflammatoire darmziekten	Autoimmuunziektes	Neurologische ziektes
Adipositas	Prikkelbare darm	Chronisch-inflammatoire darmaandoeningen	Coeliakie	Depressie
Diabetes mellitus type 2	Leaky gut syndroom	Gastrointestinale gevoeligheid voor infecties	Reumatoïde artritis	Chronisch vermoeidheidssyndroom
Cardiovasculaire ziektes	Histamine-intolerantie	Dysbiose	Psoriasis	Autisme Spectrum Stoornis
Niet-alcoholische leververvetting	Voedselintolerantie	Kolonisatieresistentie	Allergie / astma	De ziekte van Parkinson
Alcoholische leververvetting	SIBOS	Colorectaal carcinoom	Diabetes mellitus type 1	De ziekte van Alzheimer

Overige risico's

Calciumoxalaatstenen

Volgens een studie van een werkgroep van het Slone Epidemiology Center van de Boston University, de Harvard Medical School en de urologische kliniek van de Duke University kan de bacterie *Oxalobacter formigenes* in het darmkanaal het risico op de ontwikkeling van nierstenen met tot ca. 70 procent doen dalen. De onderzoekers geven aan, dat het beschermende effect waarschijnlijk berust op een metabolisme van oxalaat in het spijsverteringskanaal. De afwezigheid van de bacterie kan daarentegen het risico op de vorming van dergelijke nierstenen verhogen.

Voor individueel overleg over deze laboratoriumuitslagen dient u contact op te nemen met een arts of therapeut.

Medisch gevalideerd door Dr. med Patrik Zickgraf en collega's.
Deze diagnose is elektronisch geproduceerd en is dus ook zonder handtekening geldig.

De met * gekenmerkte onderzoeken werden uitgevoerd door een van onze laboriapartners .