



210021DE Muster

laboratorium *rapport*

Uitslag, Pagina 1 van 12

Benodigd onderzoeksmateriaal: ontlasting, Microbiom speciaal buisje

Diversiteit



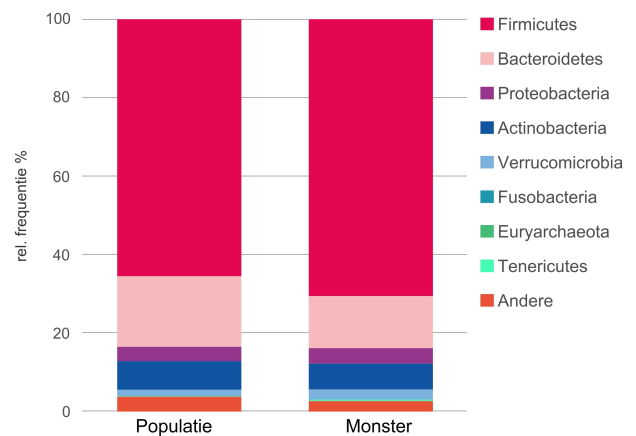
De diversiteit komt overeen met de verscheidenheid van de bacteriële flora in de darm. Het vertegenwoordigt de stabiliteit en kolonisatie-resistentie.

Classificatie van het enterotype



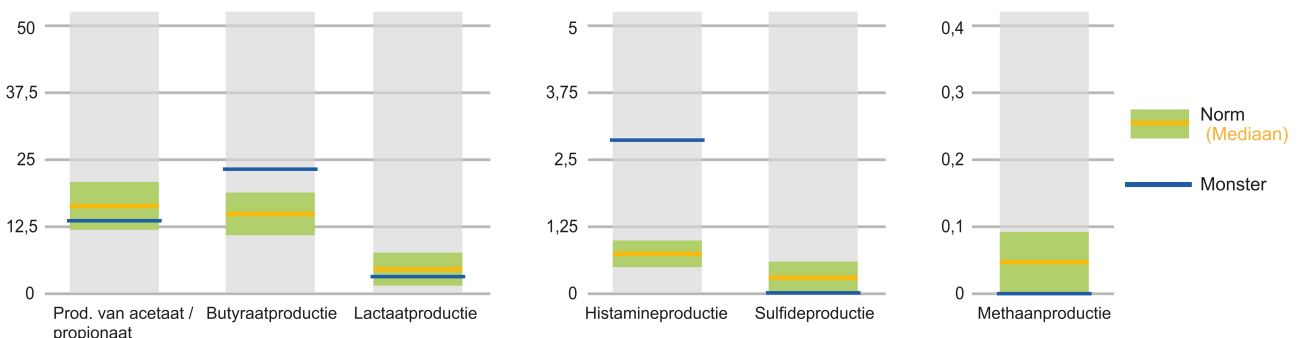
Het intestinale microbiome kan worden verdeeld in 3 enterotypen op basis van de dominante bacteriën, wat conclusies mogelijk maakt over langdurige eetgewoonten.

Frequentieverdeling bacteriënstammen



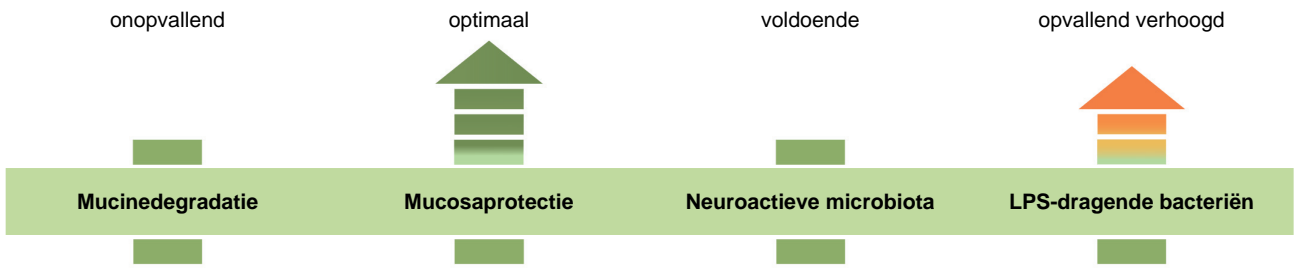
De frequentieverdeling vormt een overzicht van de verhoudingen onder de meest voorkomende bacteriënstammen en vergelijkt uw monster met de gemiddelde verdeling binnen de populatie.

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).

Functionele bacteriegroepen



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

FODMAP-Index

De term FODMAP ("Fermentable Oligosaccharides, Disaccharides, Monosaccharides And Polyols") beschrijft bepaalde, kortketenige, gemakkelijk fermenteerbare koolhydraten alsook suikeralcoholen, die van nature in talrijke voedingsmiddelen aanwezig zijn.



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

Microbioom-geassocieerde gezondheidsrisico's



De genoemde risico's stellen **geen diagnose** voor, maar illustreren eerder de statistische relaties tussen kiemen en specifieke ziektebeelden in relatie tot het geïdentificeerde microbioom, vastgesteld in recent wetenschappelijk onderzoek.



Bio-indicatoren

pH-waarde van de ontlasting	6,8		5,5 - 6,5
Biodiversiteit (Shannon index)**	5,48		> 4,6
Firmicutes / bacteroidetes-verhouding**	5,3		2,9 - 4,8
Butyraat vorming**	23,4	%	11,0 - 19
Lactaat vorming**	3,2	%	1,5 - 7,7
Acetaat- / propionaatvorming**	13,7	%	12,0 - 21
Mucinedegradatie**	2,6	%	0,01 - 7,4
LPS-dragende bacteriën**	2,450	%	< 2,2

Bacteriestammen (phyla)

Firmicutes**	70,565	%	61 - 70
Bacteroidetes**	13,280	%	14 - 22
Proteobacteria**	3,941	%	1,4 - 5,9
Actinobacteria**	6,573	%	3,6 - 11
Verrucomicrobia**	2,608	%	0,001 - 3,2
Fusobacteria**	0,003	%	< 0,002
Cyanobacteria**	0,013	%	0,001 - 0,009
Euryarchaeota**	0,000	%	< 0,05
Tenericutes**	0,365	%	0,001 - 0,1

Functionele bacteriegroepen

Mucinedegraderende bacteriën

Akkermansia muciniphila**	2,645	%	0,001 - 3,2
Prevotella spp.**	0,000	%	0,001 - 2,4
Prevotella copri**	0,000	%	< 0,7

Mucosaprotectieve microbiota

Akkermansia muciniphila**	2,645	%	0,001 - 3,2
Faecalibacterium prausnitzii**	13,031	%	6,7 - 12

Sulfaatreducerende bacteriën

Bilophila wadsworthia**	0,015	%		< 0,4
Desulfobacter spp.**	0,000	%		< 0,001
Desulfovibrio spp.**	0,000	%		< 0,2
Desulfuromonas spp.**	0,000	%		< 0,001

Neuroactieve microbiota

Bifidobacterium adolescentis**	0,892	%		0,001 - 2,6
Bifidobacterium dentium**	0,001	%		> 0,001
Lactobacillus brevis**	0,000	%		> 0,001
Lactobacillus plantarum**	0,003	%		> 0,001
Lactobacillus paracasei**	0,000	%		> 0,001
Oscillibacter spp.**	0,098	%		< 0,3
Alistipes spp.**	1,354	%		0,2 - 1,3

Methaanvormende bacteriën

Methanobacteria**	0.000	%		< 0,05
Methanobrevibacter spp.**	0,000	%		< 0,04

LPS-dragende bacteriën

Citrobacter spp.**	0,792	%		< 0,002
Enterobacter spp.**	0,021	%		< 0,006
Escherichia spp.**	0,970	%		< 0,1
Klebsiella spp.**	0,040	%		< 0,003
Providencia spp.**	0,000	%		< 0,001
Pseudomonas spp.**	0,001	%		< 0,001
Serratia spp.**	0,001	%		< 0,001
Sutterella spp.**	0,357	%		< 1,6

Immuunmodulatie

Escherichia spp.**	0,970	%		< 0,1
Enterococcus spp.**	0,288	%		0,001 - 0,01

Vezelafbrekende microbiota

Bifidobacterium adolescentis**	0,892	%		0,001 - 2,6
Ruminococcus spp.**	7,262	%		0,7 - 5,1

Butyraatvormende bacteriën

Butyrivibrio crossotus**	0,000	%		> 0,001
Eubacterium spp.**	0,949	%		0,2 - 0,9
Faecalibacterium prausnitzii**	13,031	%		6,7 - 12
Roseburia spp.**	2,118	%		0,4 - 2,4

laboratorium rapport

Uitslag, Pagina 5 van 12



Ruminococcus spp.**	7,262	%		0,7 - 5,1
---------------------	-------	---	--	-----------

Acetaat-/ Propionaatvormende bacteriën

Alistipes spp.**	1,354	%		0,2 - 1,3
Bacteroides spp.**	7,669	%		6,4 - 15
Bacteroides vulgatus**	0,008	%		0,6 - 5,1
Dorea spp.**	1,118	%		0,5 - 1,2

Lactaatvormende / saccharolytische bacteriën

Bifidobacterium spp.**	1,936	%		0,4 - 6,5
Bifidobacterium adolescentis**	0,892	%		0,001 - 2,6
Enterococcus spp.**	0,288	%		0,001 - 0,01
Lactobacillus spp.**	0,509	%		0,07 - 1,3

Histaminevormende bacteriën

Citrobacter spp.**	0,792	%		< 0,002
Clostridium spp.**	1,062	%		0,4 - 0,9
Enterobacter spp.**	0,021	%		< 0,006
Hafnia alveii**	0,000	%		< 0,001
Klebsiella spp.**	0,040	%		< 0,003
Serratia spp.**	0,001	%		< 0,001
Escherichia spp.**	0,970	%		< 0,1

Urolithine-vormende microbiota

Gordonibacter pamelaee**	0,002	%		0,001 - 0,02
Gordonibacter urolithinifaciens**	0,400	%		> 0,001
Enterocloster citroniae**	0,002	%		0,001 - 0,009
Enterocloster asparagiformis**	0,002	%		0,001 - 0,002
Enterocloster bolteae**	0,004	%		0,003 - 0,04
Ellagibacter isourolithinifaciens**	0,090	%		> 0,001

Clostridiaceae

Clostridium spp.**	1,062	%		0,4 - 0,9
--------------------	-------	---	--	-----------

Clostridium difficile**	0,000	%		< 0,025
Clostridium scindens**	0,133	%		> 0,006

Overige bacteriën

Fusobacterium nucleatum**	0,000	%		< 0,001
Oxalobacter formigenes**	0,083	%		> 0,001
Anaerotruncus colihominis**	0,004	%		0,005 - 0,03
Streptococcus spp.**	0,441	%		0,2 - 1,9

Gisten en schimmels

Candida spp.**	0,003	%		< 0,002
Candida albicans**	0,000	%		< 0,001
Geotrichum candidum**	0,000	%		< 0,001
Saccharomyces cerevisiae**	0,007	%		< 0,03
Schimmels**	negativ			negativ

Protozoën (Parasieten) i. ontlasting (multiplex PCR):

Blastocystis hominis (PCR)	negativ			negativ
Cyclospora cayetanensis (PCR)	negativ			negativ
Cryptosporidium spp. (PCR)	negativ			negativ
Dientamoeba fragilis (PCR)	negativ			negativ
Entamoeba histolytica (PCR)	negativ			negativ
Giardia lamblia (PCR)	negativ			negativ

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.

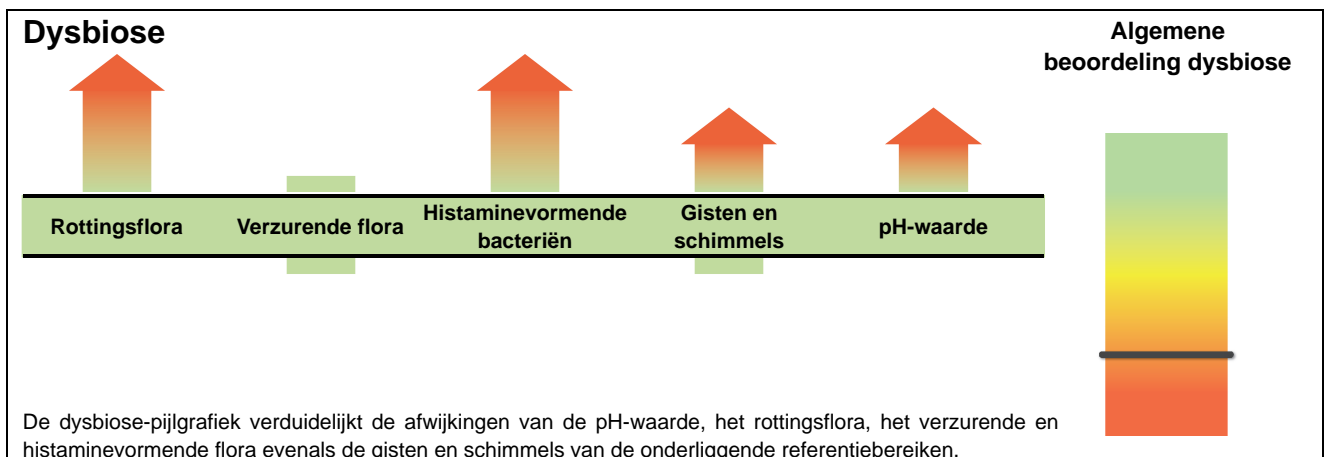
De term FODMAP ("Fermentable Oligosaccharides, Disaccharides, Monosaccharides And Polyols") beschrijft bepaalde, korte keten, gemakkelijk fermenteerbare koolhydraten alsook suikeralcoholen, die van nature in talrijke voedingsmiddelen aanwezig zijn. Patiënten met prikkelbare darm-achtige, gastro-intestinale 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 x 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 een **aanzienlijk toegenomen rottingsflora**, die van nature in de menselijke darm aantoonbaar is, maar die alleen tot een bepaald kiemgetal getolereerd zou moeten worden. Rottingsbacteriën metaboliseren versterkt eiwit en vet, wat leidt tot de vorming van gassen en toxisch werkende metabolieten. Dat kan op lange termijn leiden tot schade aan het darmslijmvlies. De in de darm ontstane alkaliserende stofwisselingsproducten worden voor het grootste deel door de lever ontgift, waardoor het orgaan toch door de endogene intoxicatie aanzienlijk belast wordt. Door deze endogene intoxicatie kan het komen tot een zo genaamde niet-alcoholische leververvetting (NASH resp. NAFLD) of tot een risico op maligne.

De ontlastingsflora wordt grotendeels door **sterk verhoogde kiemgetallen van histamine-vormende bacteriën** gekenmerkt, die maar tot een bepaald kiemgetal getolereerd zou moeten worden. Ze kunnen dus tot een aanzienlijke belasting van het organisme bijdragen. Histamine wordt door de dysbiotische darmflora via de decarboxylering van met de voeding opgenomen histidine

gevormd. De oorzaken voor het woekeren van histaminevormers zijn divers, maar in principe door een verhoogd aanbod aan vet en eiwit of een onvoldoende antagonistiserende werking van de fysiologische darmbacteriën.

Een modulatie van de microbiota in de darm door pro- of prebiotica kan in dit geval gunstig uitwerken op de intestinale homeostase en zou een therapeutische optie kunnen zijn.

Enterotype-bepaling

Het enterotype van uw ontlastingsmonster komt overeen met type 3.

Het intestinale microbiom 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 **optimale bereik**. Er is een adequate bescherming van de intestinale mucosa door *Akkermansia muciniphila* en *Faecalibacterium prausnitzii*.

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, zoals de ziekte van Crohn en Colitis ulcerosa.

Butyraatvormende bacteriën



Der **Enterotyp III** wordt door de overheersende bacteriegroep *Ruminococcus spp.* gekenmerkt. Deze is betrokken bij de hydrolyse van mucines en de opname van het daardoor ontstaande suiker door het celmembraan, alsook bij de biosynthese van heem.



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 interleukin 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 interleukin 10 (IL-10), afname van het pro-inflammatoire interleukin 12 (IL-12)



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

Dergelijke bacteriën verminderen darmontstekingsprocessen 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.

Urolithine-vormende microbiota

Het bestudeerde microbiom komt overeen met het **urolithine-metabotype UM-0**. Microbiomen van dit metabotype kunnen noch **urolithine A** noch **urolithine B** synthetiseren uit **ellagitanninen** en **ellaginezuur**.

Urolithinen, met name urolithine A en B, zijn metabolische producten die ontstaan door de verwerking van **ellagitanninen** en **ellaginezuur** door bepaalde darmbacteriën. Deze voorlopers komen veel voor in voedingsmiddelen zoals granaatappels, bessen, druiven, tropisch fruit en noten. Er bestaan drie metabotypen van het microbiom: **UM-0** (geen productie van urolithine A en B), **UM-A** (productie van urolithine A) en **UM-B** (productie van zowel urolithine A als B).

Urolithinen, vooral urolithine A, spelen een cruciale rol in de gezondheid van cellen. Hun belangrijkste biologische functie is het bevorderen van **mitofagie**, een cellulair zelfreinigingsproces waarbij defecte mitochondriën worden afgebroken en vervangen door nieuwe. Dit is essentieel voor de energievoorziening van cellen en gaat verouderingsprocessen tegen. **Urolithine A** heeft ook ontstekingsremmende en antioxidatieve eigenschappen en kan de spiergezondheid verbeteren en het immuunsysteem versterken. **Urolithine B** heeft ook gezondheidsvoordelen, maar wordt als minder effectief beschouwd.

Omdat de natuurlijke aanmaak van urolithine A in de darmen verstoord is, kan directe suppletie met urolithine A een effectieve manier zijn om de biologische effecten ervan te benutten. Klinische studies hebben aangetoond dat directe suppletie met urolithine A individuele verschillen in de natuurlijke synthese van urolithine A kan compenseren. Bovendien wijzen studies erop dat de consumptie van granaatappelextract de groei van de bacterie *Gordonibacter* bevordert.

Neuroactieve microbiota

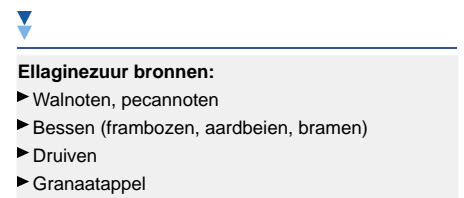
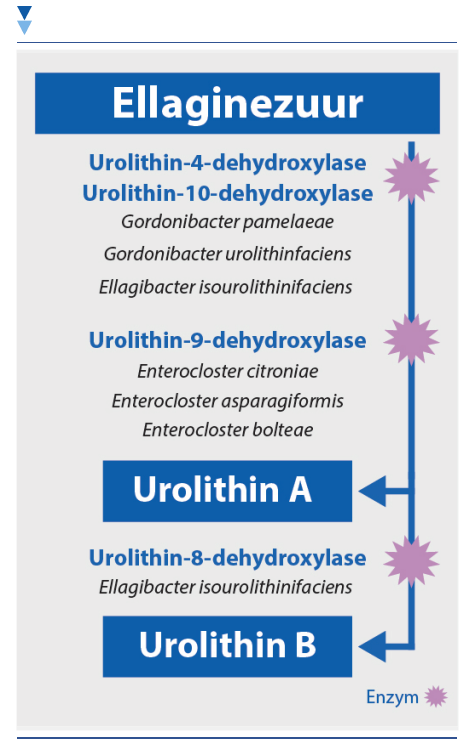
Neuroactieve microbiota zijn microbiota, die meewerken aan het metabolisme van neuroactieve stoffen of dergelijke stoffen vormen.

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 metabooliet. 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*.

Microbiom-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..



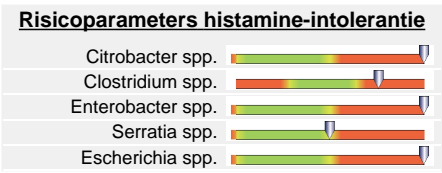


Metabole ziekten	Prikkelbare-darmsyndroom	Inflammatoire darmziekten	Autoimmuunziektes	Neurologische ziektes
Adipositas	Prikkelbare darm	Chronisch-inflammatoire darmaandoeningen	Coeliakie	Depressie
Diabetes mellitus type 2	Leaky gut syndroom	Gastrointestinale gevoeligheid voor infecties	Reumatoïde artritis	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

Prikkelbaredarmsyndroom

Histamine-intolerantie

Histamine speelt een centrale rol bij allergische reacties en fungeert als een bemiddelaar bij ontstekingsprocessen. Verhoogde fecale histamineconcentraties kunnen veroorzaakt zijn door een toegenomen histamine-inname via de voeding of verhoogde intestinale rottingsactiviteit en histamine-synthese van darmbacteriën. Deze bacteriële metabole activiteit wordt voornamelijk veroorzaakt door het hoge aantal Proteobacteria. Bij een gelijktijdig gereduceerde diversiteit kunnen symptomen zoals bij histaminine-intolerantie voorkomen. Een toereikend aantal van boterzuurproducerende bacteriën zoals *Faecalibacterium prausnitzii* alsook een grote verscheidenheid van de bacteriën in de darm kunnen oorzakelijk deze symptomen tegengaan.



Candida albicans / Candida spp.

In het ontlastingsmonster werd Candida spp. aangetroffen. Kolonisatie door Candida spp. in het spijsverteringskanaal kan bij vatbare patiënten leiden tot diverse klachten, die door middel van antischimmelbehandeling kunnen worden verlicht of verholpen.

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 .
** Examen niet geaccrediteerd