

Webinar PAIS and butyrate

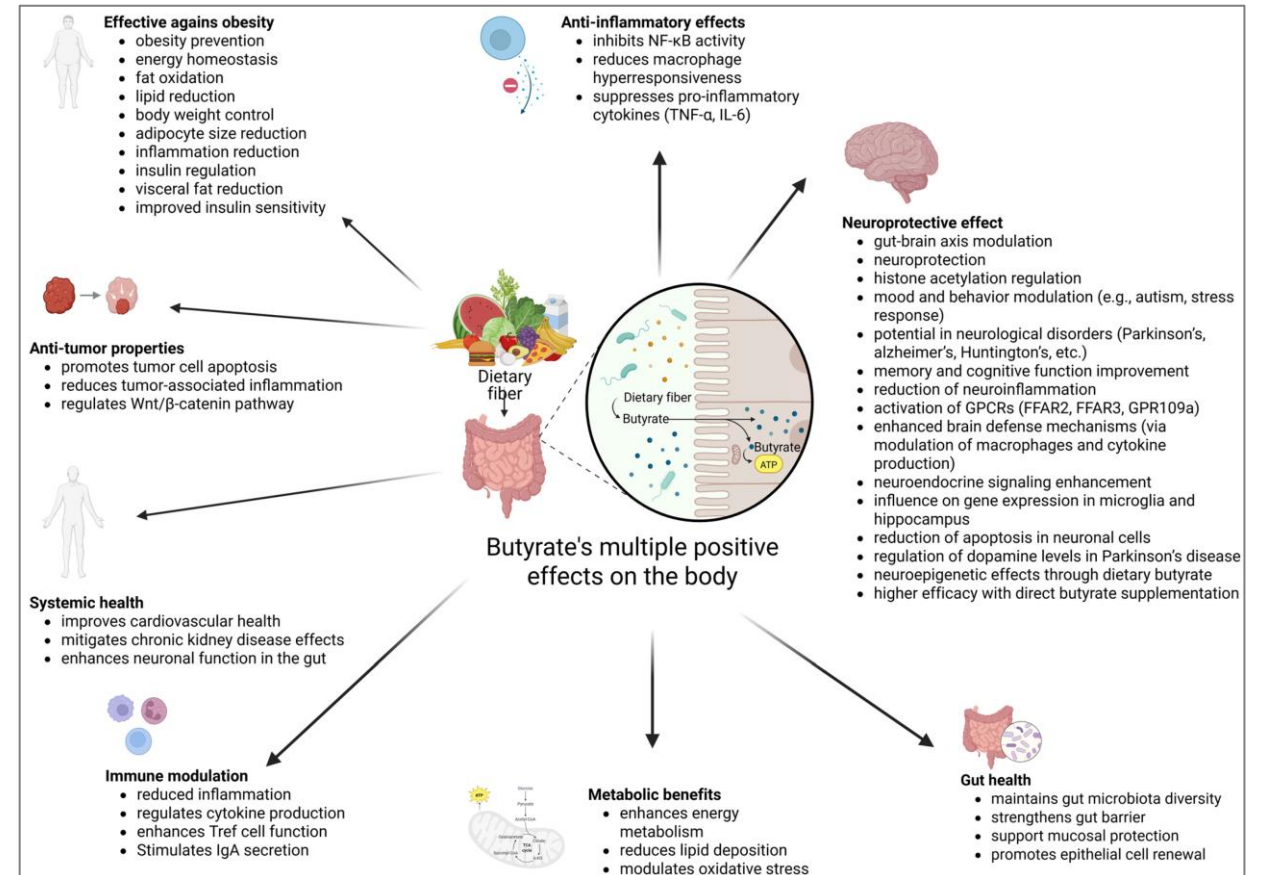
How to treat low butyrate-producing capacity

08-4-2026

Koosje Janssen, Dennis Zeilstra

Conclusions

1. Butyrate is a bacterial metabolite that is key for our health
2. It has both local and systemic effects
3. Levels are very low in PAIS patients
4. Low levels can be treated with several approaches



1. Kalkan, A. E. et al. *Nutrients*.17.,1305.(2025)

Three approaches to treat low butyrate

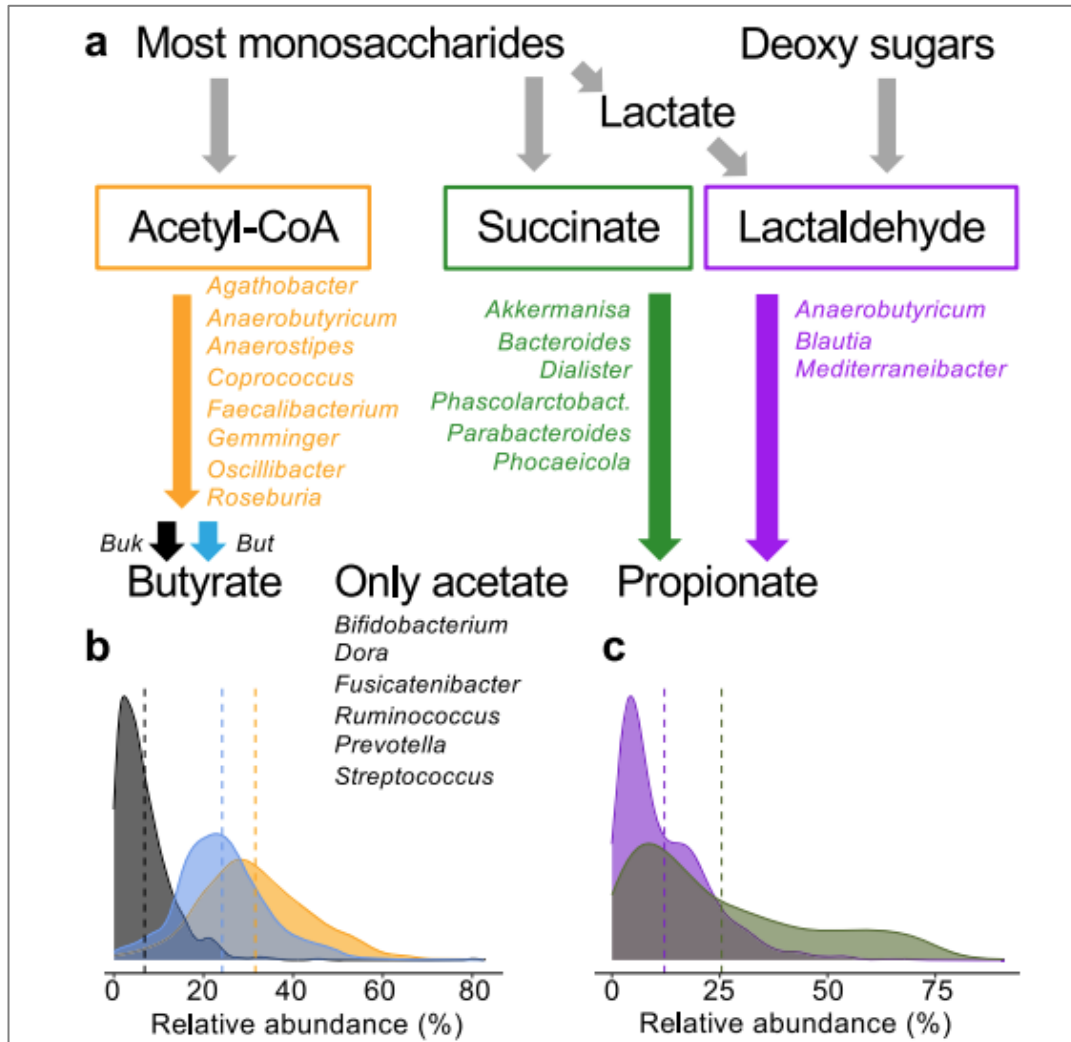
1



Prebiotic fibers



1 Prebiotics: substrate for butyrate production by commensals

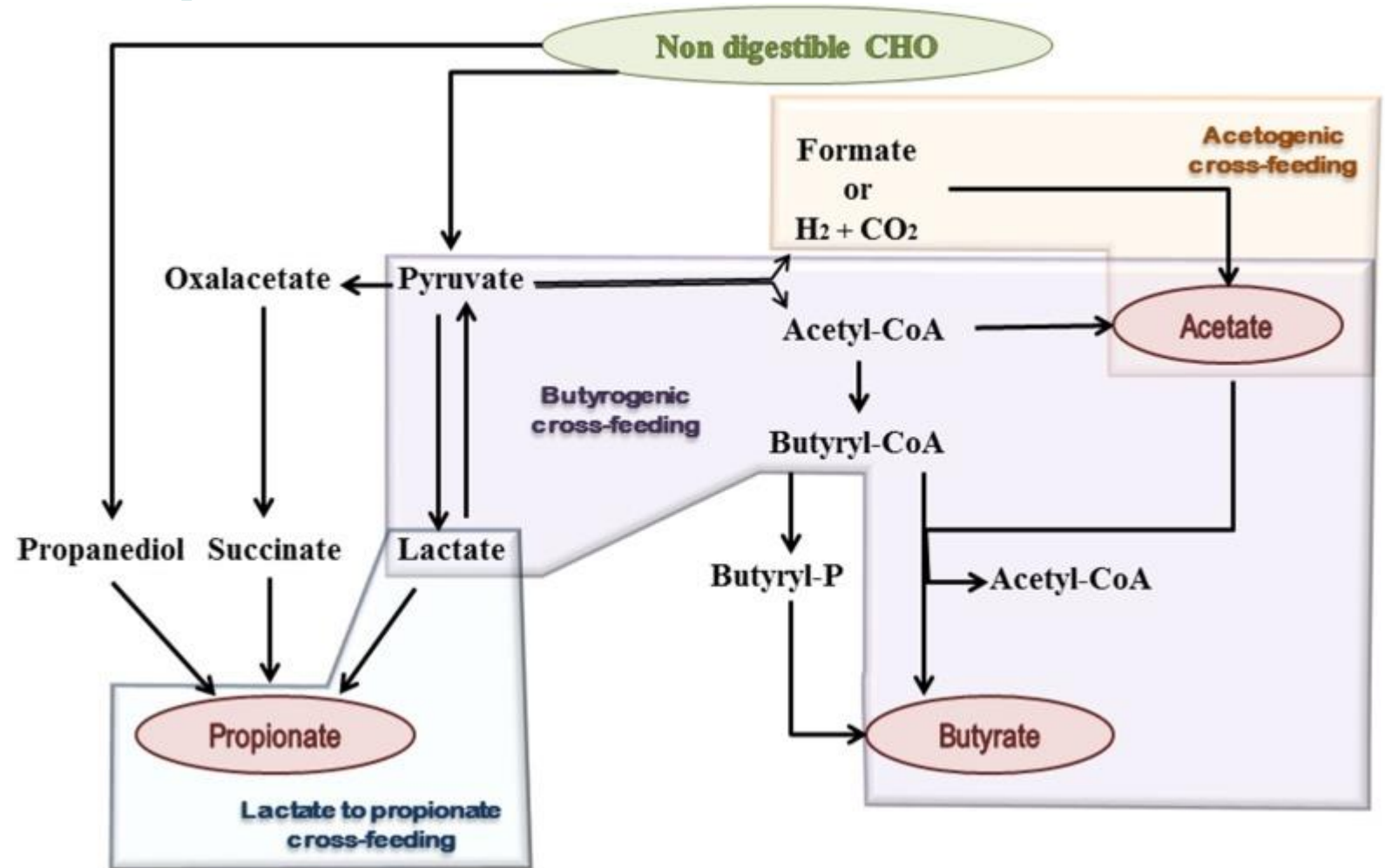


- Short chain fatty acid (SCFA) types¹:
 - Acetate (most abundant: 60%)
 - Propionate (20%)
 - Butyrate (20%)
- Produced by fermentation of fibers and sugars
- The number of taxa that exhibit the enzymatic capabilities is very different per pathway

1. Parada Venegas, D. et al. *Front. Immunol.* 10., (2019)
 2. Van-Wehle, T. et al. *npj Biofilms Microbiomes.* 10., 63. (2024)

1 Prebiotics: substrate for butyrate production by commensals

- Pathways¹:
 - Butyrate: 2 main pathways
 - Propionate: 3 pathways, 2 main
 - Acetate: 2 main pathways



1. Ríos-Covián, D. et al. Front Microbiol. 7:185 (2016)

1

Prebiotics: not all fibers are equal (1/2)

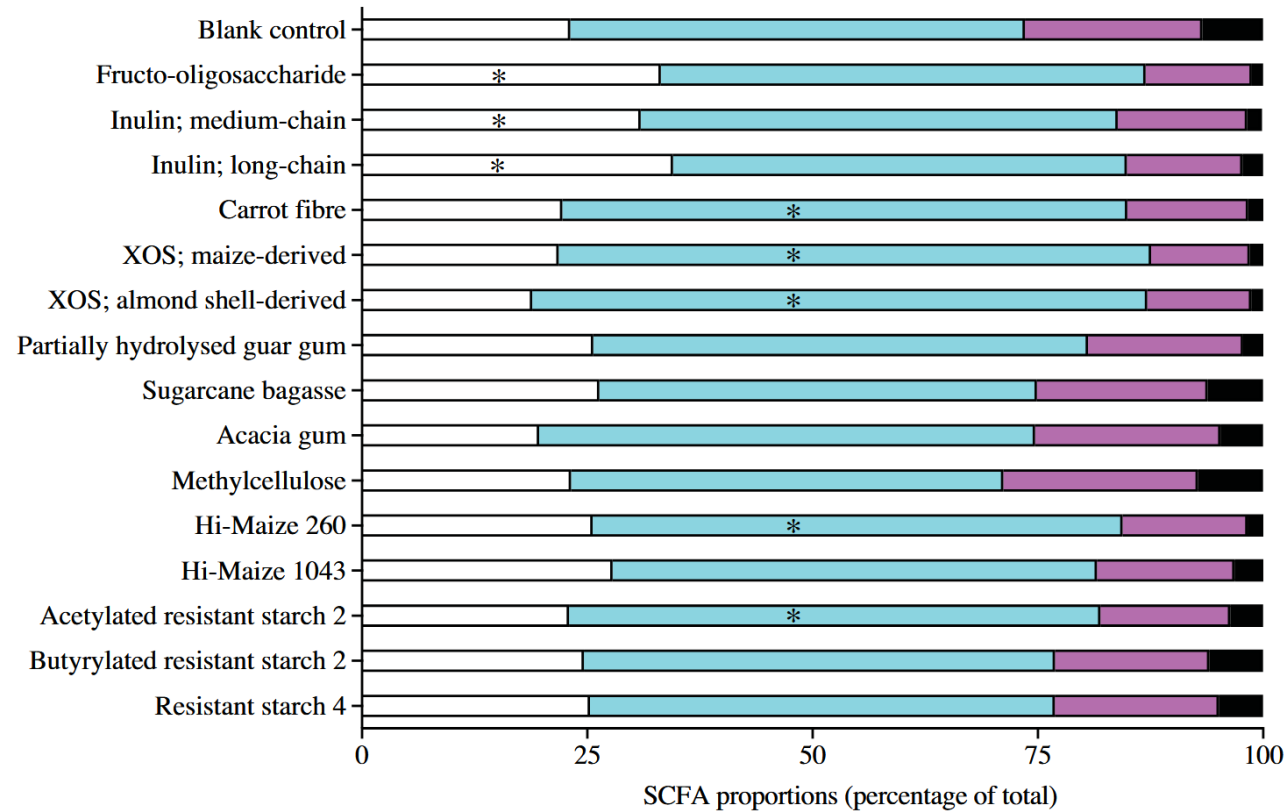
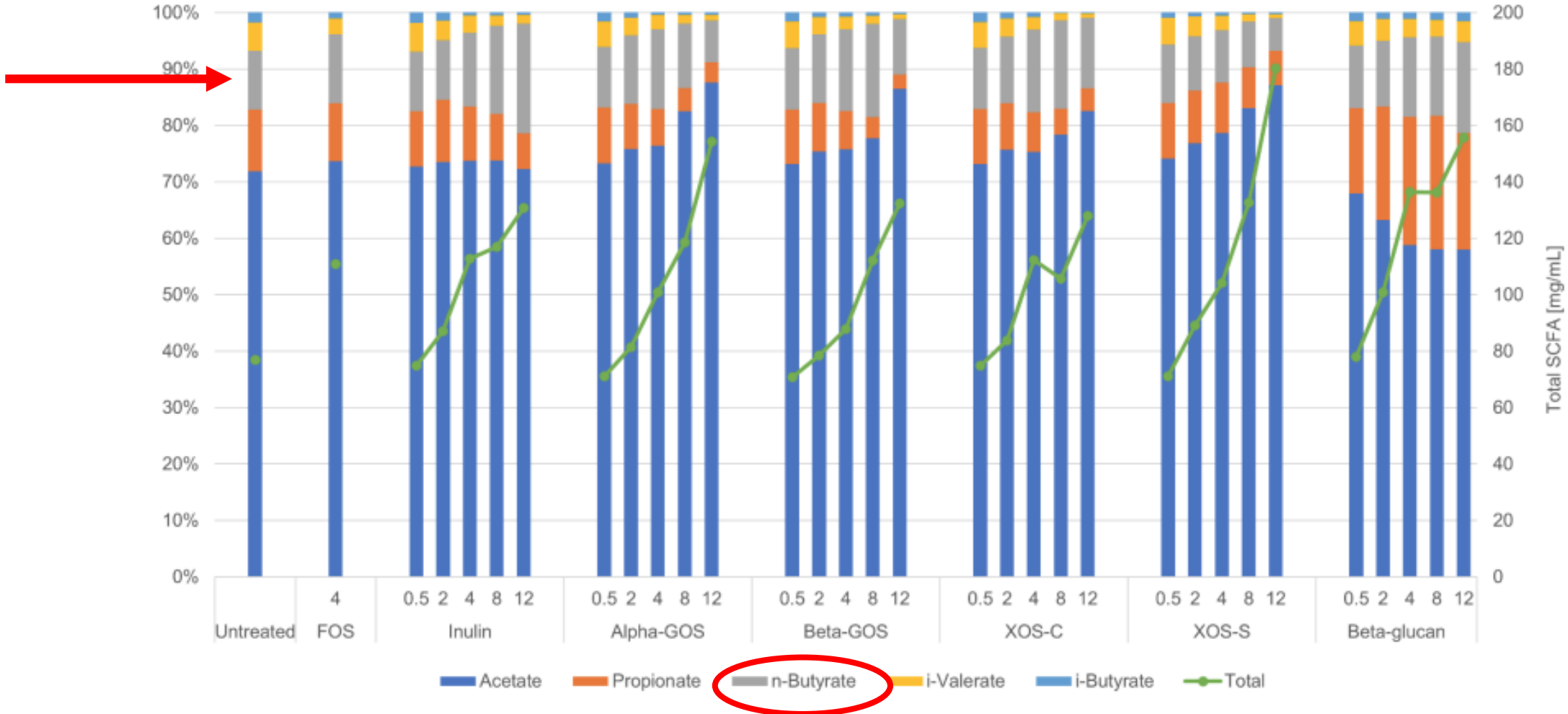


Fig. 2. SCFA proportions for acetate, propionate, butyrate and other (isobutyrate, isovalerate, valerate and caproate), as a proportion of total SCFA concentrations, across fibres investigated following fermentation. Values shown represent the mean SCFA proportions across three replicate experiments conducted using samples provided by three independent participants. Differences between fibres were evaluated using one-way ANOVA. * Significant differences ($P < 0.05$; Fisher's least significant difference) between fibres and the blank control for acetate and butyrate proportions. XOS, xylo-oligosaccharide. □, Butyrate; ■, acetate; ■, propionate; ■, other.

1. So, D. et al. British Journal of Nutrition. 126, 208–218. (2021)

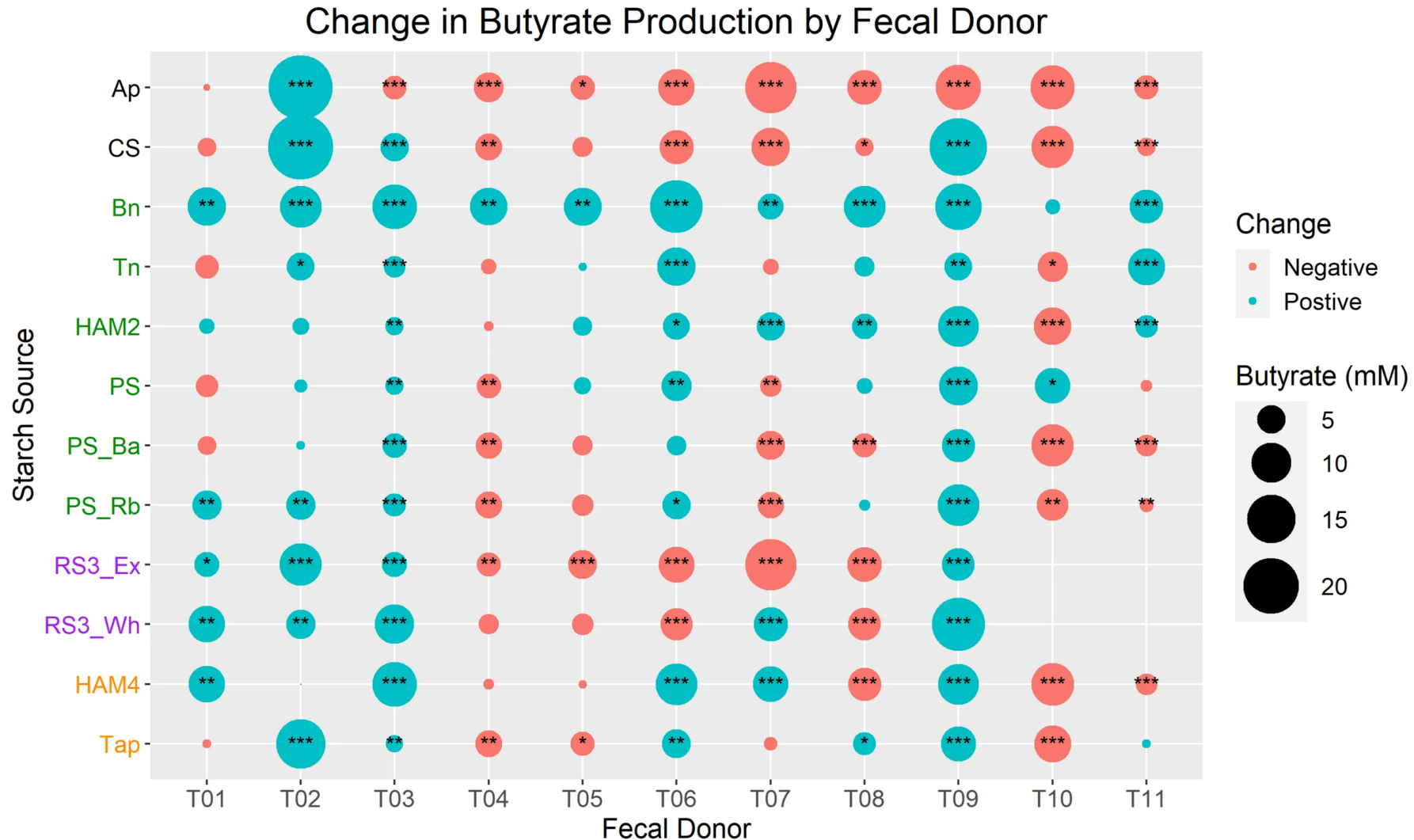
1

Prebiotics: not all fibers are equal (2/2)



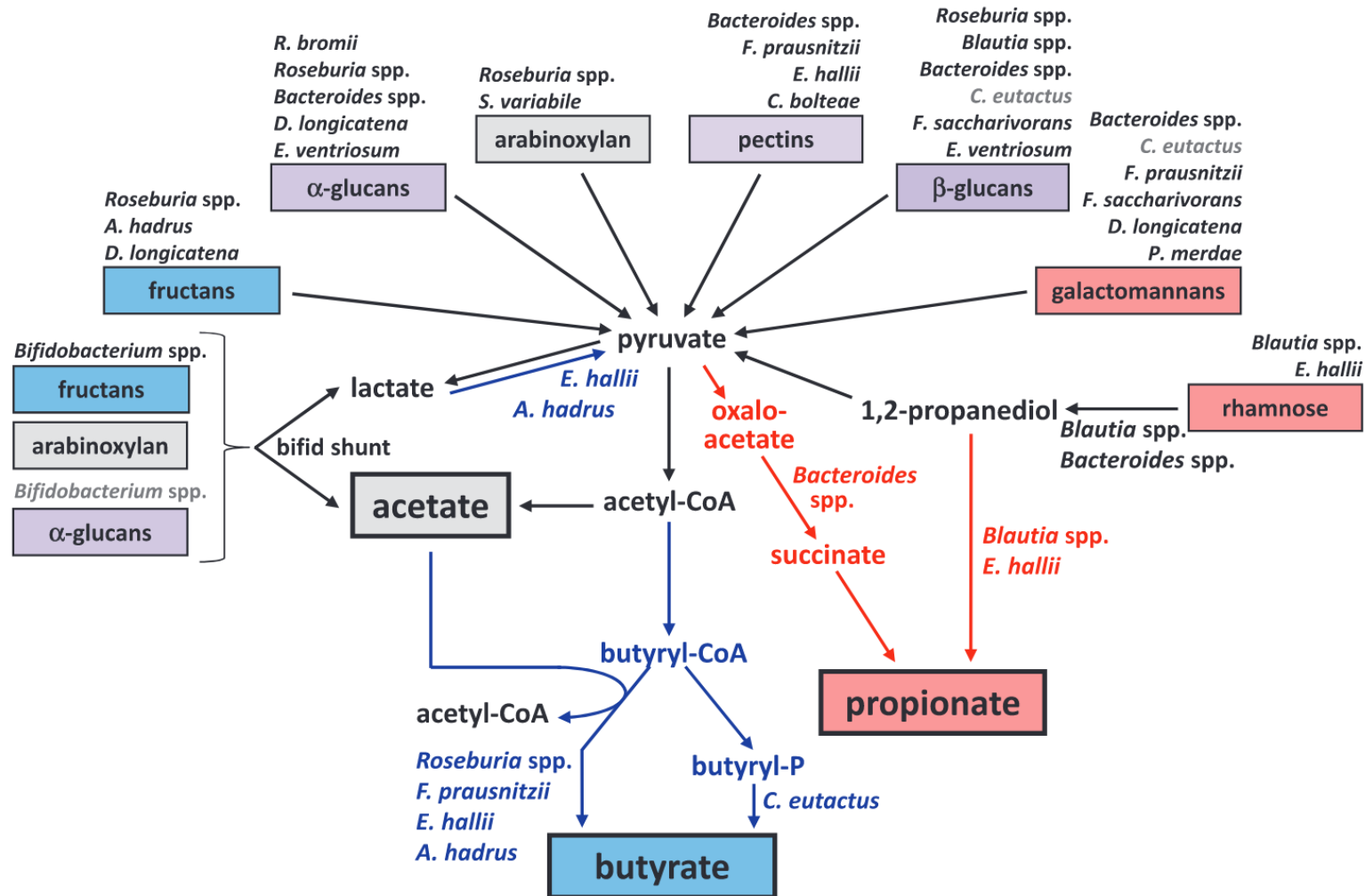
1. Fehlbaum, S. et al. IJMS.19,.3097.(2018)

1 Prebiotics: effects are person-specific^{1,2}



1. Teichmann, J. et al. *Front. Microbiol.* 12, (2021)
2. Simonelli, N. et al. *Food Bioscience.* 62, 105329. (2024)

1 Prebiotics: reasons for differences: composition individual, pathways vary per taxa



1 Prebiotics: PHGG is good butyrate stimulator Microbiome Center

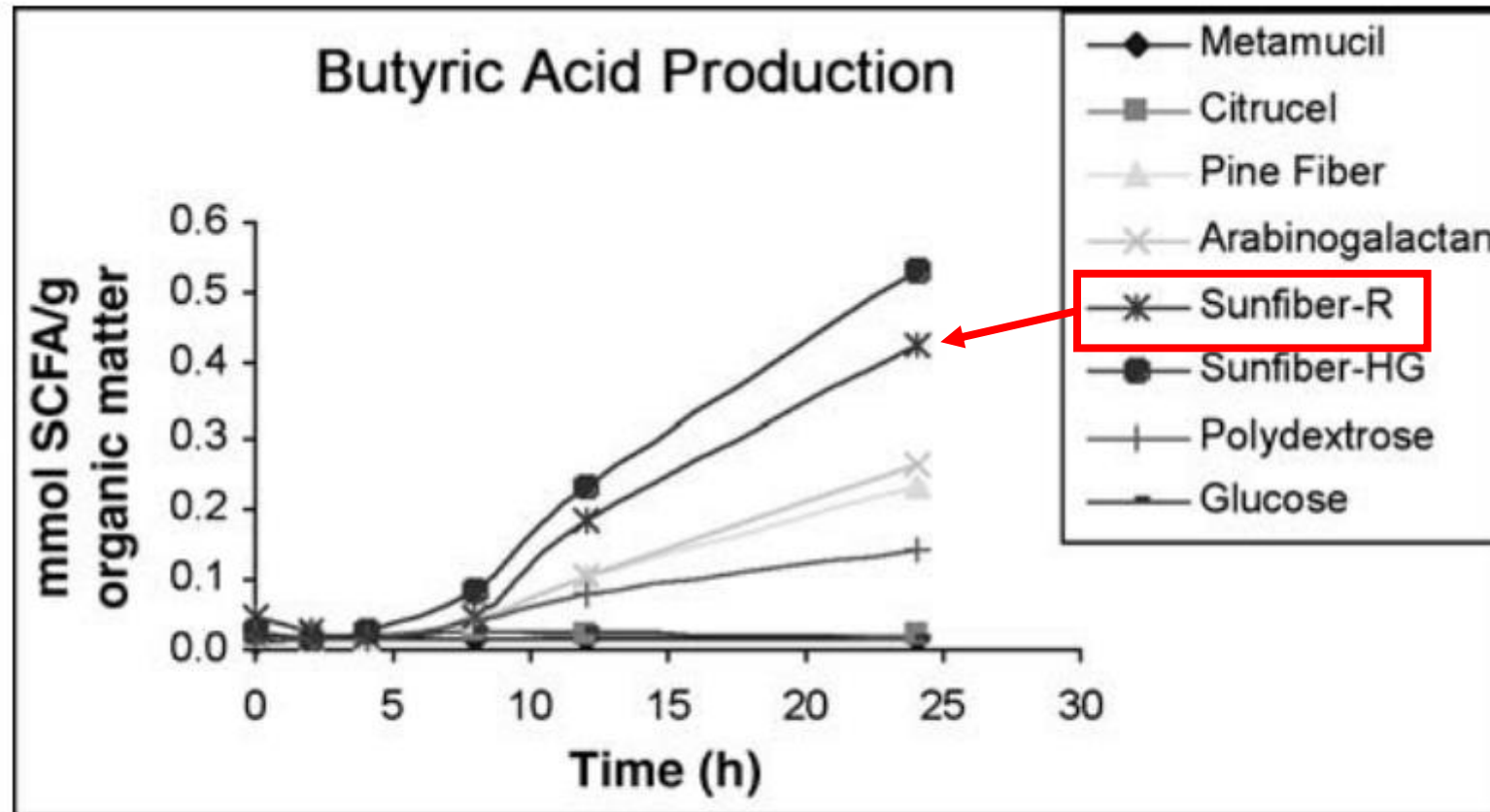


FIG. 4. Butyric acid production from various sources.

Example case 1

IBS and low butyrate
producers



Casus lage butyraatvormers

Julia, 1978

- Sinds circa 4 jaar bestaande chronische gastro-intestinale klachten passend bij een prikkelbare darm met overwegend diarree (IBS-D)
- Uitgesproken vermoeidheid / verminderde belastbaarheid
- Lactose-intolerantie bevestigd met lactose-ademtest
- Strikte lactosebeperking, maar desondanks aanhoudende klachten
- Coloscopie zonder afwijkingen (uitsluiten van structurele darmpathologie)

Voorgeschiedenis:

- Spoedsectie met littekenvorming 2012, appendectomie

Leefstijl / voeding:

- Overwegend volwaardige, groenterijke voeding, weinig fruit, geen frisdranken/alcohol
- Relgelmatige lichaamsbeweging, duursporter

Microbioomanalyse juli 2024:

Casus lage butyraatvormers

Test	Ergebnis	Einheit	Normbereich	Vorwert	Probendiagnostik Methode
Stuhldiagnostik					
Molekulargenetische Mikrobiomanalyse Mini NEU					
Molekulargenetische Mikrobiomanalyse 3.0					
Eigenschaften des Stuhls					
Farbe	schwarzbraun				FE NA/MS/SG
Konsistenz	breilig				FE NA/MS/SG
pH-Wert	7,2		5,8 - 6,5		FE NA/TESTS
Artenvielfalt					
Diversität	5,45		> 5,5		FE NA/MS/SG

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	FE NA/MS/SG
Bacteroides	

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

1

Dysbioseindex	FE NA/RECHN

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

31

Ratio	FE NA/MS/SG

1,41

0,25

0,00

Firmicutes / Bacteroidetes
Normbereich: < 3,0

Actinobacteria / Proteobacteria
Normbereich: > 1,0

Prevotella / Bacteroides
Normbereich: > 0,1

*Fremdanalytik(R), A/Akkreditiert, NA/nicht Akkredit.

Test	Ergebnis	Einheit	Normbereich	Vorwert	Probendiagnostik Methode
Bakterienphyla					
Actinobacteria	1,7	%	1,5 - 7		FE NA/MS/SG
Bacteroidetes	38,0	%	20 - 45		FE NA/MS/SG
Firmicutes	53,4	%	50 - 75		FE NA/MS/SG
Fusobacteria	0,0	%	0,0 - 1,0		FE NA/MS/SG
Proteobacteria	6,9	%	1,0 - 3,5		FE NA/MS/SG
Verrucomicrobia	0,0	%	1,5 - 5,0		FE NA/MS/SG
Sonstige	0,0	%			FE NA/MS/SG
Metabolom (Stoffwechsel-aktive Bakteriengruppen)					
Gallensäuren sek.	900,4	%			FE NA/MS/SG
TMA / TMAO	-44,0	%			FE NA/MS/SG
Indoxylsulfat	-50,0	%			FE NA/MS/SG
Phenole	-46,5	%			FE NA/MS/SG
Ammoniak	34,3	%			FE NA/MS/SG
Histamin	-50,0	%			FE NA/MS/SG
Equol	777,8	%			FE NA/MS/SG
Beta-Glucuronidasen	-49,6	%			FE NA/MS/SG
Bakterienphyla mit den wichtigsten Gattungen und Arten					
Actinobacteria					
Bifidobacterium	7,8 x 10 ⁹	KBE/g Stuhl	> 1,0 x 10 ¹⁰		FE NA/MS/SG
Bacteroidetes					
Bacteroides	2,4 x 10 ¹¹	KBE/g Stuhl	> 5,0 x 10 ¹⁰		FE NA/MS/SG
Prevotella	5,1 x 10 ⁷	KBE/g Stuhl	> 1,0 x 10 ¹⁰		FE NA/MS/SG
Firmicutes					
Butyratbildner					
Gesamtkeimzahl	6,7 x 10 ¹⁰	KBE/g Stuhl	> 2,4 x 10 ¹¹		FE NA/MS/SG
Faecalibacterium prausnitzii	1,4 x 10 ¹⁰	KBE/g Stuhl	> 1,0 x 10 ¹⁰		FE NA/MS/SG
Eubacterium rectale	6,7 x 10 ⁹	KBE/g Stuhl	> 2,0 x 10 ¹⁰		FE NA/MS/SG
Eubacterium hallii	3,5 x 10 ⁹	KBE/g Stuhl	> 1,5 x 10 ¹⁰		FE NA/MS/SG
Roseburia spp.	6,8 x 10 ⁹	KBE/g Stuhl	> 3,0 x 10 ¹⁰		FE NA/MS/SG
Ruminococcus spp.	7,2 x 10 ⁹	KBE/g Stuhl	> 5,0 x 10 ¹⁰		FE NA/MS/SG
Coprococcus spp.	2,9 x 10 ¹⁰	KBE/g Stuhl	> 5,0 x 10 ¹⁰		FE NA/MS/SG
Butyrivibrio spp.	1,9 x 10 ⁸	KBE/g Stuhl	> 1,5 x 10 ¹⁰		FE NA/MS/SG
Clostridien					
Gesamtkeimzahl	3,1 x 10 ⁹	KBE/g Stuhl	< 4,0 x 10 ⁹		FE NA/MS/SG
Clostridien Cluster I	1,0 x 10 ⁵	KBE/g Stuhl	< 2,0 x 10 ⁹		FE NA/MS/SG
Fusobacteria					
Fusobacterium	< 1,0 x 10 ⁵	KBE/g Stuhl	< 1,0 x 10 ⁷		FE NA/MS/SG
Verrucomicrobia					
Akkermansia muciniphila	< 1,0 x 10 ⁶	KBE/g Stuhl	> 5,0 x 10 ⁹		FE NA/MS/SG
Pathogene oder potentiell pathogene Bakterien					
Haemophilus spp.	< 1,0 x 10 ⁵	KBE/g Stuhl	< 5,0 x 10 ⁸		FE NA/MS/SG
Acinetobacter spp.	7,2 x 10 ⁶	KBE/g Stuhl	< 1,0 x 10 ⁶		FE NA/MS/SG

Casus lage butyraatvormers

Test	Ergebnis	Einheit	Normbereich	Vorwert	Probenmaterial Methode
Proteus spp.	< 1,0 x 10 ⁴ 5	KBE/g Stuhl	< 1,0 x 10 ⁶ 6		FE NA/MSBEG
Klebsiella spp.	< 1,0 x 10 ⁴ 5	KBE/g Stuhl	< 1,0 x 10 ⁷ 7		FE NA/MSBEG
Enterobacter spp.	< 1,0 x 10 ⁴ 5	KBE/g Stuhl	< 1,0 x 10 ⁶ 6		FE NA/MSBEG
Serratia spp.	< 1,0 x 10 ⁴ 5	KBE/g Stuhl	< 1,0 x 10 ⁷ 7		FE NA/MSBEG
Hafnia spp.	< 1,0 x 10 ⁴ 5	KBE/g Stuhl	< 1,0 x 10 ⁶ 6		FE NA/MSBEG
Morganella spp.	< 1,0 x 10 ⁴ 5	KBE/g Stuhl	< 1,0 x 10 ⁶ 6		FE NA/MSBEG
Citrobacter spp.	< 1,0 x 10 ⁴ 5	KBE/g Stuhl	< 5,0 x 10 ⁸ 8		FE NA/MSBEG
Pseudomonas spp.	7,2 x 10 ⁶ 6	KBE/g Stuhl	< 5,0 x 10 ⁷ 7		FE NA/MSBEG
Providencia spp.	< 1,0 x 10 ⁴ 5	KBE/g Stuhl	< 5,0 x 10 ⁷ 7		FE NA/MSBEG
H2S-Bildung					
Sulfat-reduzierende Bakterien	2,9 x 10 ¹⁰ 10	KBE/g Stuhl	< 2,5 x 10 ⁹ 9		FE NA/MSBEG
Desulfovibrio piger	< 1,0 x 10 ⁴ 5	KBE/g Stuhl	< 1,0 x 10 ⁹ 9		FE NA/MSBEG
Desulfomonas pigra	< 1,0 x 10 ⁴ 5	KBE/g Stuhl	< 1,0 x 10 ⁹ 9		FE NA/MSBEG
Bilophia wadsworthii	< 1,0 x 10 ⁴ 5	KBE/g Stuhl	< 2,0 x 10 ⁹ 9		FE NA/MSBEG
Immunogenität/Mucusbildung					
Immunogen wirkende Bakterien					
Escherichia coli	7,9 x 10 ⁴ 5	KBE/g Stuhl	10 ⁶ 6 - 10 ⁷ 7		FE NA/MSBEG
Enterococcus spp.	3,61 x 10 ⁶ 6	KBE/g Stuhl	10 ⁶ 6 - 10 ⁷ 7		FE NA/MSBEG
Lactobacillus spp.	4,3 x 10 ⁴ 5	KBE/g Stuhl	10 ⁶ 6 - 10 ⁷ 7		FE NA/MSBEG
Mucinbildung/Schleimhautbarriere					
Akkermansia muciniphila	< 1,0 x 10 ⁴ 5	KBE/g Stuhl	> 5,0 x 10 ⁹ 9		FE NA/MSBEG
Faecalibacterium prausnitzii	1,4 x 10 ¹⁰ 10	KBE/g Stuhl	> 1,0 x 10 ¹¹ 11		FE NA/MSBEG
Archaea					
Methanogene					
Methanobrevibacter spp.	< 1,0 x 10 ⁴ 5	KBE/g Stuhl	< 5,0 x 10 ⁸ 8		FE NA/MSBEG
<p>ACHTUNG:Das neue OmicSnap-Röhrchen und die darin enthaltene Matrix ermöglichen einen noch einfacheren Probenaufschluss, vor allem bei den grampositiven Bakterien. Dadurch ergeben sich leichte Verschiebungen in den Normbereichen. Wir bitten dies zu berücksichtigen.</p>					
Mykobiom: relevante Hefen					
Candida albicans (CA)	< 1,0 x 10 ³ 3	KBE/g Stuhl	< 1,0 x 10 ³ 3		FE NA/GPCR
Candida krusei (CK)	< 1,0 x 10 ³ 3	KBE/g Stuhl	< 1,0 x 10 ³ 3		FE NA/GPCR
Candida glabrata (CG)	< 1,0 x 10 ³ 3	KBE/g Stuhl	< 1,0 x 10 ³ 3		FE NA/GPCR
Candida dubliniensis (CD)	< 1,0 x 10 ³ 3	KBE/g Stuhl	< 1,0 x 10 ³ 3		FE NA/GPCR
Candida parapsilosis (CP)	< 1,0 x 10 ³ 3	KBE/g Stuhl	< 1,0 x 10 ³ 3		FE NA/GPCR
Candida tropicalis (CTp)	< 1,0 x 10 ³ 3	KBE/g Stuhl	< 1,0 x 10 ³ 3		FE NA/GPCR
Candida lusitanae (CL)	< 1,0 x 10 ³ 3	KBE/g Stuhl	< 1,0 x 10 ³ 3		FE NA/GPCR
Maldigestion, Malabsorption, MIS					
Verdauungsrückstände					
Quant. Nachweis von Fett	3,62	g/100g	< 3,5		FE NA/PHDT
Quant. Nachweis von Stickstoff	0,49	g/100g	< 1,0		FE NA/PHDT
Quant. Nachweis von Zucker	4,01	g/100g	< 2,5		FE NA/PHDT
Quant. Nachweis von Wasser	79,32	g/100g	75 - 85		FE NA/PHDT
Nachweis einer Maldigestion					
Pankreaselastase im Stuhl	526,12	µg/g	> 200		FE A) ELISA
Gallensäuren im Stuhl	21,82	µmol/l	< 70		FE NA/PHDT

FE=Stuhl

*Fremdanalyse(RP), A)Akreditiert, NA/nicht Akredit.

Sabrina Kern Heilpraktikerin Kirchenstraße 8 DE-63768 Hösabach

Seite 3 von 5

Test	Ergebnis	Einheit	Normbereich	Vorwert	Probenmaterial Methode
Nachweis einer Malabsorption					
Calprotectin	31,00	mg/l	< 50		FE A) ELISA
Alpha 1-Antitrypsin	8,8	mg/dl	< 27,5		FE A) ELISA
Einzelparameter					
Sekretorisches Immunglobulin A (sIgA)	195,0	µg/ml	510 - 2040		FE A) ELISA

Casus lage butyraatvormers

Therapie:

- Op basis van microbiologische ontlastingsanalyse gestart met een individuele therapie met MyOwnBlend gedurende 8 weken
- Daarnaast manuele behandeling van het keizersnede-litteken, controle en aanvulling van micronutriënten

Beloop:

- Na circa 6 weken een stevige griepachtige infectie, volgens patiënt ernstiger dan voorheen
Op dat moment verhoogde psychische belasting, maar al wel fysieke stabilisatie van de darmklachten
- Nogmaals 8 weken MyOwnBlend ter verdere stabilisatie

Rezept

Datum: 05-10-2024

	Pro Tag (gramm)	Gesamt (gramm)
MyOwnBlend, Magistral-Preparat 2 Monaten (oral)		
PHGG	6	360
L. plantarum P-8	2	120
Bifidobacterium lactis HN019	3	180
Lactiplantibacillus plantarum DR7	2	120
Bacillus coagulans Unique IS-2	1	60
Akkermansia muciniphila, pasteurisiertes	1	60
Gesamt	15	900

Casus lage butyraatvormers

Resultaat:

- November 2024 geen diarreeklachten meer
- Toename energie en belastbaarheid (marathon in 2025)

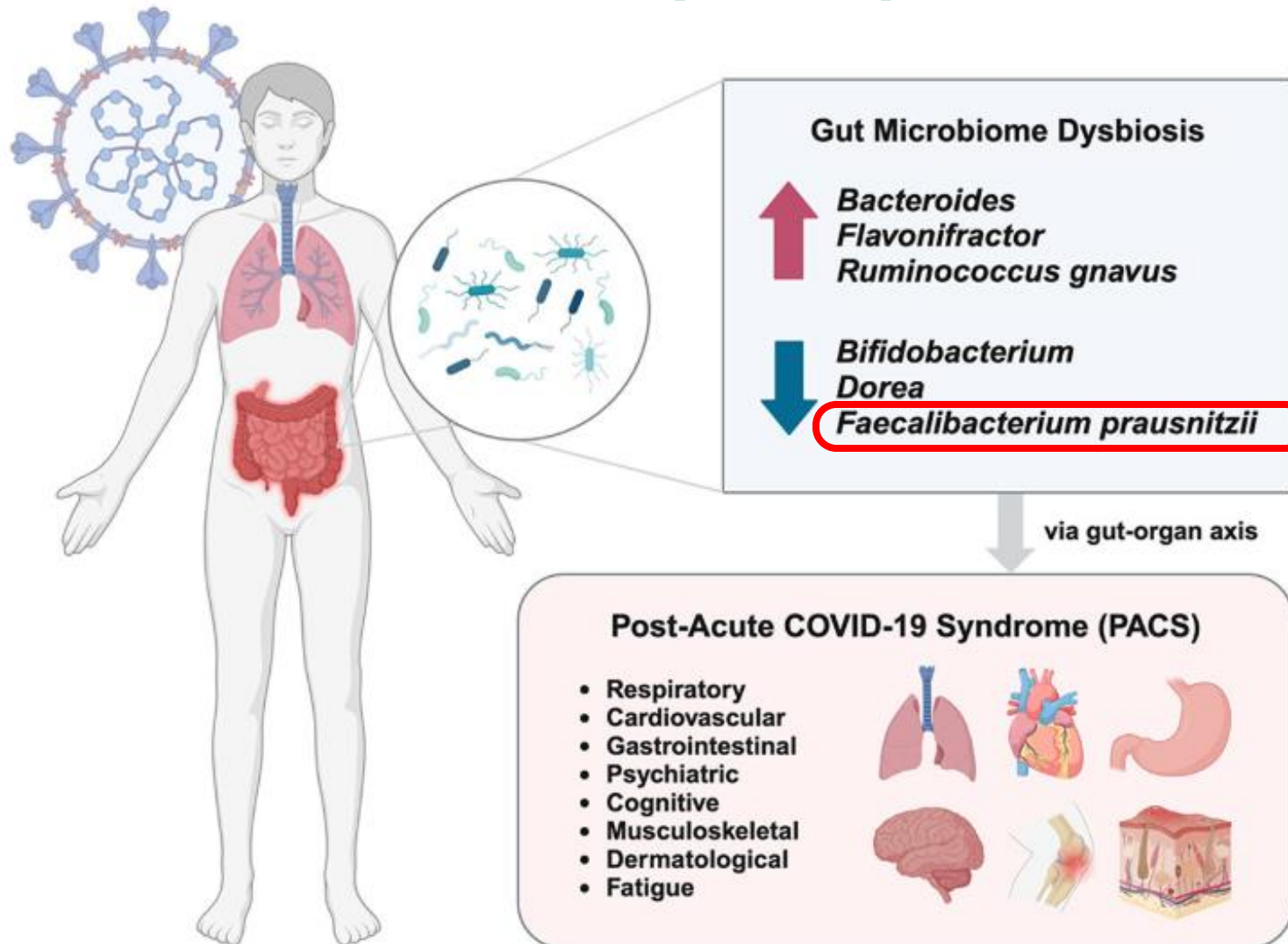
Huidige status:

- Duidelijk verbeterde algehele conditie
- Goede gastro-intestinale stabiliteit
- Gezien de enorme vooruitgang hebben patiënt en behandelaar er voor gekozen geen hertest te doen

Butyrate in PAIS



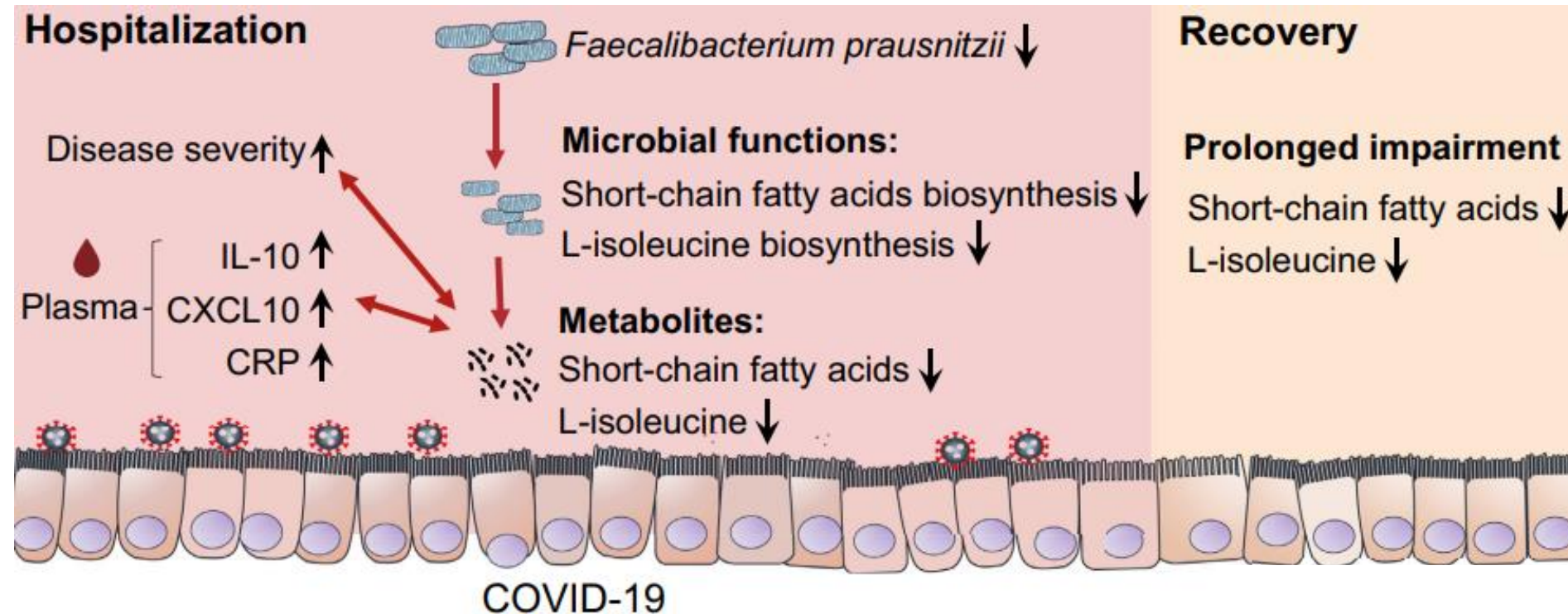
Long COVID and Dysbiosis: reduced butyrate producers



Lau RI, Su Q, Ng SC. Long COVID and gut microbiome: insights into pathogenesis and therapeutics. Gut Microbes. 2025

Long COVID: low SCFAs

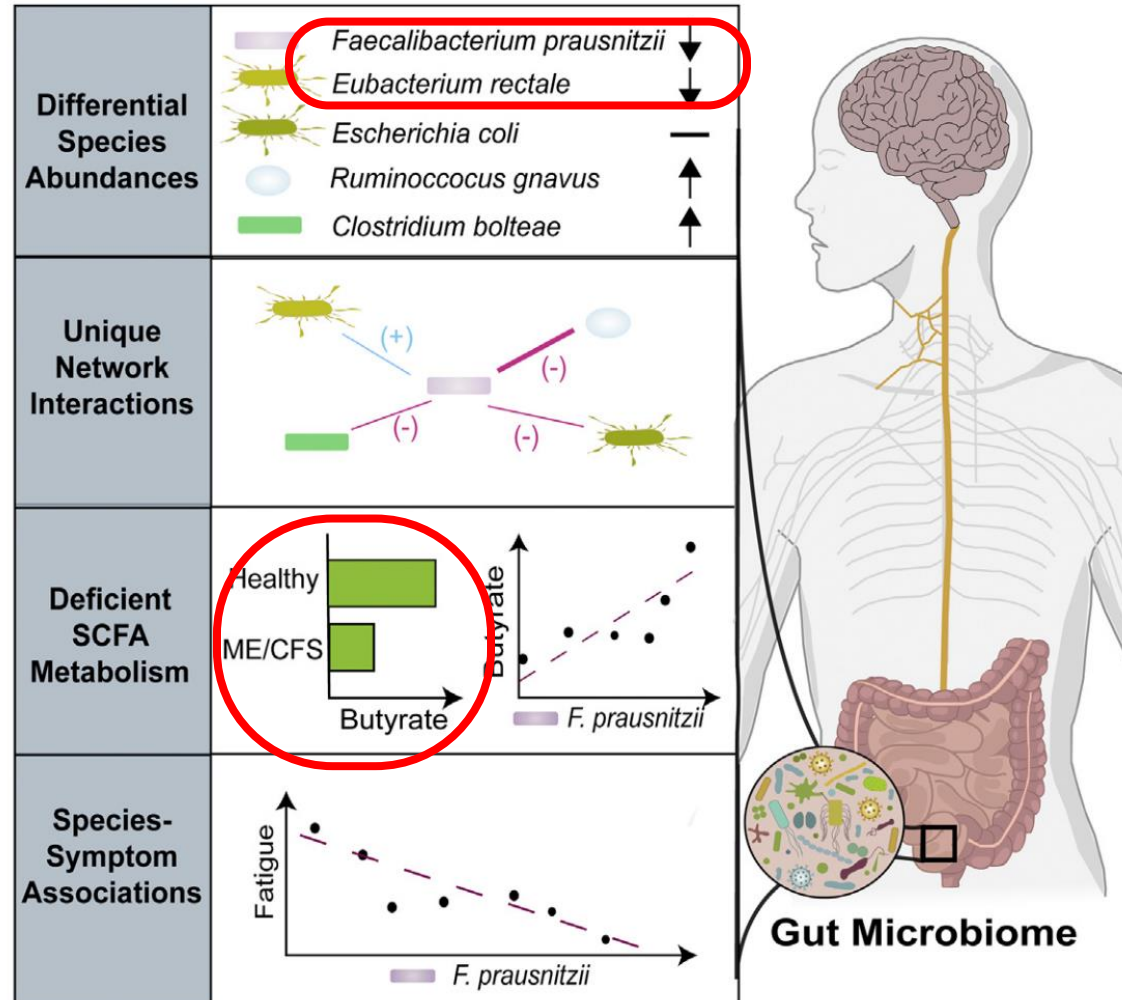
Production of SCFA is low in Long-Covid



Fen Zhang et al., Prolonged Impairment of Short-Chain Fatty Acid and L-Isoleucine Biosynthesis in Gut Microbiome in Patients With COVID-19. *Gastroenterology*

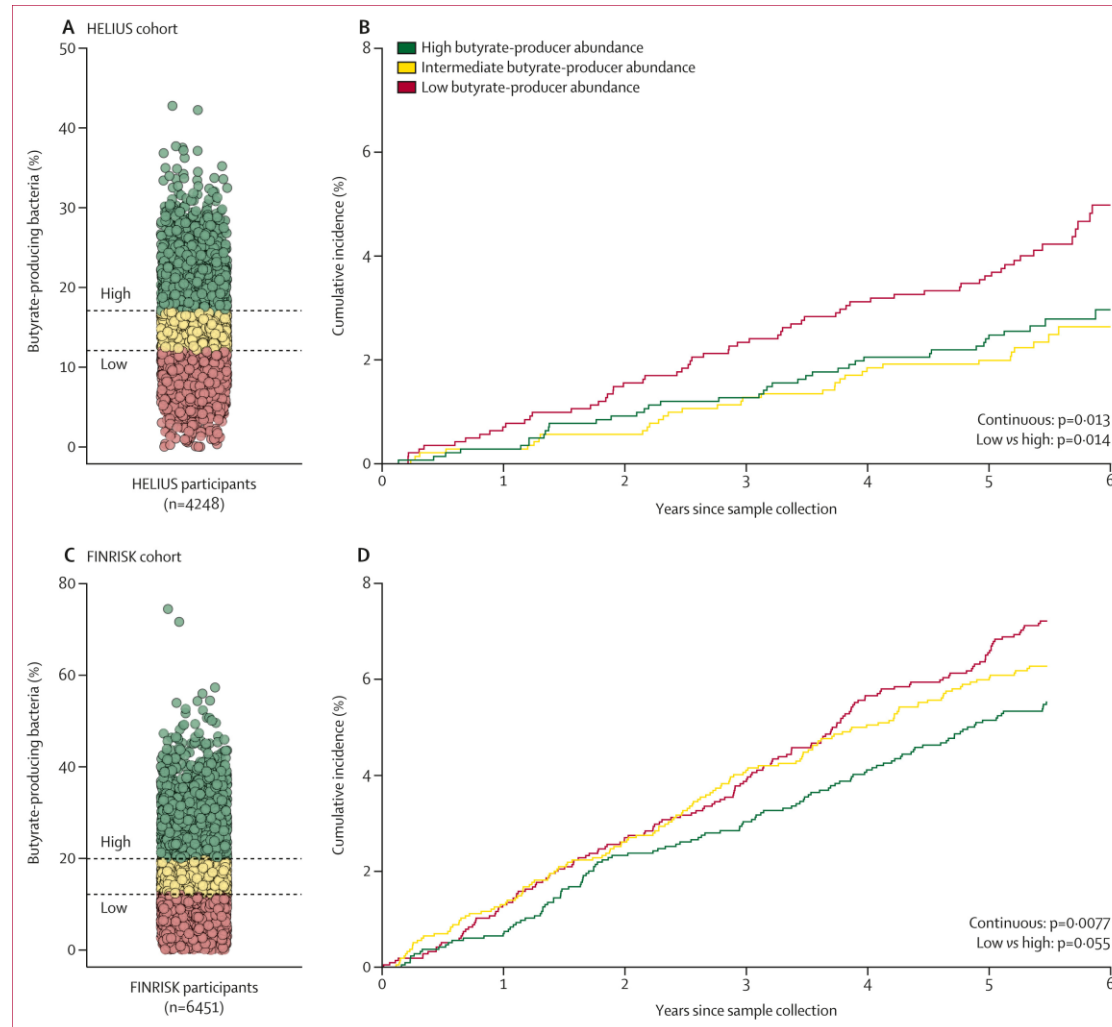
ME/CFS: low SCFAs¹

Myalgic Encephalomyelitis / Chronic Fatigue Syndrome



1. Guo, C. et al. Cell Host & Microbe. 31, 288-304.e8. (2023)

NB: butyrate protects against severe infectious disease¹



1. Kullberg, R. F. J. et al. *The Lancet Microbe*.5.,(2024)

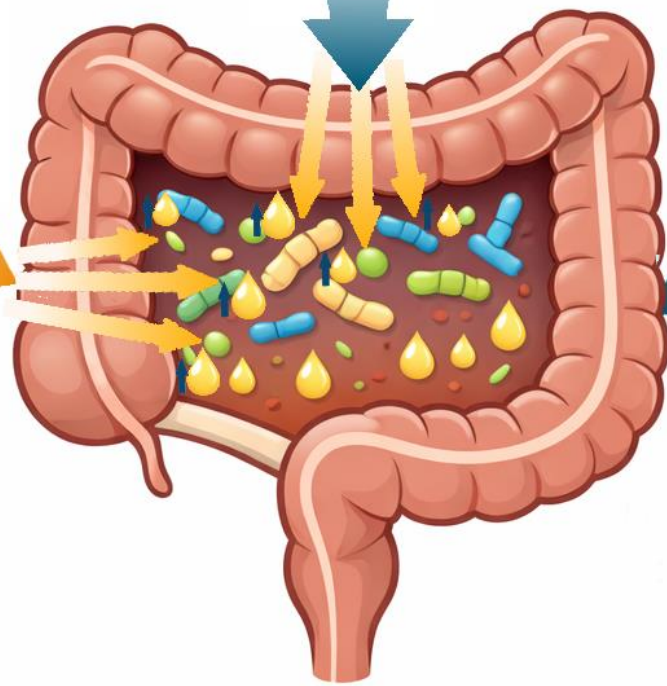
1



Prebiotic fibers

2

Ecosystem-supporting probiotics



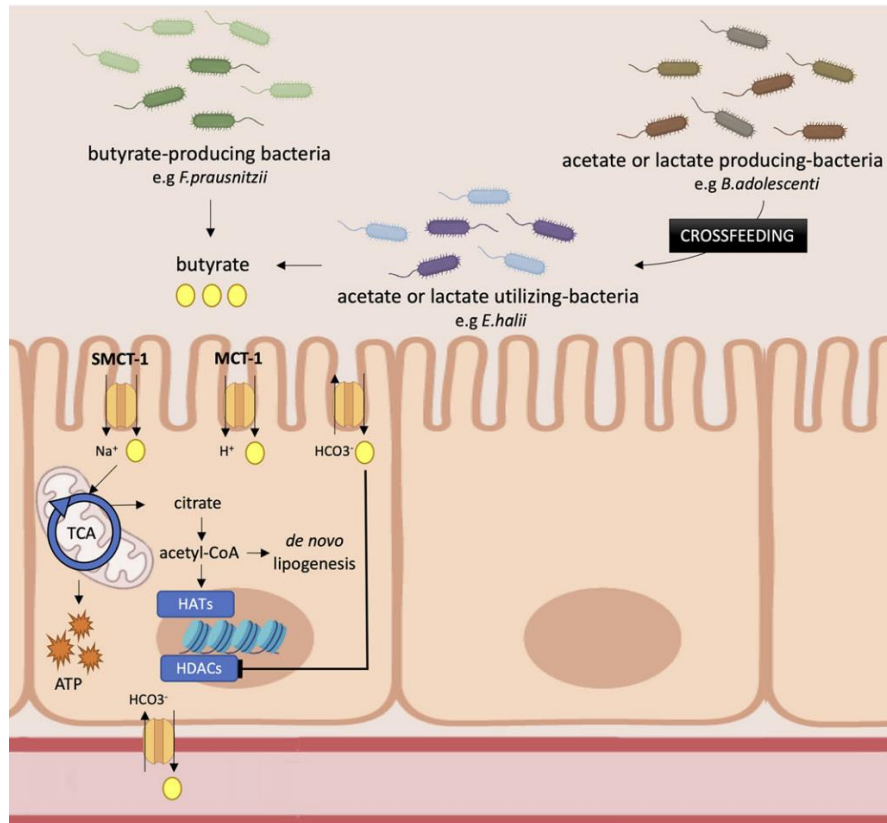
Butyrate-producing probiotics

3



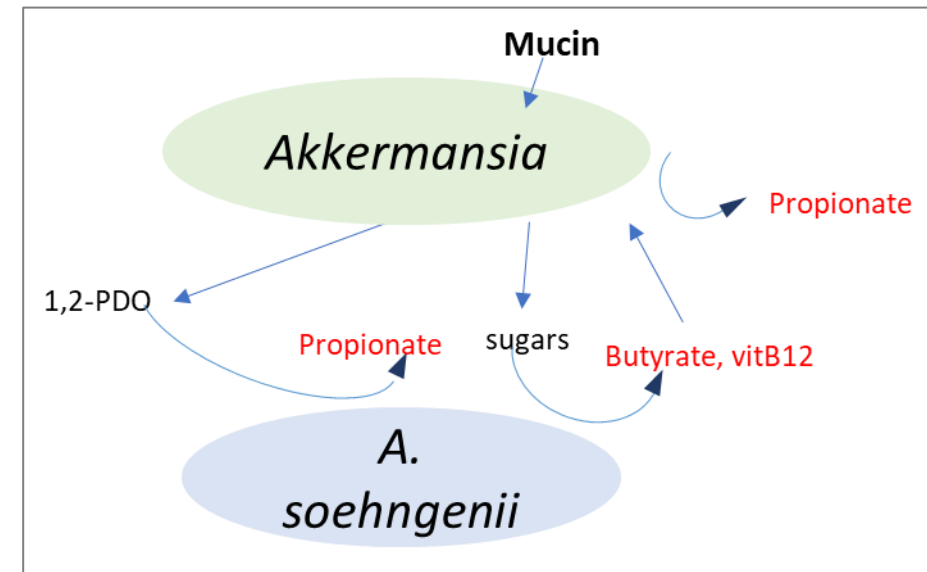
Butyrate

2 Influence the microbiome ecosystem to boost butyrate production



Various mechanisms indirectly influence butyrate production, including via¹:

- Cross-feeding
- Production and excretion of vitamins and other nutrients
- Changing composition of microbiome via competition, bacteriocins, network effects, etc.

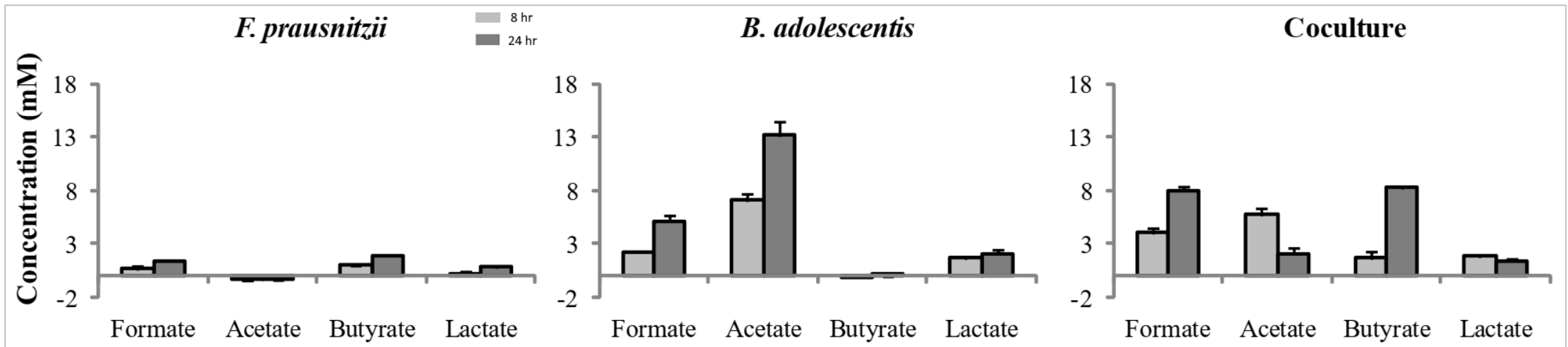


1,2-PDO: 1,2-Propanediol

1. van Deuren, T. et al. *Obesity Reviews*.n/a.,e13498.(2022)
2. Belzer, C. et al. *mBio* 8, e00770-17 (2017)

2 Influence the microbiome ecosystem *Bifidobacterium adolescentis* SH001

***B. adolescentis* is known cross-feeder for *F. prausnitzii*
(most abundant butyrate producer in our gut)¹**



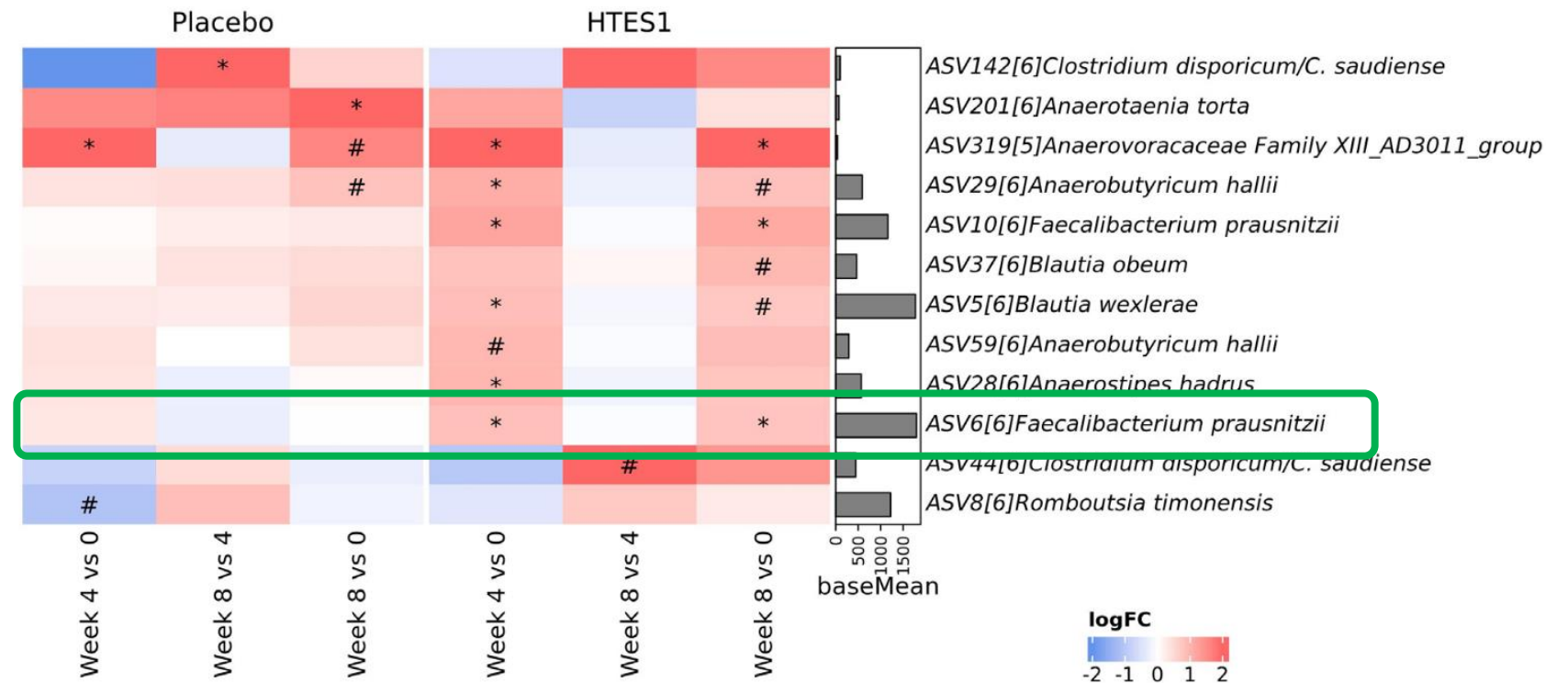
1. Rios-Covian, D. et al. FEMS Microbiology Letters. 362, fmv176. (2015)

2 Influence the microbiome ecosystem

Bifidobacterium longum ES1

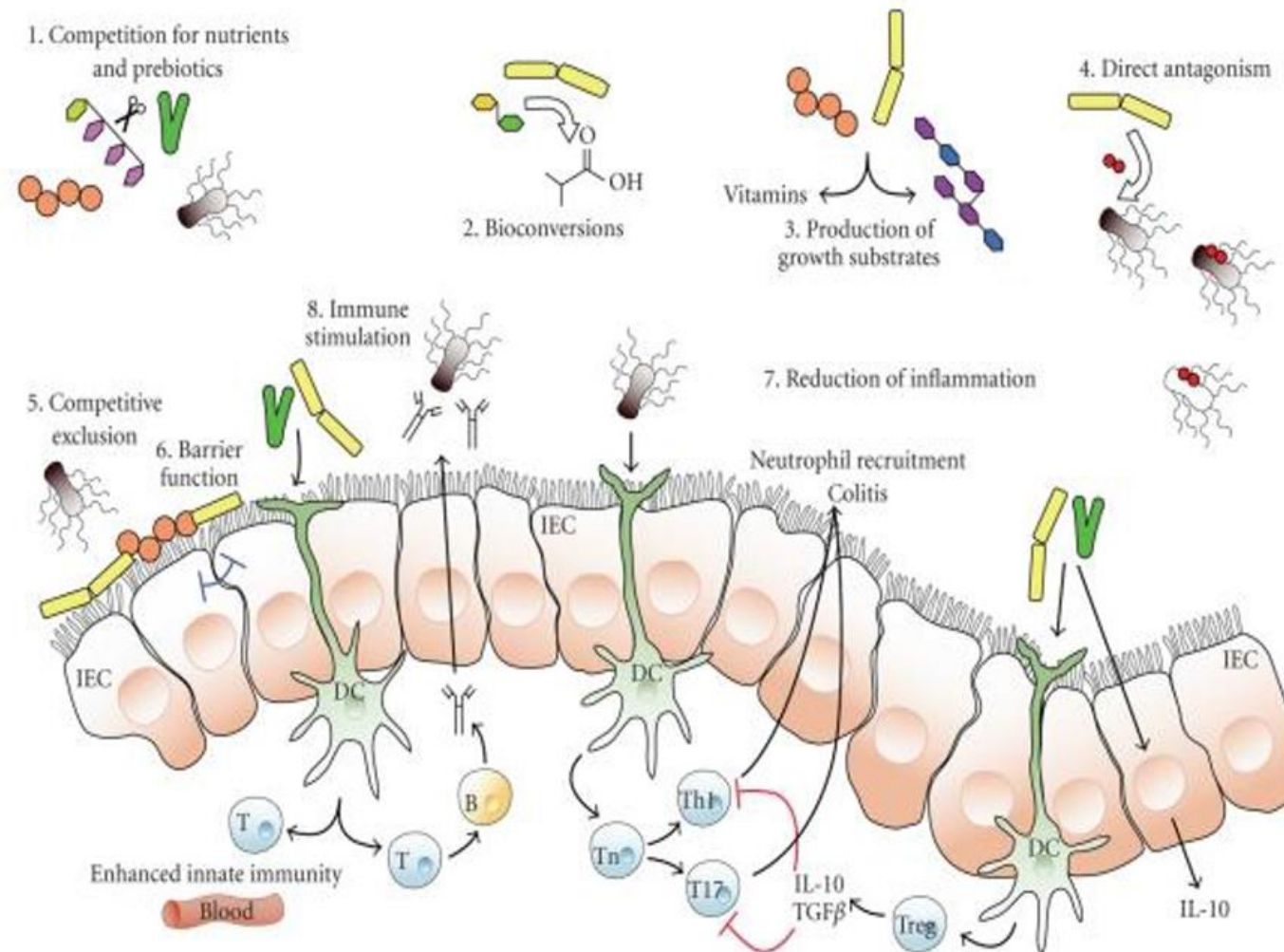


***B. Longum* ES1** also increases *F. prausnitzii*, but not (only) as cross-feeder, since it was heat-killed (i.e. postbiotic) in this study¹. This shows how **modulation of the ecosystem** can boost butyrate-production



1. Naghibi, M. et al. *Nutrients*.16,.3952.(2024)

2 Influence the microbiome ecosystem the many actions of probiotics



1. Khalighi, A. et al. in Probiotics and Prebiotics in Human Nutrition and Health. (IntechOpen, 2016)

2

Influence the microbiome ecosystem *Saccharomyces boulardii* CNCM-I-1079

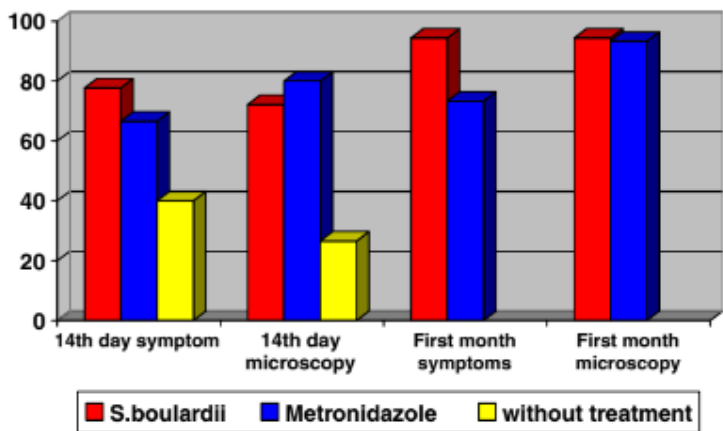


Fig. 1 Cure rate for clinical findings and parasitological examinations between study groups on the 14th day and first month

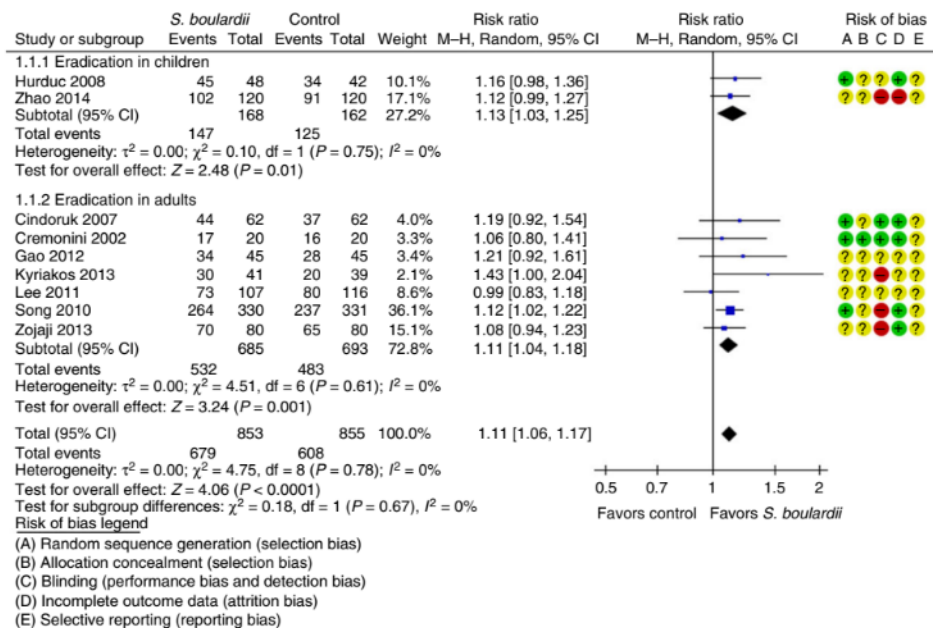
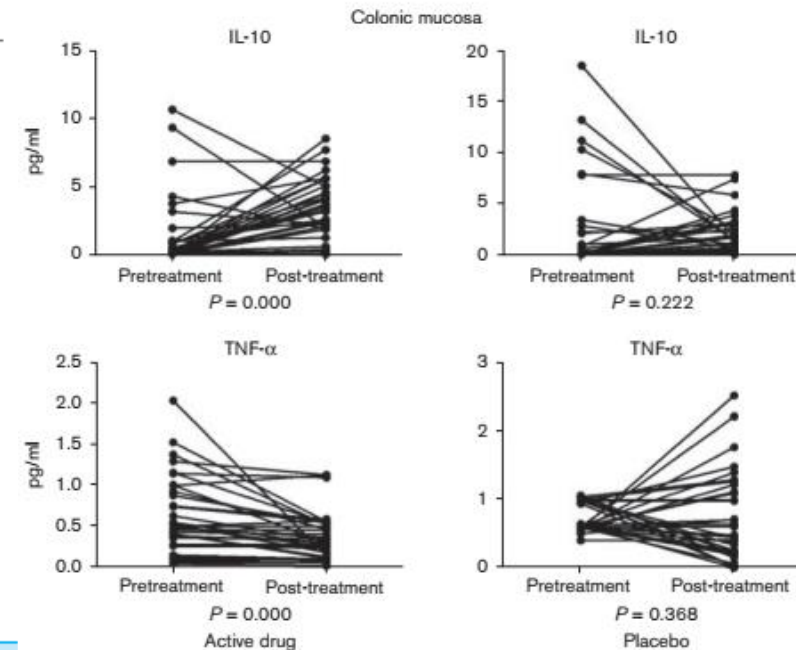


Figure 1 | Primary outcome: Effect of *Saccharomyces boulardii* (SB) on *Helicobacter pylori* eradication rates.



Inhibits parasites (*Entameba histolytica*, *Blastocystis hominis*, *Giardia lamblia*)¹⁻³

Inhibits *Helicobacter pylori*⁴

Anti-inflammatory and intestinal barrier function-enhancing effects^{5,6}

- Dinleyici, E. C. et al. Am. J. Trop. Med. Hyg. 80, 953–955 (2009)
- Dinleyici, E. C. et al. Parasitol. Res. 108, 541–545 (2011)
- Besirbellioglu, B. A. et al. Scandinavian Journal of Infectious Diseases 38, 479–481 (2006)
- Szajewska, H. et al. Alimentary Pharmacology & Therapeutics 41, 1237–1245 (2015)
- Abbas, Z. et al. European Journal of Gastroenterology & Hepatology 1 (2014)

- Garcia Vilela, E. et al. Scandinavian Journal of Gastroenterology 43, 842–848 (2008)

The contents of this document are property of Microbiome Center and are classified as confidential. Neither the document, nor parts thereof may be published, reproduced, copied, made public, or distributed without explicit written permission of Microbiome Center. This content shall not be considered medical advice and is provided for information purpose only. The content is exclusively intended for health care professionals.

Example case 2

Crohn's disease and low
butyrate producers



Casus M. Crohn en lage butyraatvormers

Guido, 2011

- M. Crohn met zeer hoog calprotectine, veel klachten
- Sinds 3 jaar gewrichtsontstekingen, CRP verhoogd, werd eerst gedacht aan jeugdreuma.
- Misselijk, geen eetlust, 10 kilo afgevallen in afgelopen 3 maanden
- Def: diarree, veel onverteerde resten
- Weinig energie, geen focus, kan niet sporten
- Biologicals gestart maar onvoldoende effect

- Microbioomanalyse februari 2025

Casus M. Crohn



Materiaal FE Gevalideerd door Gevalideerd op Dr. Herbert Schmidt 17.02.2025 Uitslagstatus Uitslagstatus op Eindbericht 17.02.2025

Test Uitslag Eenheid Normbereik Vorg onderzoek

Focediagnostiek			
Mikrobiomanalyse Midl PLUS (Microbiom Center)			
Moleculair-genetische microbiomanalyse 3.0			
Kenmerken van de feces			
Kleur	bruin		FE NAJ WSD
Consistentie	brijig		FE NAJ WSD
pH-waarde	5,4	5,8 - 6,5	FE NAJ TSDT
Diversiteit			
Diversiteit	4,28	> 5,5	FE NAJ WSDG

De diversiteit aan bacteriën in de darm kan van mens tot mens sterk variëren. Frequent gebruik van antibiotica, infecties, toemennende leefstijl, eenzijdige voeding of roken zijn hierop van invloed.

Grad **2**

Enterotype

Prevotella	FE NAJ WSDG
------------	-------------

Het menselijke microbiom kan in drie enterotypes ingedeeld worden. De darmbacteriën vormen, afhankelijk van het enterotype, stabiele, maar duidelijk verschillende clusters met typische metabolische eigenschappen. Enterotype 1 wordt gekenmerkt door hoge aantallen Bacteroides en enterotype 2 door een sterke Prevotella kolonisatie. Enterotype 3 wordt gekenmerkt door een Ruminococcus flora.

Enterotyp **2**

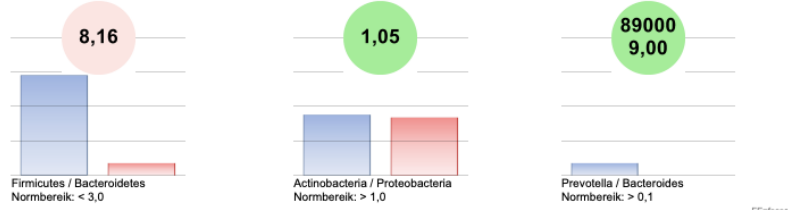
Dysbiose-index

De dysbiose index is een maatstaf die afwijkingen binnen het microbiom weergeeft. Bij deze maatstaf wordt rekening gehouden met alle onderzochte bacteriefyla, -geslachten en -soorten e.e.a. afhankelijk van hun relevantie.



Index **55**

Ratio



*Externe analyse (R), A) geaccrediteerd NA) niet geaccrediteerd, voor meer informatie over de afkortingen verwijzen wij u naar ons dienstencatalogus.

Test	Uitslag	Eenheid	Normbereik	Vorg onderzoek
Indeling van bacteriën naar fyllum				
Actinobacteria	8,8	%	1,5 - 7	FE NAJ WSDG
Bacteroidetes	8,9	%	20 - 45	FE NAJ WSDG
Firmicutes	72,6	%	50 - 75	FE NAJ WSDG
Fusobacteria	1,3	%	0,0 - 1,0	FE NAJ WSDG
Proteobacteria	8,4	%	1,0 - 3,5	FE NAJ WSDG
Verrucomicrobia	0,0	%	1,5 - 5,0	FE NAJ WSDG
Overige	0,0	%		FE NAJ WSDG

Metaboom (stofwisselingsactieve bacteriegroepen)				
Secundaire galzuren	-49,8	%		FE NAJ WSDG
TMA / TMAO	4971,5	%		FE NAJ WSDG
Indoxylsulfaat	-50,0	%		FE NAJ WSDG
Fenolen	1242,8	%		FE NAJ WSDG
Ammoniak	178,2	%		FE NAJ WSDG
Histamine	-50,0	%		FE NAJ WSDG
Equol	-50,0	%		FE NAJ WSDG
Beta-glucuronidasen	516,2	%		FE NAJ WSDG

Indeling van bacteriën naar fyllum met de belangrijkste bacteriegeslachten en -soorten

Actinobacteria				
Bifidobacterium	8,5 x 10 ¹⁰	KVE/g feces	> 1,0 x 10 ¹⁰	FE NAJ WSDG
Bacteroidetes				
Bacteroides	< 1,0 x 10 ⁴	KVE/g feces	> 5,0 x 10 ⁴	FE NAJ WSDG
Prevotella	8,9 x 10 ¹⁰	KVE/g feces	> 1,0 x 10 ¹⁰	FE NAJ WSDG
Firmicutes				
Butyraatproducerende bacteriën				
Totaal kiemgetal	2,6 x 10 ⁹	KVE/g feces	> 2,4 x 10 ¹¹	FE NAJ WSDG
Faecalibacterium prausnitzii	< 1,0 x 10 ⁴	KVE/g feces	> 1,0 x 10 ¹¹	FE NAJ WSDG
Eubacterium rectale	1,8 x 10 ⁷	KVE/g feces	> 2,0 x 10 ¹⁰	FE NAJ WSDG
Eubacterium hallii	2,4 x 10 ⁸	KVE/g feces	> 1,5 x 10 ¹⁰	FE NAJ WSDG
Roseburia spp.	1,8 x 10 ⁷	KVE/g feces	> 3,0 x 10 ¹⁰	FE NAJ WSDG
Ruminococcus spp.	2,4 x 10 ⁸	KVE/g feces	> 5,0 x 10 ¹⁰	FE NAJ WSDG
Coprococcus spp.	2,6 x 10 ⁸	KVE/g feces	> 5,0 x 10 ¹⁰	FE NAJ WSDG
Butyrivibrio spp.	< 1,0 x 10 ⁴	KVE/g feces	> 1,5 x 10 ¹¹	FE NAJ WSDG
Clostridia				
Totaal kiemgetal	2,7 x 10 ¹¹	KVE/g feces	< 4,0 x 10 ⁹	FE NAJ WSDG
Clostridia Cluster I	8,8 x 10 ¹⁰	KVE/g feces	< 2,0 x 10 ⁹	FE NAJ WSDG
Fusobacteria				
Fusobacterium	1,3 x 10 ¹⁰	KVE/g feces	< 1,0 x 10 ⁷	FE NAJ WSDG
Verrucomicrobia				
Akkermansia muciniphila	< 1,0 x 10 ⁴	KVE/g feces	> 5,0 x 10 ⁹	FE NAJ WSDG
Proteobacteria				
Pathogene of potentieel pathogene bacteriën				
Haemophilus spp.	3,9 x 10 ¹⁰	KVE/g feces	< 5,0 x 10 ⁸	FE NAJ WSDG
Acinetobacter spp.	9,2 x 10 ⁶	KVE/g feces	< 1,0 x 10 ⁶	FE NAJ WSDG

*Externe analyse (R), A) geaccrediteerd NA) niet geaccrediteerd, voor meer informatie over de afkortingen verwijzen wij u naar ons dienstencatalogus.

Casus M. Crohn

Test	Uitslag	Eenheid	Nombereik	Normbereik	Uitslag	Vorig onderzoek
Proteus spp.	< 1,0 x 10 ⁴	KVE/g feces	< 1,0 x 10 ⁶			FE
Klebsiella spp.	< 1,0 x 10 ⁴	KVE/g feces	< 1,0 x 10 ⁷			FE
Enterobacter spp.	7,4 x 10⁷	KVE/g feces	< 1,0 x 10 ⁶			FE
Serratia spp.	3,7 x 10⁷	KVE/g feces	< 1,0 x 10 ⁷			FE
Hafnia spp.	< 1,0 x 10 ⁴	KVE/g feces	< 1,0 x 10 ⁶			FE
Morganella spp.	< 1,0 x 10 ⁴	KVE/g feces	< 1,0 x 10 ⁶			FE
Citrobacter spp.	< 1,0 x 10 ⁴	KVE/g feces	< 5,0 x 10 ⁸			FE
Pseudomonas spp.	< 1,0 x 10 ⁴	KVE/g feces	< 5,0 x 10 ⁷			FE
Providencia spp.	< 1,0 x 10 ⁴	KVE/g feces	< 5,0 x 10 ⁷			FE
H2S-vorming						
Sulfaatreducerende bacteriën (SRB)	< 1,0 x 10 ⁴	KVE/g feces	< 2,5 x 10 ⁹			FE
Desulfovibrio piger	< 1,0 x 10 ⁴	KVE/g feces	< 1,0 x 10 ⁹			FE
Desulfohalobium pigra	< 1,0 x 10 ⁴	KVE/g feces	< 1,0 x 10 ⁹			FE
Bilophia wadsworthia	< 1,0 x 10 ⁴	KVE/g feces	< 2,0 x 10 ⁹			FE
Immunogeniteit / mucine vorming						
Immunogeen werkende bacteriën						
Escherichia coli	4,5 x 10⁸	KVE/g feces	10 ⁶ - 10 ⁷			FE
Enterococcus spp.	4,42 x 10⁸	KVE/g feces	10 ⁶ - 10 ⁷			FE
Lactobacillus spp.	1,5 x 10⁸	KVE/g feces	10 ⁴ - 10 ⁷			FE
Mucine vorming / slijmvliesbarrière						
Akkermansia muciniphila	< 1,0 x 10 ⁴	KVE/g feces	> 5,0 x 10 ⁹			FE
Faecalibacterium prausnitzii	< 1,0 x 10 ⁴	KVE/g feces	> 1,0 x 10 ¹¹			FE
Archaea						
Methanogenen						
Methanobrevibacter spp.	< 1,0 x 10 ⁴	KVE/g feces	< 5,0 x 10 ⁸			FE
Opmerking: Het nieuwe OmniSnap-buide en de daarin aanwezige matrix maken een nog efficiëntere monstervorming mogelijk, vooral bij grampositieve bacteriën. Dit resulteert in licht verschuivingen in de normbereiken. We vragen u hier rekening mee te houden.						
Mycobloem: relevante gisten						
Candida albicans (CA)	<1,0 x 10 ³	KVE/g feces	<1,0 x 10 ³			FE
Candida krusei (CK)	<1,0 x 10 ³	KVE/g feces	< 1,0 x 10 ³			FE
Candida glabrata (CG)	<1,0 x 10 ³	KVE/g feces	< 1,0 x 10 ³			FE
Candida dubliniensis (CD)	<1,0 x 10 ³	KVE/g feces	< 1,0 x 10 ³			FE
Candida parapsilosis (CP)	<1,0 x 10 ³	KVE/g feces	< 1,0 x 10 ³			FE
Candida tropicalis (CTp)	<1,0 x 10 ³	KVE/g feces	< 1,0 x 10 ³			FE
Candida lusitanae (CL)	<1,0 x 10 ³	KVE/g feces	< 1,0 x 10 ³			FE
Parasieten						
Pathobionten						
Blastocystis hominis	negatief		negatief			FE
Dientamoeba fragilis	negatief		negatief			FE
Pathogene darmprotista						
Giardia lamblia	negatief		negatief			FE
Entamoeba histolytica	negatief		negatief			FE
Cryptosporidium spp.	negatief		negatief			FE

Test	Uitslag	Eenheid	Nombereik	Normbereik	Uitslag	Vorig onderzoek
Cyclospora cayentanensis	negatief		negatief			FE AJ MOLEK
Vertaring						
Vetgehalte	7,20	g/100g	< 3,5			FE
Stikstofgehalte	0,40	g/100g	< 1,0			NAU/PHOT
Suikergehalte	5,80	g/100g	< 2,5			FE
Watergehalte	78,80	g/100g	75 - 85			NAU/PHOT
Extra parameter(s)						
Calprotectine	>800,00	mg/l	< 50			FE
Alfa-1-antitripsine	44,9	mg/dl	< 27,5			FE
Secretair Immunoglobuline A	4582,3	µg/ml	510 - 2040			AJ EUSA
Zonuline	91,25	ng/ml	< 55			FE

*Externe analyse (R). A) geaccrediteerd NA) niet geaccrediteerd, voor meer informatie over de afkortingen verwijzen wij u naar ons dienstenoverzicht.

property of Microbiome Center and are classified as confidential. Neither the document, nor parts thereof may be made public, or distributed without explicit written permission of Microbiome Center. This content shall not be provided for information purpose only. The content is exclusively intended for health care professionals.

Casus M. Crohn

MyOwnBlend

Code	Element	Dagdosering
M002	MyOwnBlend, magistrale bereiding 2 maanden (oraal)	
BB021	Bacillus coagulans Unique IS-2	2
BB061	Bifidobacterium lactis HN019	2
BB022	Enterococcus faecium + Bacillus subtilis	1
BB028	L. plantarum P-8	1
BB027	L. rhamnosus SP1	1
BB075	Lactiseibacillus paracasei Lpc-37	1
BB029	PHGG	5
BB058	S. Boulardii CNCM-I-1079	2

Casus M. Crohn

- **Resultaat**

- Feb-juli niet meer ziek geweest, ontlasting stabiel en meer energie, aangekomen in gewicht
- Juli epididymitis waarvoor antibiotica, waarna weer ontregeling
- Sept gestart met school, ging goed, op eigen initiatief biologicals af gaan bouwen en MOB was op

- **Vervolg:**

- Nov ontlasting weer onrustiger, energie nog wel goed
- Herstart biologicals en MOB waarna weer verbetering
- Hertest januari 2026

Casus M. Crohn



Materiaal FE Gevalideerd door Gevalideerd op Dr. Herbert Schmidt 08.01.2026 Uitslagstatus Uitslagstatus op Eindbericht 08.01.2026

Test	Uitslag	Eenheid	Normbereik	Vorig onderzoek
Fecesdiagnostiek				
Molekulargenetische Microbiomanalyse Mini				
Moleculair-genetische microbiomanalyse 3.0				
Kenmerken van de feces				
Kleur	donkerbruin		braun	FE NA/ VDU
Consistentie	briljig		briljig	FE NA/ VDU
pH-waarde	6,9		5,8 - 6,5	FE NA/ TOSTB
Diversiteit				
Diversiteit	4,51		> 5,5	FE NA/ M0802

De diversiteit aan bacteriën in de darm kan van mens tot mens sterk variëren. Frequent gebruik van antibiotica, infecties, toenemende leeftijd, eenzijdige voeding of roken zijn hierop van invloed.

Grad

3

Enterotype	FE NA/ M0802
Bacteroides	

Het menselijke microbiom kan in drie enterotypes ingedeeld worden. De darmbacteriën vormen, afhankelijk van het enterotype, stabiele, maar duidelijk verschillende clusters met typische metabolische eigenschappen. Enterotype 1 wordt gekenmerkt door hoge aantallen Bacteroides en enterotype 2 door een sterke Prevotella kolonisatie. Enterotype 3 wordt gekenmerkt door een Ruminococcus flora.

Enterotyp

1

Dysbiose-Index	FE NA/ RE00N
De dysbiose index is een maatstaf die afwijkingen binnen het microbiom weergeeft. Bij deze maatstaf wordt rekening gehouden met alle onderzochte bacteriefyla, - geslachten en -soorten e.e.a. afhankelijk van hun relevantie.	

Index

34

Ratio	FE NA/ RE00N
Firmicutes / Bacteroidetes Normbereik: < 3,0	2,41
Actinobacteria / Proteobacteria Normbereik: > 1,0	0,35
Prevotella / Bacteroides Normbereik: > 0,1	0,00

*Externe analyse (R), A) geaccrediteerd NA) niet geaccrediteerd, voor meer informatie over de afkortingen verwijzen wij u naar ons dienstencatalogus.

The contents of this document are pre-published, reproduced, copied, and considered medical advice and is p

Test	Uitslag	Eenheid	Normbereik	Vorig onderzoek
Indeling van bacteriën naar fyllum*				
Actinobacteria	2,2	%	1,5 - 7	FE NA/ M0802
Bacteroidetes	26,8	%	20 - 45	FE NA/ M0802
Firmicutes	64,7	%	50 - 75	FE NA/ M0802
Fusobacteria	0,0	%	0,0 - 1,0	FE NA/ M0802
Proteobacteria	6,2	%	1,0 - 3,5	FE NA/ M0802
Verrucomicrobia	0,0	%	1,5 - 5,0	FE NA/ M0802
Overige	0,0	%		FE NA/ M0802

Metaboloom (stofwisselingsactieve bacteriegroepen)				
Secundaire galzuren	191,5	%		FE NA/ M0802
TMA / TMAO	290,0	%		FE NA/ M0802
Indoxylsulfaat	-50,0	%		FE NA/ M0802
Fenolen	61,3	%		FE NA/ M0802
Ammoniak	72,7	%		FE NA/ M0802
Histamine	-50,0	%		FE NA/ M0802
Equol	-21,0	%		FE NA/ M0802
Beta-glucuronidasen	63,3	%		FE NA/ M0802

Indeling van bacteriën naar fyllum met de belangrijkste bacteriegeslachten en -soorten				
Actinobacteria				
Bifidobacterium	1,6 x 10 ¹⁰	KVE/g feces	> 1,0 x 10 ¹⁰	FE NA/ M0802
Bacteroidetes				
Bacteroides	2,7 x 10 ¹¹	KVE/g feces	> 5,0 x 10 ¹⁰	FE NA/ M0802
Prevotella	< 1,0 x 10 ⁵	KVE/g feces	> 1,0 x 10 ¹⁰	FE NA/ M0802
Firmicutes				
Butyraatproducerende bacteriën				
Totaal kiemgetal	3,9 x 10 ¹¹	KVE/g feces	> 2,4 x 10 ¹¹	FE NA/ M0802
Faecalibacterium prausnitzii	2,5 x 10 ¹¹	KVE/g feces	> 1,0 x 10 ¹¹	FE NA/ M0802
Eubacterium rectale**	2,6 x 10 ¹⁰	KVE/g feces	> 2,0 x 10 ¹⁰	FE NA/ M0802
Eubacterium hallii***	2,6 x 10 ⁹	KVE/g feces	> 1,5 x 10 ¹⁰	FE NA/ M0802
Roseburia spp.	6,0 x 10 ¹⁰	KVE/g feces	> 3,0 x 10 ¹⁰	FE NA/ M0802
Ruminococcus spp.	1,8 x 10 ⁹	KVE/g feces	> 5,0 x 10 ¹⁰	FE NA/ M0802
Coprococcus spp.	4,8 x 10 ¹⁰	KVE/g feces	> 5,0 x 10 ¹⁰	FE NA/ M0802
Butyrivibrio spp.	3,3 x 10 ⁹	KVE/g feces	> 1,5 x 10 ¹⁰	FE NA/ M0802
Clostridia				
Totaal kiemgetal	3,9 x 10 ⁹	KVE/g feces	< 4,0 x 10 ⁹	FE NA/ M0802
Clostridia Cluster I	1,0 x 10 ⁵	KVE/g feces	< 2,0 x 10 ⁹	FE NA/ M0802
Fusobacteria				
Fusobacterium	3,0 x 10 ⁸	KVE/g feces	< 1,0 x 10 ⁷	FE NA/ M0802
Verrucomicrobia				
Akkermansia muciniphila	< 1,0 x 10 ⁵	KVE/g feces	> 5,0 x 10 ⁹	FE NA/ M0802
Proteobacteria				
Pathogene of potentieel pathogene bacteriën				
Haemophilus spp.	2,3 x 10 ⁹	KVE/g feces	< 5,0 x 10 ⁸	FE NA/ M0802
Acinetobacter spp.	< 1,0 x 10 ⁵	KVE/g feces	< 1,0 x 10 ⁶	FE NA/ M0802

*Externe analyse (R), A) geaccrediteerd NA) niet geaccrediteerd, voor meer informatie over de afkortingen verwijzen wij u naar ons dienstencatalogus.

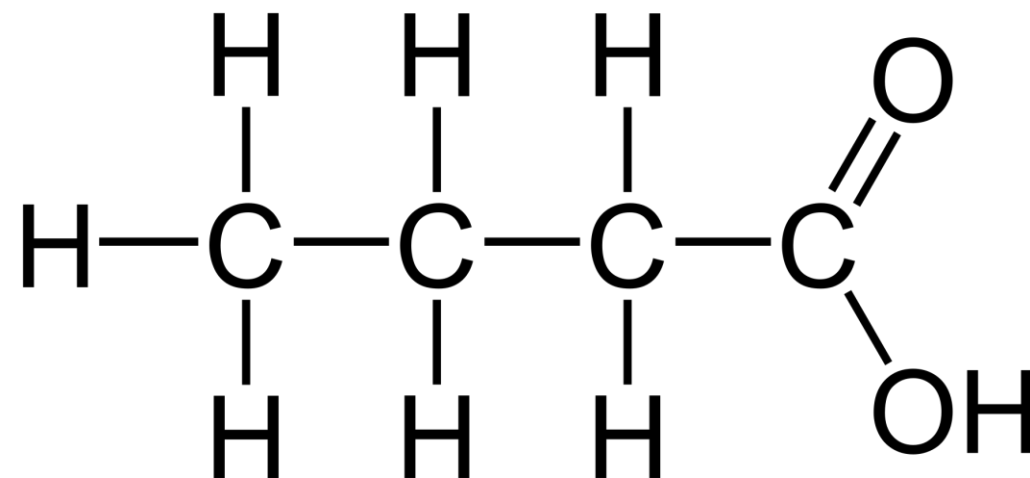
Casus M. Crohn

Test	Uitslag	Eenheid	Normbereik	Referentie	onderzoek
Proteus spp.	2,5 x 10⁸	KVE/g feces	< 1,0 x 10 ⁶		FE NAI MGGEO
Klebsiella spp.	< 1,0 x 10 ⁴	KVE/g feces	< 1,0 x 10 ⁷		FE NAI MGGEO
Enterobacter spp.	3,5 x 10⁷	KVE/g feces	< 1,0 x 10 ⁶		FE NAI MGGEO
Serratia spp.	< 1,0 x 10 ⁴	KVE/g feces	< 1,0 x 10 ⁷		FE NAI MGGEO
Hafnia spp.	< 1,0 x 10 ⁴	KVE/g feces	< 1,0 x 10 ⁶		FE NAI MGGEO
Morganella spp.	< 1,0 x 10 ⁴	KVE/g feces	< 1,0 x 10 ⁶		FE NAI MGGEO
Citrobacter spp.	< 1,0 x 10 ⁴	KVE/g feces	< 5,0 x 10 ⁸		FE NAI MGGEO
Pseudomonas spp.	< 1,0 x 10 ⁴	KVE/g feces	< 5,0 x 10 ⁷		FE NAI MGGEO
Providencia spp.	< 1,0 x 10 ⁴	KVE/g feces	< 5,0 x 10 ⁷		FE NAI MGGEO
H2S-vorming					
Sulfaatreducerende bacteriën (SRB)	< 1,0 x 10 ⁴	KVE/g feces	< 2,5 x 10 ⁹		FE NAI MGGEO
Desulfovibrio piger	< 1,0 x 10 ⁴	KVE/g feces	< 1,0 x 10 ⁹		FE NAI MGGEO
Bilophila wadsworthia	< 1,0 x 10 ⁴	KVE/g feces	< 2,0 x 10 ⁹		FE NAI MGGEO
Immunogeniciteit / mucine vorming					
Immunogeen werkende bacteriën					
Escherichia coli	2,2 x 10⁸	KVE/g feces	10 ⁶ - 10 ⁷		FE NAI MGGEO
Enterococcus spp.	1,40 x 10⁷	KVE/g feces	10 ⁶ - 10 ⁷		FE NAI MGGEO
Lactobacillus spp.	1,5 x 10 ⁶	KVE/g feces	10 ⁵ - 10 ⁷		FE NAI MGGEO
Mucine vorming / slijmvliesbarrière					
Akkermansia muciniphila	< 1,0 x 10 ⁴	KVE/g feces	> 5,0 x 10 ⁹		FE NAI MGGEO
Faecalibacterium prausnitzii	2,5 x 10 ¹¹	KVE/g feces	> 1,0 x 10 ¹⁰		FE NAI MGGEO
Archaea					
Methanogenen					
Methanobrevibacter spp.	< 1,0 x 10 ⁴	KVE/g feces	< 5,0 x 10 ⁸		FE NAI MGGEO
Bijgewerkte nomenclatuur/synoniemen: * Actinobacteria = Actinomycetota Bacteroidetes = Bacteroidia Firmicutes = Bacillia Fusobacteria = Fusobacteriota Proteobacteria = Pseudomonadota Verrucomicrobia = Verrucomicrobiota ** Eubacterium rectale = Agathobacter rectale *** Eubacterium hallii = Anaerobutyricum hallii **** Clostridium histolyticum = Hatheyeya histolytica					
Mycobiom: relevante gisten					
Candida albicans	< 1,0 x 10 ³	KVE/g feces	< 1,0 x 10 ³		FE NAI PCR
Candida dubliniensis	< 1,0 x 10 ³	KVE/g feces	< 1,0 x 10 ³		FE NAI PCR
Candida parapsilosis	< 1,0 x 10 ³	KVE/g feces	< 1,0 x 10 ³		FE NAI PCR
Candida tropicalis	< 1,0 x 10 ³	KVE/g feces	< 1,0 x 10 ³		FE NAI PCR
Candida lusitanae	< 1,0 x 10 ³	KVE/g feces	< 1,0 x 10 ³		FE NAI PCR
Candida krusei (a)	< 1,0 x 10 ³	KVE/g feces	< 1,0 x 10 ³		FE NAI PCR
Candida glabrata (b)	< 1,0 x 10 ³	KVE/g feces	< 1,0 x 10 ³		FE NAI PCR
Bijgewerkte nomenclatuur/synoniemen: (a) Candida krusei = Pichia kudriavzevii (b) Candida glabrata = Nakaseomyces glabratus					
Extra parameter(s)					
Calprotectine	281,14	mg/l	< 50		FE AI ELISA
Zonuline	49,28	ng/ml	< 55		FE NAI ELISA

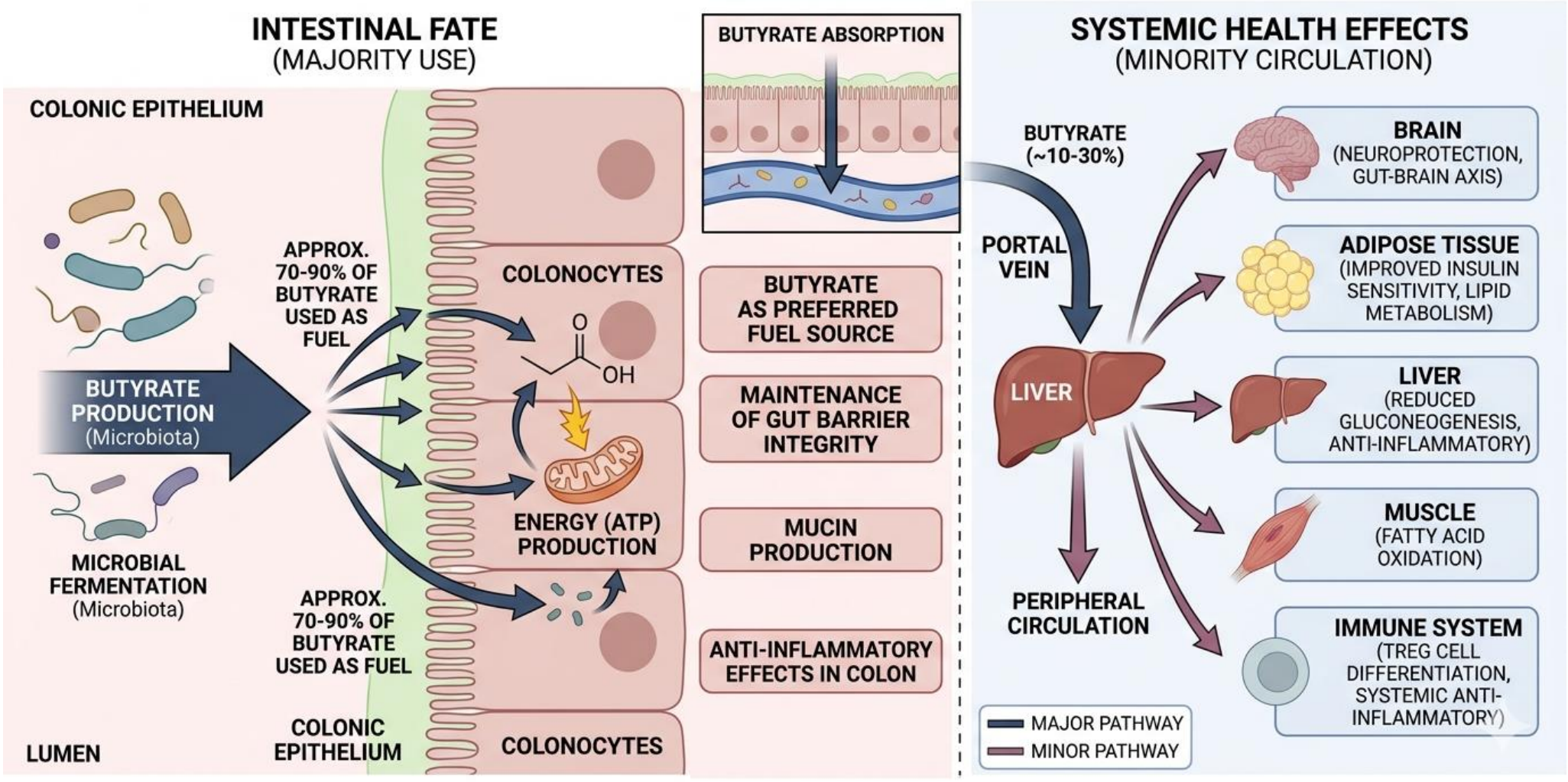
The contents of this document are property of Microbiome Center and are classified as confidential. Neither the document, nor parts thereof may be published, reproduced, copied, made public, or distributed without explicit written permission of Microbiome Center. This content shall not be considered medical advice and is provided for information purpose only. The content is exclusively intended for health care professionals.

Butyrate

Health effects

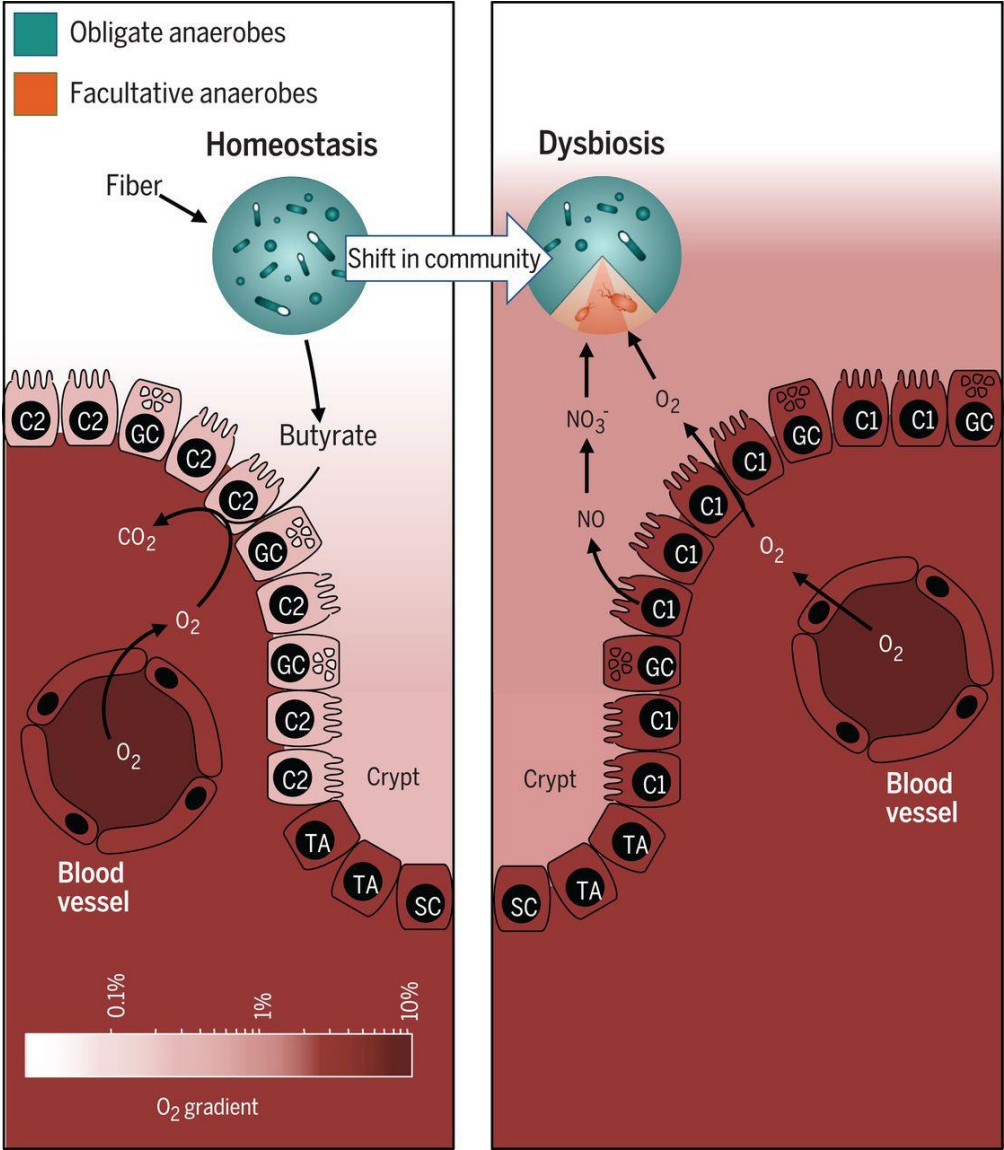


Butyrate metabolism and systemic health effects



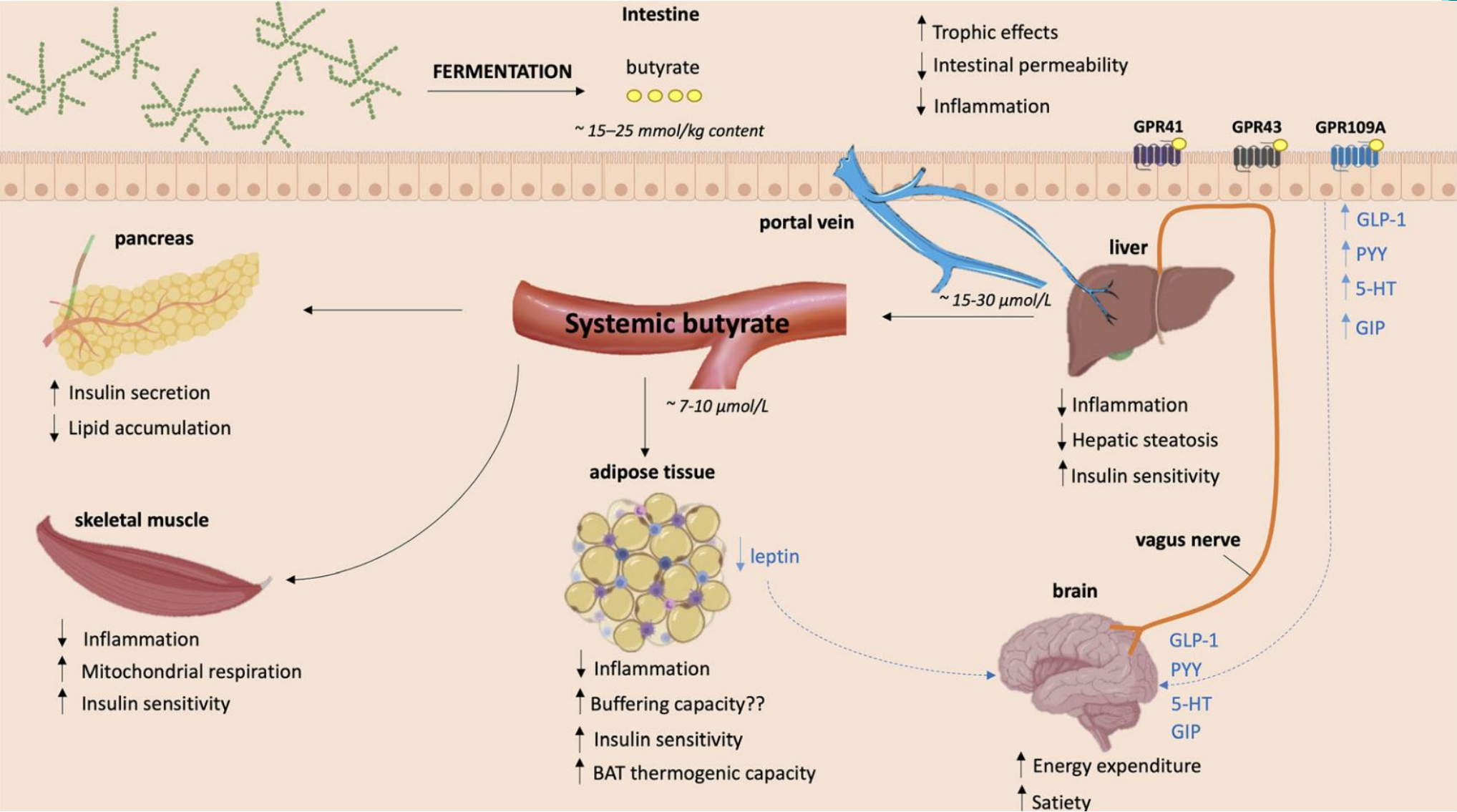
1. McNabney, S. M. et al. *Nutrients*.9.,1348.(2017)
2. Singh, V. et al. *Front. Microbiol.*13.,1103836.(2023)
3. Hays, K. E. et al. *Gut Microbes*.16.,2393270.(2024)

Butyrate local health effects



Litvak, Y. et al. *Science*.362.,eaat9076.(2018)

Butyrate systemic health effects



van Deuren, T. et al. Obesity Reviews. n/a, e13498. (2022)

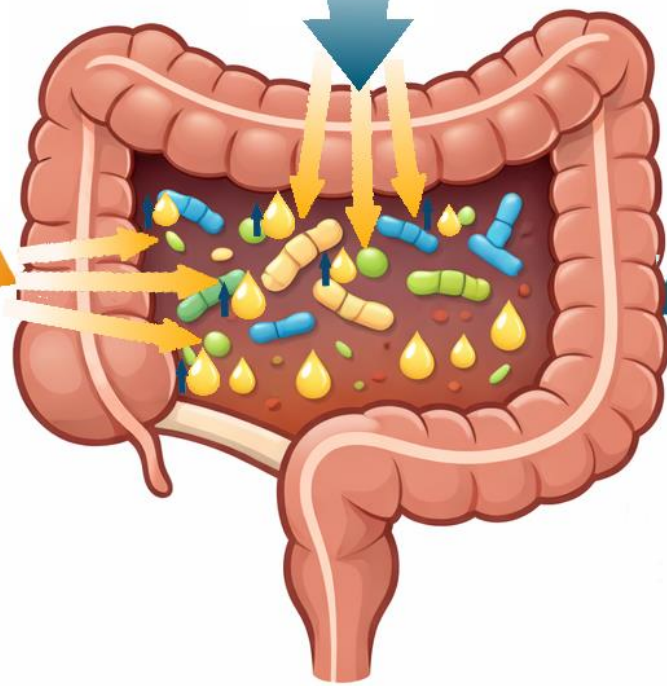
1



Prebiotic fibers

2

Ecosystem-supporting
probiotics



Butyrate-producing
probiotics

3

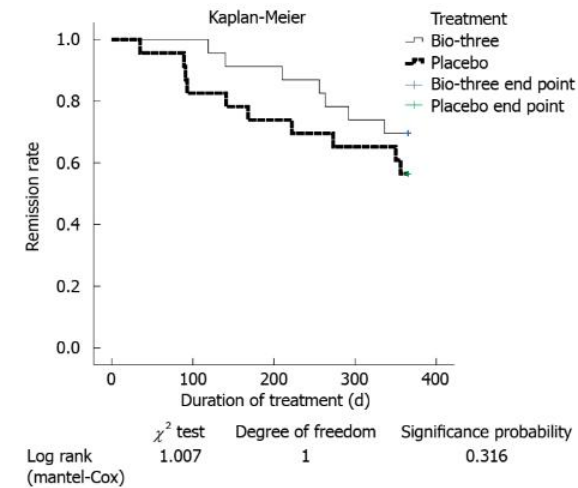
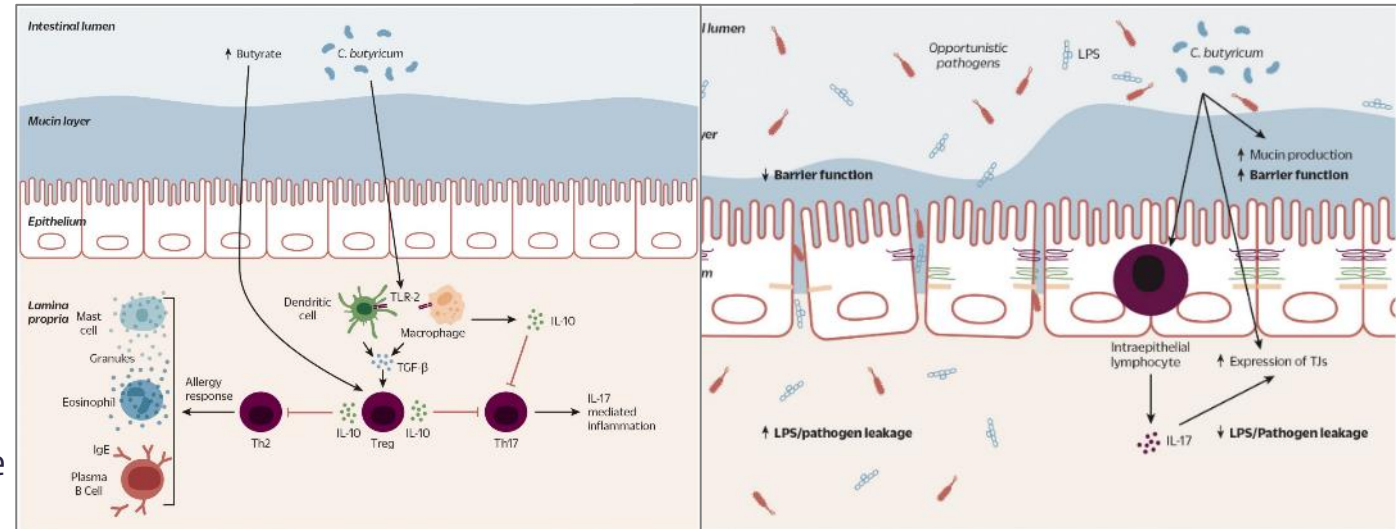


Butyrate

3

Butyrate-producing probiotics: “Butyrate generator”

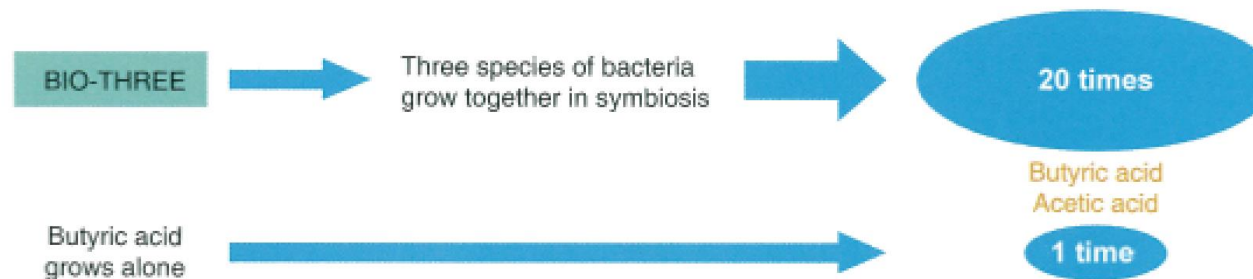
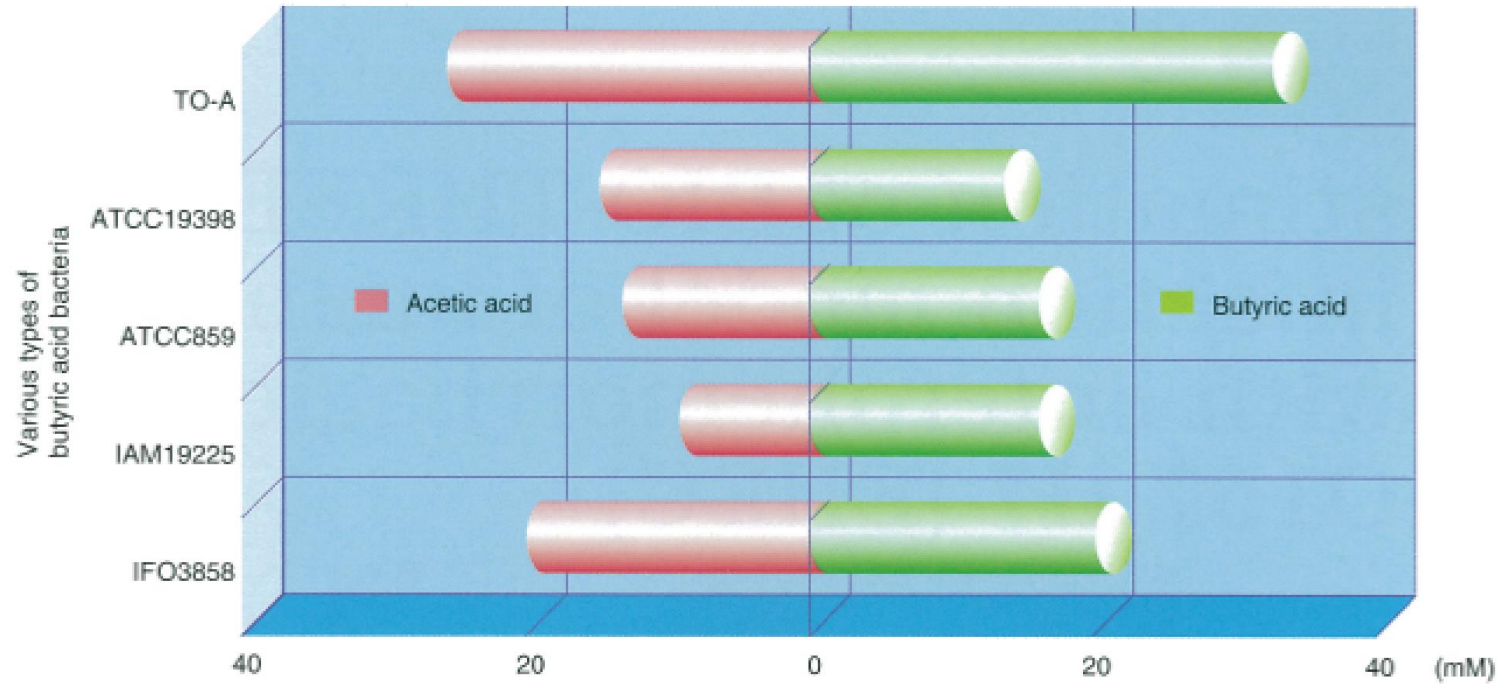
- This building block contains three strains:
 - Enterococcus faecium* T-110
 - Clostridium butyricum* TO-A
 - Bacillus subtilis* TO-A
- On the Japanese market as medicine since 1963
- Strains act symbiotically, yielding *in situ* butyrate production of *C. butyricum*
- Butyrate** has strong anti-inflammatory properties¹⁻³
 - Exemplified by effect of this building block on ulcerative colitis⁴⁻⁶
- For this building block there is also evidence for:
 - Anti-inflammatory effects^{4,7,8}
 - Infectious diarrhea^{7,8}
- Data analysis: favorable effect in patients with allergy.
- Typical use: inflammation with low butyrate-producing capacity.



- Brahe, L. K. et al. *Obesity Reviews* 14, 950–959 (2013)
- Chang, P. V. et al. *PNAS* 111, 2247–2252 (2014)
- Stoeva, M. K. et al. *Gut Microbes* 13, 1907272 (2021)
- Yoshimatsu, Y. et al. *World J Gastroenterol* 21, 5985–5994 (2015)
- Tsuda, Y. et al. *Scand. J. Gastroenterol.* 42, 1306–1311 (2007)
- Lee, J. et al. *Gastroenterology Research and Practice* 2022, 1–5 (2022)
- Chen, C.-C. et al. *Pediatr. Infect. Dis. J.* 29, 135–138 (2010)
- Huang, Y.-F. et al. *J. Clin. Gastroenterol.* 48, 37–42 (2014)
- Aisu, N. et al. *Experimental and Therapeutic Medicine* 10, 966–972 (2015)

3

Butyrate-producing probiotics: “Butyrate generator” (Bio-three)



3 Butyrate-producing probiotics: Synergy between *C. butyricum* and PHGG

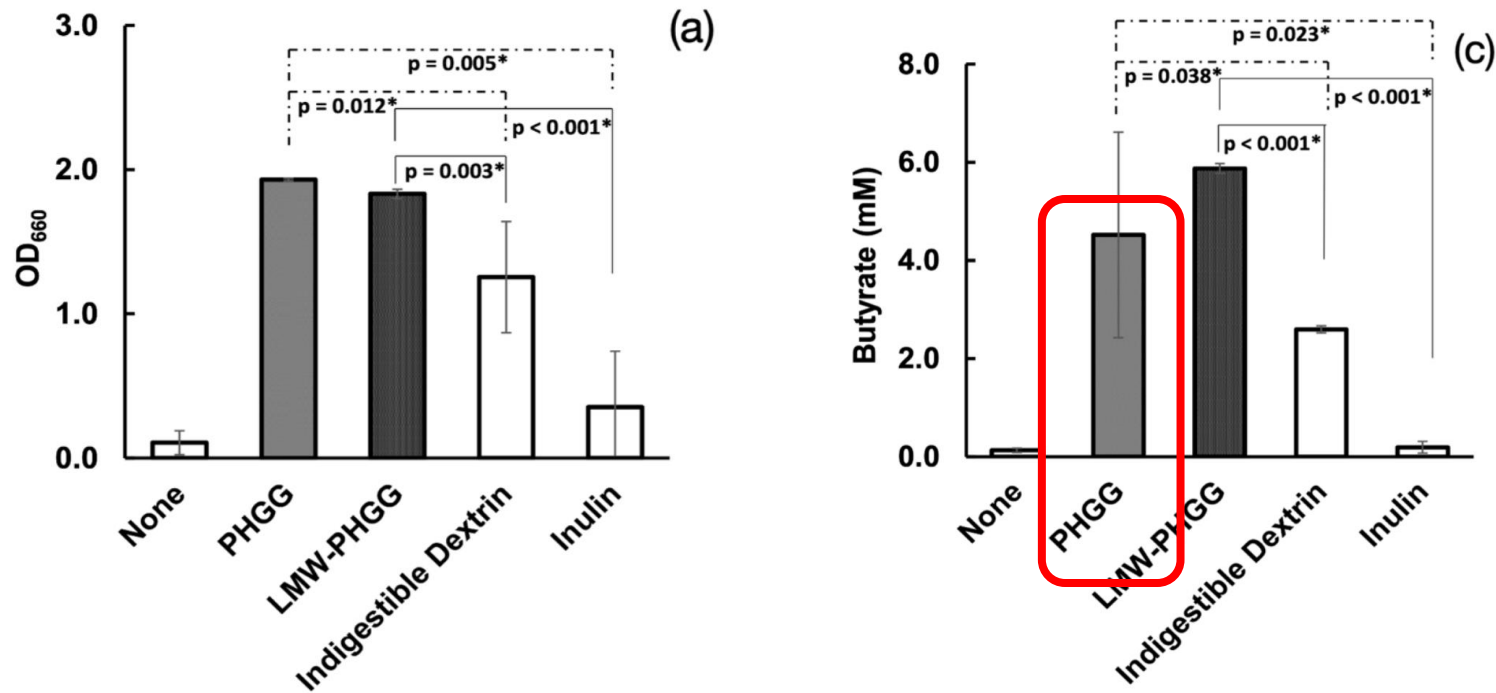
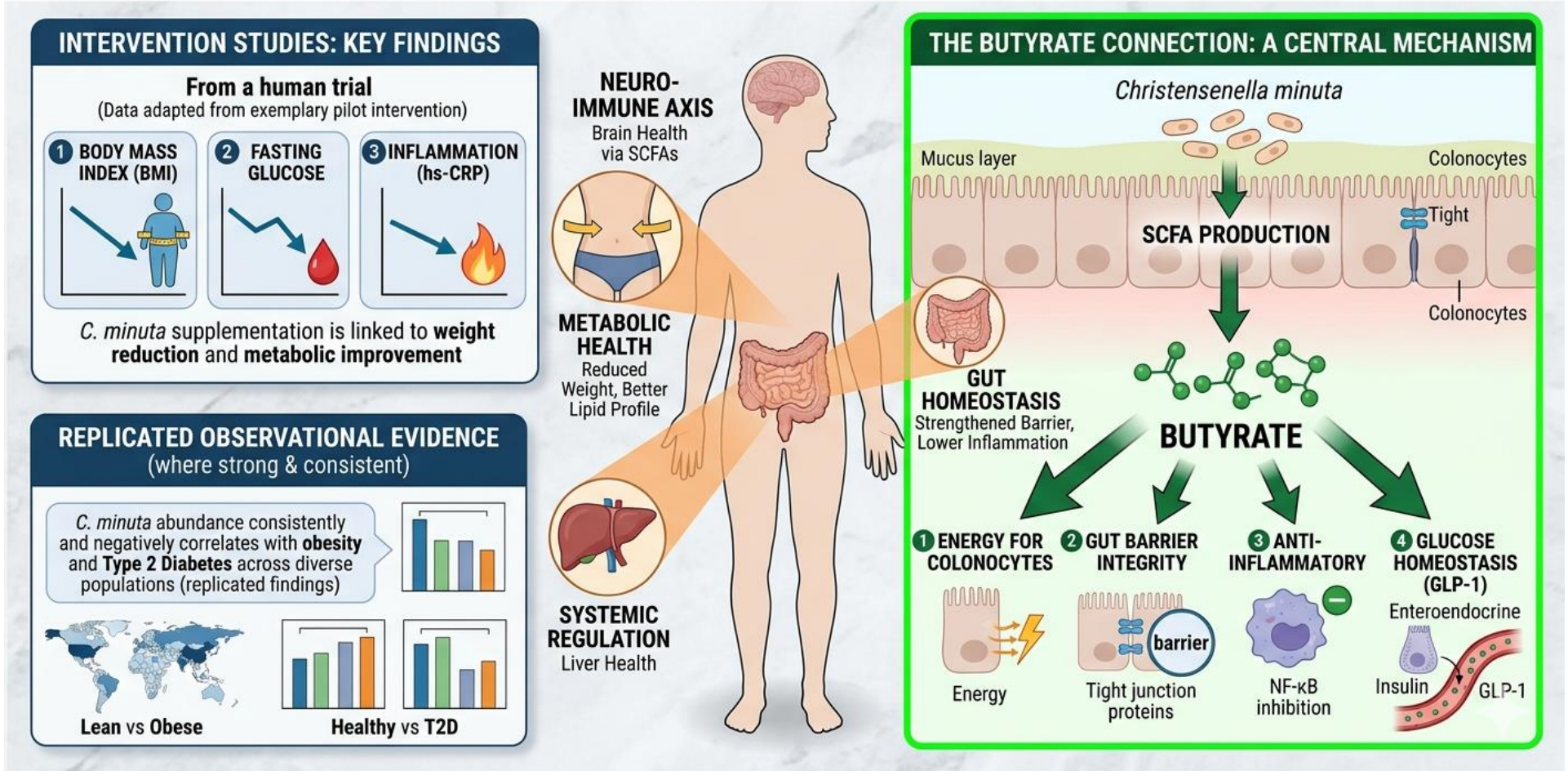


Figure 2. Synergistic effect of different prebiotic dietary fiber supplementation as a carbon source on *Clostridium butyricum* bacterial strain for enhanced butyrate production during in-vitro fermentation. (a) bacterial growth (OD₆₆₀), (b) variation in pH of basal medium, and (c) butyrate production. [Statistical significance: $p \leq 0.05$]

3 Butyrate-producing probiotics to come: *Christensenella minuta* Lx-03

HEALTH EFFECTS OF *CHRISTENSENELLA MINUTA*: A NEXT-GENERATION PROBIOTIC



Example case 3

UTI and low butyrate
producers



Casus UWI's en lage butyraatvormers

Amber, 1996

- Recidiverende UWI's, afgelopen 2 jaar ook pyelonephritis, vaak antibiotica (daarbij ook probiotica)
- Voorgeschiedenis:
 - Lyme waarvoor in buitenland verschillende behandelingen
 - Endometriose
 - Sinustachycardie
- Fam: veel auto-immuunziektes
- Def: dagelijks, soms diarree, wel erg opgeblazen en bolle buik.
- Voeding: al 12 jaar mee bezig, holistisch natuurdietist gehad, is haar wel helder wat ze wel en niet kan eten. Ook IgG test gedaan. Overgevoelig voor gluten en melkeiwit.

- Microbioomanalyse augustus 2024

Casus UWI's

Datum monstername 23.07.2024 10:05 Gevalideerd door Dr. Herbert Schmidt Uitslagstatus Uitslagstatus op 12.08.2024 **Endbericht**

Materialiaal 23.07.2024 10:05 FE Gevalideerd op 12.08.2024 Uitslagstatus op 12.08.2024

Test	Uitslag	Eenheid	Nombereik	Vorig onderzoek
Feceediagnostiek				
Mikrobiomanalyse Midi PLUS (Microbloom Center)				
Moleculair-genetische microbiomanalyse 3.0				
Kenmerken van de feces				

Kleur	donkerbruin	FE	NA/VIRO
Consistentie	brijig	FE	NA/VIRO
pH-waarde	7,4	5,8 - 6,5	FE
Diversiteit	4,00	> 5,5	FE

De diversiteit aan bacteriën in de darm kan van mens tot mens sterk variëren. Frequent gebruik van antibiotica, infecties, toenemende leeftijd, eenzijdige voeding of roken zijn hierop van invloed.



Enterotype
Bacteroides

Het menselijke microbiom kan in drie enterotypes ingedeeld worden. De darmbacteriën vormen, afhankelijk van het enterotype, stabiele, maar duidelijk verschillende clusters met typische metabolische eigenschappen. Enterotype 1 wordt gekenmerkt door hoge aantallen Bacteroides en enterotype 2 door een sterke Prevotella kolonisatie. Enterotype 3 wordt gekenmerkt door een Ruminococcus flora.

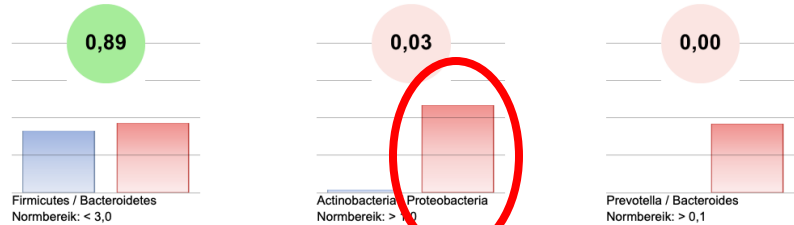


Dysbiose-index
Index

De dysbiose index is een maatstaf die afwijkingen binnen het microbiom weergeeft. Bij deze maatstaf rekening gehouden met alle onderzochte bacteriefyla, -geslachten en -soorten e.e.a. afhankelijk van hun relevantie.



Ratio
0,89
0,03
0,00



FE=feces *Externe analyse (R), A) geaccrediteerd NA) niet geaccrediteerd

Test	Uitslag	Eenheid	Nombereik	Vorig onderzoek
------	---------	---------	-----------	-----------------

Indeling van bacteriën naar fyllum

Actinobacteria	0,4	%	1,5 - 7	FE
Bacteroidetes	48,5	%	20 - 45	FE
Firmicutes	41,4	%	50 - 75	FE
Fusobacteria	0,0	%	0,0 - 1,0	FE
Proteobacteria	11,7	%	1,0 - 3,5	FE
Verrucomicrobia	0,0	%	1,5 - 5,0	FE
Overige	0,0	%		FE

Metabool (stofwisselingsactieve bacteriegroepen)

Secundaire galzuren	910,3	%		FE
TMA / TMAO	4212,4	%		FE
Indoxylsulfaat	-50,0	%		FE
Fenolen	544,3	%		FE
Ammoniak	124,4	%		FE
Histamine	-46,0	%		FE
Equol	194,0	%		FE
Beta-glucuronidasen	225,2	%		FE

Indeling van bacteriën naar fyllum met de belangrijkste bacteriegeslachten en -soorten

Actinobacteria

Bifidobacterium	6,4 x 10 ⁸	KVE/g feces	> 1,0 x 10 ¹⁰	FE
-----------------	-----------------------	-------------	--------------------------	----

Bacteroidetes

Bacteroides	4,6 x 10 ¹¹	KVE/g feces	> 5,0 x 10 ¹⁰	FE
Prevotella	3,0 x 10 ⁸	KVE/g feces	> 1,0 x 10 ¹⁰	FE

Firmicutes

Butyraatproducerende bacteriën

Totaal kiemgetal	1,2 x 10 ¹⁰	KVE/g feces	> 2,4 x 10 ¹¹	FE
Faecalibacterium prausnitzii	< 1,0 x 10 ⁶	KVE/g feces	> 1,0 x 10 ¹¹	FE
Eubacterium rectale	1,1 x 10 ⁸	KVE/g feces	> 2,0 x 10 ¹⁰	FE
Eubacterium hallii	1,5 x 10 ⁹	KVE/g feces	> 1,5 x 10 ¹⁰	FE
Roseburia spp.	1,2 x 10 ⁹	KVE/g feces	> 3,0 x 10 ¹⁰	FE
Ruminococcus spp.	5,5 x 10 ⁹	KVE/g feces	> 5,0 x 10 ¹⁰	FE
Coprococcus spp.	3,7 x 10 ⁹	KVE/g feces	> 5,0 x 10 ¹⁰	FE
Butyrivibrio spp.	1,7 x 10 ⁸	KVE/g feces	> 1,5 x 10 ¹⁰	FE

Clostridia

Totaal kiemgetal	3,9 x 10 ⁸	KVE/g feces	< 4,0 x 10 ⁹	FE
Clostridia Cluster I	1,0 x 10 ⁵	KVE/g feces	< 2,0 x 10 ⁹	FE

Fusobacteria

Fusobacterium	< 1,0 x 10 ⁵	KVE/g feces	< 1,0 x 10 ⁷	FE
---------------	-------------------------	-------------	-------------------------	----

Verrucomicrobia

Akkermansia muciniphila	< 1,0 x 10 ⁵	KVE/g feces	> 5,0 x 10 ⁹	FE
-------------------------	-------------------------	-------------	-------------------------	----

Proteobacteria

Pathogene of potentieel pathogene bacteriën

Haemophilus spp.	< 1,0 x 10 ⁵	KVE/g feces	< 5,0 x 10 ⁸	FE
Acinetobacter spp.	< 1,0 x 10 ⁵	KVE/g feces	< 1,0 x 10 ⁶	FE

ioime

Casus UWI's

Test	Uitslag	Eenheid	Nomrbereik	Verig onderzoek
Proteus spp.	< 1,0 x 10 ⁴	KVE/g feces	< 1,0 x 10 ⁶	FE
Klebsiella spp.	1,8 x 10¹⁰	KVE/g feces	< 1,0 x 10 ⁷	FE
Enterobacter spp.	< 1,0 x 10 ⁴	KVE/g feces	< 1,0 x 10 ⁶	FE
Serratia spp.	< 1,0 x 10 ⁴	KVE/g feces	< 1,0 x 10 ⁷	FE
Hafnia spp.	< 1,0 x 10 ⁴	KVE/g feces	< 1,0 x 10 ⁶	FE
Morganella spp.	4,1 x 10⁷	KVE/g feces	< 1,0 x 10 ⁶	FE
Citrobacter spp.	4,0 x 10 ⁸	KVE/g feces	< 5,0 x 10 ⁸	FE
Pseudomonas spp.	< 1,0 x 10 ⁴	KVE/g feces	< 5,0 x 10 ⁷	FE
Providencia spp.	< 1,0 x 10 ⁴	KVE/g feces	< 5,0 x 10 ⁷	FE
H2S-vorming				
Sulfaatreducerende bacteriën (SRB)	8,8 x 10⁹	KVE/g feces	< 2,5 x 10 ⁹	FE
Desulfovibrio piger	< 1,0 x 10 ⁴	KVE/g feces	< 1,0 x 10 ⁹	FE
Desulfomonas pigra	< 1,0 x 10 ⁴	KVE/g feces	< 1,0 x 10 ⁹	FE
Bifidobacterium wadsworthii	< 1,0 x 10 ⁴	KVE/g feces	< 2,0 x 10 ⁹	FE
Immunogeniteit / mucine vorming				
Immunogeen werkende bacteriën				
Escherichia coli	3,8 x 10⁸	KVE/g feces	10 ⁶ - 10 ⁷	FE
Enterococcus spp.	9,34 x 10 ⁶	KVE/g feces	10 ⁶ - 10 ⁷	FE
Lactobacillus spp.	1,0 x 10⁵	KVE/g feces	10 ⁴ - 10 ⁷	FE
Mucine vorming / aljmviesbarrière				
Akkermansia muciniphila	< 1,0 x 10 ⁴	KVE/g feces	> 5 x 10 ⁹	FE
Faecalibacterium prausnitzii	< 1,0 x 10 ⁴	KVE/g feces	> 1,0 x 10 ¹¹	FE
Archaea				
Methanogenen				
Methanobrevibacter spp.	< 1,0 x 10 ⁴	KVE/g feces	< 5,0 x 10 ⁸	FE
Opmerking: Het nieuwe OmicSnap-buise en de daarin aanwezige matrix maken een nog effectievere monsteranalyse mogelijk, vooral bij grampositieve bacteriën. Dit resulteert in lichte verschuivingen in de nomrbereiken. We vragen u hier rekening mee te houden.				
Mycobloom: relevante gisten				
Candida albicans (CA)	<1,0 x 10 ³	KVE/g feces	<1,0 x 10 ³	FE
Candida krusei (CK)	<1,0 x 10 ³	KVE/g feces	< 1,0 x 10 ³	FE
Candida glabrata (CG)	<1,0 x 10 ³	KVE/g feces	< 1,0 x 10 ³	FE
Candida dubliniensis (CD)	<1,0 x 10 ³	KVE/g feces	< 1,0 x 10 ³	FE
Candida parapsilosis (CP)	<1,0 x 10 ³	KVE/g feces	< 1,0 x 10 ³	FE
Candida tropicalis (CTp)	<1,0 x 10 ³	KVE/g feces	< 1,0 x 10 ³	FE
Candida lusitanae (CL)	<1,0 x 10 ³	KVE/g feces	< 1,0 x 10 ³	FE
Parasieten				
Pathobionten				
Blastocystis hominis	negatief		negatief	FE
Dientamoeba fragilis	negatief		negatief	FE
Pathogene darmprotozoa				
Giardia lamblia	negatief		negatief	FE
Entamoeba histolytica	negatief		negatief	FE
Cryptosporidium spp.	negatief		negatief	FE

Test	Uitslag	Eenheid	Nomrbereik	Verig onderzoek
Cyclospora cayetanensis	negatief		negatief	FE
Vertoring				
Vetgehalte	5,10	g/100g	< 3,5	FE
Stikstofgehalte	0,60	g/100g	< 1,0	FE
Suikergehalte	4,70	g/100g	< 2,5	FE
Watergehalte	79,10	g/100g	75 - 85	FE
Extra parameter(s)				
Calprotectine	21,50	mg/l	< 50	FE
Alfa-1-antitripsine	17,0	mg/dl	< 27,5	FE
Secretoir Immunoglobuline A	520,2	µg/ml	510 - 2040	FE
Zonuline	93,74	ng/ml	< 55	FE

erty of Microbiome Center and are classified as confidential. Neither the document, nor parts thereof may be public, or distributed without explicit written permission of Microbiome Center. This content shall not be rovided for information purpose only. The content is exclusively intended for health care professionals.

Casus UWI's

MyOwnBlend

DJrepair, iberiscomplex

MyOwnBlend, magistrale bereiding onderhoudsrecept (oraal)	
2'-Fucosyllactose	3
Bacillus clausii UBBC-07	1
Butyraat generator	2
L. fermentum ME-3	2
L. rhamnosus GG	2
PHGG	4
S. Boulardii CNCM-I-1079	1

Casus UWI's

Resultaat:

- Geen blaasontstekingen meer gehad, is daar heel blij mee.
- Opgeblazen buik is bijna weg, soms in cyclus nog beetje.
- Def: goed en stabiel.
- Voeding niet aangepast, zat al goed.

Vervolg:

- MOB onderhoudsrecept (DJ repair niet meer nodig)
- Hertest april 2026

Casus UWI's

Hertest: maart 2026

Datum monstername 17.03.2026 18:45 Gevalideerd door Dr. Herbert Schmidt Uitslagstatus Eindbericht
 Materiaal FE Gevalideerd op 30.03.2026 Uitslagstatus op 30.03.2026

Test	Uitslag	Eenheid	Nombereik	Vorig onderzoek
------	---------	---------	-----------	-----------------

Fecesdiagnostiek

Mikrobiomanalyse Mini PLUS (Microbiome Center)

Moleculair-genetische microbiomanalyse 3.0

Kenmerken van de feces

Kleur	bruin			
Consistentie	taalbrijg			
pH-waarde	7,1		5,8 - 6,5	

Diversiteit

Diversiteit	5,03		> 5,5	
-------------	------	--	-------	--

De diversiteit aan bacteriën in de darm kan van mens tot mens sterk variëren. Frequent gebruik van antibiotica, infecties, toenemende leeftijd, eenzijdige voeding of roken zijn hierop van invloed.

Grad

4

Enterotype

Bacteroides				
-------------	--	--	--	--

Het menselijke microbiom kan in drie enterotypes ingedeeld worden. De darmbacteriën vormen, afhankelijk van het enterotype, stabiele, maar duidelijk verschillende clusters met typische metabolische eigenschappen. Enterotype 1 wordt gekenmerkt door hoge aantallen Bacteroides en enterotype 2 door een sterke Prevotella kolonisatie. Enterotype 3 wordt gekenmerkt door een Ruminococcus flora.

Enterotyp

1

Dysbiose-index

De dysbiose index is een maatstaf die afwijkingen binnen het microbiom weergeeft. Bij deze maatstaf wordt rekening gehouden met alle onderzochte bacteriefyla, -geslachten en -soorten e.e.a. afhankelijk van hun relevantie.

Index

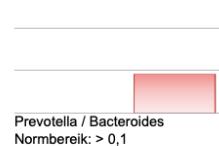
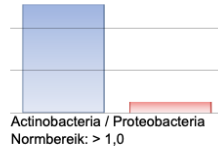
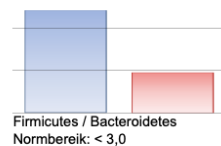
20

Ratio

2,55

9,85

0,00



*Externe analyse (R), A) geaccrediteerd NA) niet geaccrediteerd, voor meer informatie over de afkortingen verwijzen wij u naar ons dienstencatalogus.

Test	Uitslag	Eenheid	Nombereik	Vorig onderzoek
Indeling van bacteriën naar fyllum*				
Actinobacteria	12,8	%	1,5 - 7	
Bacteroidetes	23,8	%	20 - 45	
Firmicutes	60,6	%	50 - 75	
Fusobacteria	0,0	%	0,0 - 1,0	
Proteobacteria	1,3	%	1,0 - 3,5	
Verrucomicrobia	0,5	%	1,5 - 5,0	
Overige	1,0	%		
Metaboolom (stofwisselingsactieve bacteriegroepen)				
Secundaire galzuren	118,4	%		
TMA / TMAO	209,5	%		
Indoxylsulfaat	-50,0	%		
Fenolen	310,3	%		
Ammoniak	-16,6	%		
Histamine	-50,0	%		
Equol	5442,9	%		
Beta-glucuronidasen	-42,7	%		
Indeling van bacteriën naar fyllum met de belangrijkste bacteriegeslachten en -soorten				
Actinobacteria				
Bifidobacterium	7,2 x 10 ¹⁰	KVE/g feces	> 1,0 x 10 ¹⁰	
Bacteroidetes				
Bacteroides	2,3 x 10 ¹¹	KVE/g feces	> 5,0 x 10 ¹⁰	
Prevotella	9,2 x 10 ⁶	KVE/g feces	> 1,0 x 10 ¹⁰	
Firmicutes				
Butyraatproducerende bacteriën				
Totaal kiemgetal	1,9 x 10 ¹¹	KVE/g feces	> 2,4 x 10 ¹¹	
Faecalibacterium prausnitzii	9,3 x 10 ¹⁰	KVE/g feces	> 1,0 x 10 ¹¹	
Eubacterium rectale**	8,9 x 10 ⁹	KVE/g feces	> 2,0 x 10 ¹⁰	
Eubacterium hallii***	2,3 x 10 ¹⁰	KVE/g feces	> 1,5 x 10 ¹⁰	
Roseburia spp.	9,6 x 10 ⁹	KVE/g feces	> 3,0 x 10 ¹⁰	
Ruminococcus spp.	1,1 x 10 ¹⁰	KVE/g feces	> 5,0 x 10 ¹⁰	
Coprococcus spp.	4,4 x 10 ¹⁰	KVE/g feces	> 5,0 x 10 ¹⁰	
Butyrivibrio spp.	< 1,0 x 10 ⁵	KVE/g feces	> 1,5 x 10 ¹⁰	
Clostridia				
Totaal kiemgetal	6,5 x 10 ⁸	KVE/g feces	< 4,0 x 10 ⁹	
Clostridia Cluster I	1,0 x 10 ⁵	KVE/g feces	< 2,0 x 10 ⁹	
Fusobacteria				
Fusobacterium	< 1,0 x 10 ⁵	KVE/g feces	< 1,0 x 10 ⁷	
Verrucomicrobia				
Akkermansia muciniphila	1,5 x 10 ⁹	KVE/g feces	> 5,0 x 10 ⁹	
Proteobacteria				

Microbio

or distributed without explicit written permission of Microbiome Center. This content shall not be for information purpose only. The content is exclusively intended for health care professionals.

Casus UWI's

Test	Uitslag	Eenheid	Normbereik	Vorig onderzoek
Proteus spp.	< 1,0 x 10 ⁴ 5	KVE/g feces	< 1,0 x 10 ⁴ 6	FE
Klebsiella spp.	< 1,0 x 10 ⁴ 5	KVE/g feces	< 1,0 x 10 ⁴ 7	FE
Enterobacter spp.	< 1,0 x 10 ⁴ 5	KVE/g feces	< 1,0 x 10 ⁴ 6	FE
Serratia spp.	< 1,0 x 10 ⁴ 5	KVE/g feces	< 1,0 x 10 ⁴ 7	FE
Hafnia spp.	< 1,0 x 10 ⁴ 5	KVE/g feces	< 1,0 x 10 ⁴ 6	FE
Morganella spp.	< 1,0 x 10 ⁴ 5	KVE/g feces	< 1,0 x 10 ⁴ 6	FE
Citrobacter spp.	< 1,0 x 10 ⁴ 5	KVE/g feces	< 5,0 x 10 ⁴ 8	FE
Pseudomonas spp.	< 1,0 x 10 ⁴ 5	KVE/g feces	< 5,0 x 10 ⁴ 7	FE
Providencia spp.	< 1,0 x 10 ⁴ 5	KVE/g feces	< 5,0 x 10 ⁴ 7	FE
H2S-vorming				
Sulfaatreducerende bacteriën (SRB)	1,9 x 10 ⁴ 9	KVE/g feces	< 2,5 x 10 ⁴ 9	FE
Desulfovibrio piger	< 1,0 x 10 ⁴ 5	KVE/g feces	< 1,0 x 10 ⁴ 9	FE
Bilophila wadsworthia	< 1,0 x 10 ⁴ 5	KVE/g feces	< 2,0 x 10 ⁴ 9	FE
Immunogeniteit / mucine vorming				
Immunogeen werkende bacteriën				
Escherichia coli	1,5 x 10 ⁴ 7	KVE/g feces	10 ⁴ 6 - 10 ⁴ 7	FE
Enterococcus spp.	1,75 x 10 ⁴ 7	KVE/g feces	10 ⁴ 6 - 10 ⁴ 7	FE
Lactobacillus spp.	7,9 x 10 ⁴ 6	KVE/g feces	10 ⁴ 5 - 10 ⁴ 7	FE
Mucine vorming / slijmvliesbarrière				
Akkermansia muciniphila	1,5 x 10 ⁴ 9	KVE/g feces	> 5,0 x 10 ⁴ 9	FE
Faecalibacterium prausnitzii	9,3 x 10 ⁴ 10	KVE/g feces	> 1,0 x 10 ⁴ 11	FE
Archaea				
Methanogenen				
Methanobrevibacter spp.	< 1,0 x 10 ⁴ 5	KVE/g feces	< 5,0 x 10 ⁴ 8	FE

Bijgewerkte nomenclatuursynoniemen:
 Actinobacteria = Actinomycetota
 Bacteroidetes = Bacteroidota
 Firmicutes = Bacillota
 Fusobacteria = Fusobacteriota
 Proteobacteria = Pseudomonadota
 Verrucomicrobia = Verrucomicrobiota
 ** Eubacterium rectale = Agathobacter rectalis
 *** Eubacterium hallii = Anaerobutyrium hallii
 **** Clostridium histolyticum = Halbwaxia histolytica

Test	Uitslag	Eenheid	Normbereik	Vorig onderzoek
Mycobloom: relevante gisten				
Candida albicans	< 1,0 x 10 ⁴ 3	KVE/g feces	< 1,0 x 10 ⁴ 3	FE
Candida dubliniensis	< 1,0 x 10 ⁴ 3	KVE/g feces	< 1,0 x 10 ⁴ 3	FE
Candida parapsilosis	< 1,0 x 10 ⁴ 3	KVE/g feces	< 1,0 x 10 ⁴ 3	FE
Candida tropicalis	< 1,0 x 10 ⁴ 3	KVE/g feces	< 1,0 x 10 ⁴ 3	FE
Candida lusitanae	< 1,0 x 10 ⁴ 3	KVE/g feces	< 1,0 x 10 ⁴ 3	FE
Candida krusei (a)	< 1,0 x 10 ⁴ 3	KVE/g feces	< 1,0 x 10 ⁴ 3	FE
Candida glabrata (b)	< 1,0 x 10 ⁴ 3	KVE/g feces	< 1,0 x 10 ⁴ 3	FE

Bijgewerkte nomenclatuursynoniemen:
 (a) Candida krusei = Pichia kudriavzevii
 (b) Candida glabrata = Nakaseomyces glabratus

Test	Uitslag	Eenheid	Normbereik	Vorig onderzoek
Vertering				
Vetgehalte	5,00	g/100g	< 3,5	FE
Stikstofgehalte	0,75	g/100g	< 1,0	FE
Suikergehalte	4,18	g/100g	< 2,5	FE
Watergehalte	74,97	g/100g	75 - 85	FE

*Externe analyse (R), A) geaccordeerd/leed NA) niet geaccordeerd/leed, voor meer informatie over de afkortingen verwijzen wij u naar ons dienstencatalogus.

Test	Uitslag	Eenheid	Normbereik	Vorig onderzoek
Extra parameter(s)				
Calprotectine	22,43	mg/l	< 50	FE
Alfa-1-antitripsine	11,3	mg/dl	< 27,5	FE
Secretoir Immunoglobuline A	1116,1	µg/ml	510 - 2040	FE
Zonuline	194,78	ng/ml	< 55	FE

of Microbiome Center and are classified as confidential. Neither the document, nor parts thereof may be public, or distributed without explicit written permission of Microbiome Center. This content shall not be used for information purpose only. The content is exclusively intended for health care professionals.

Summary:

- Butyrate is a bacterial metabolite that is key for our health
- It has both local and systemic effects
- Levels are very low in PAIS patients
- Low levels can be treated with several approaches:
 1. Specific prebiotics/fibers
 2. Influence ecosystem via probiotics
 3. Butyrate-producing probiotics



**Thank you for
your attention!**