



210021DE Muster

Muster, 210021DE

geb. 01.01.2000 w

Barcode 43286453

Labornummer 2508011562

Probenabnahme am 01.08.2025

Probeneingang am 01.08.2025 11:10

Ausgang am 07.08.2025

Befundbericht

Endbefund, Seite 1 von 10

Benötigtes Untersuchungsmaterial: Stuhl, Mikrobiom Spezialröhrchen

Diversität



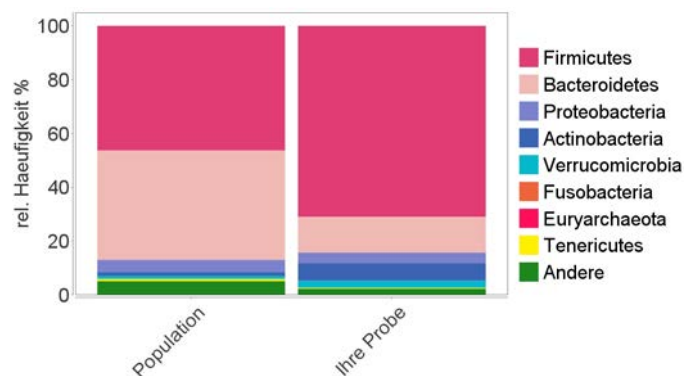
Die Diversität entspricht der Vielfalt der bakteriellen Flora im Darm. Sie repräsentiert die Stabilität und Kolonisationsresistenz.

FODMAP-Index



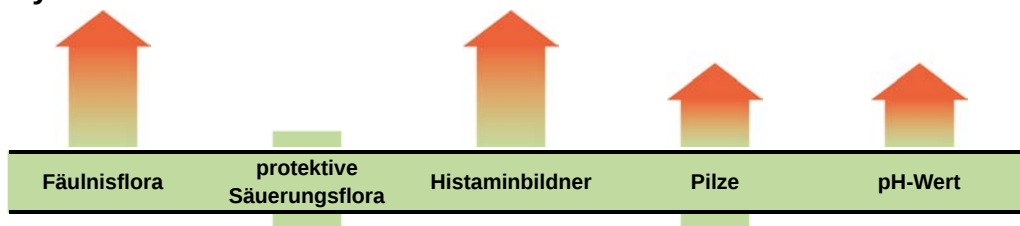
FODMAP-arme Ernährung wird bei Typ 3 zur Besserung der reizdarm-ähnlichen bzw. gastrointestinalen Beschwerden empfohlen.

Verteilungsdiagramm Bakterienstämme



Die Häufigkeitsverteilung bildet die Verhältnisse unter den häufigsten Bakterienstämmen ab und vergleicht Ihre Probe mit der durchschnittlichen Verteilung innerhalb der Population.

Dysbiose

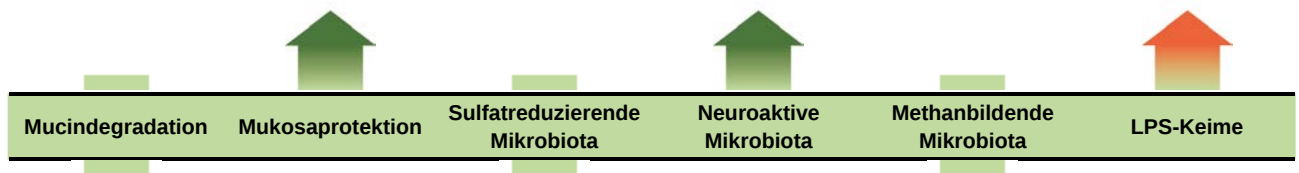


Gesamtbeurteilung Dysbiose



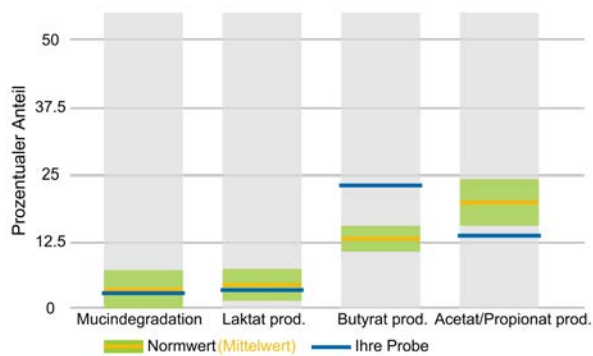
Die Dysbiose-Pfeilgrafik zeigt die Abweichungen des pH-Wertes, der Fäulnis-, Säuerungs- und histaminbildenden Flora sowie der Hefen und Schimmelpilze von den zugrundeliegenden Referenzbereichen.

Funktionelle Mikrobiota



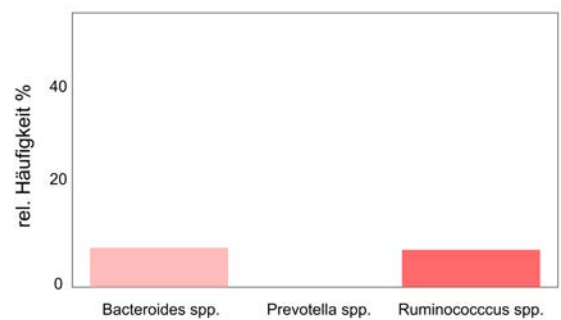
Die Pfeilgrafik zeigt die gemessenen Abweichungen der funktionellen Bakteriengruppen von den Populationswerten.

Bakterielle Stoffwechselaktivität



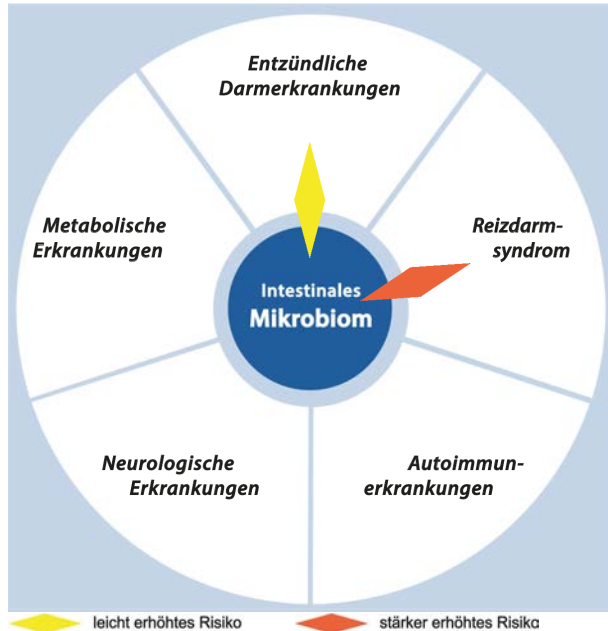
Eine Zuordnung zu den Gruppen erfolgte auf Basis der bei den Bakterienarten bekannten überwiegender Stoffwechselleistung (Modifiziert nach Brown et al. 2011).

Enterotyp unbestimmt



Das intestinale Mikrobiom lässt sich aufgrund vorherrschender Bakterien in 3 Enterotypen einteilen, die Rückschlüsse auf langfristige Ernährungsgewohnheiten ermöglichen.

Mikrobiomassoziierte Gesundheitsrisiken



Das Mikrobiom hat Einfluss auf bestimmte gesundheitliche Risiken. Das Auftreten dieser Risiken kann durch das Fehlen protektiver Keime oder durch das Vorhandensein potentiell pathogener Bakterien verursacht werden. Pfeile in der Grafik deuten auf ein erhöhtes mikrobiom-assoziiertes Risiko in diesem Bereich hin.

Befundbericht

Endbefund, Seite 3 von 10



Darm-Mikrobiom Test (inkl. Parasiten)

Bioindikatoren

Stuhl-pH-Wert	6,8		5,5 - 6,5
Biodiversität (Shannon Index)	5,48		> 4,6
Firmicutes/Bacteroidetes-Ratio	5,3		2,9 - 4,8
Butyratproduktion	23,4	%	11,0 - 19
Laktatproduktion	3,2	%	1,5 - 7,7
Acetat- und Propionatproduktion	13,7	%	12,0 - 21
Mucindegradation	2,6	%	0,01 - 7,4
LPS-tragende Bakterien	2,450	%	< 2,2

Bakterienstämme (Phyla)

Firmicutes	70,965	%	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

Funktionelle Bakteriengruppen

Mucindegradierende Mikrobiota

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

Mukosaprotektive Mikrobiota

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

Sulfatreduzierende Mikrobiota

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

Neuroaktive Mikrobiota

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

Methanbildende Mikrobiota

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

LPS-tragende Mikrobiota

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

Immunmodulation

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

Ballaststoffabbauende Mikrobiota

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

Buttersäure (Butyrat) produzierende Mikrobiota

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

Befundbericht

Endbefund, Seite 5 von 10



Roseburia spp.	2,118	%		0,4 - 2,4
Ruminococcus spp.	7,262	%		0,7 - 5,1

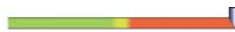
Acetat- / Propionatbildende Microbiota

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

Laktatbildende / saccharolytische Microbiota

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

Histaminbildende Microbiota

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

Clostridiaceae

Clostridium spp.	1,062	%		0,4 - 0,9
Clostridium difficile	0,000	%		< 0,025
Clostridium scindens	0,133	%		> 0,006

Sonstige Microbiota

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

Pilze

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

Protozoen i. Stuhl (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

Zusammenfassung molekulare Stuhl Diagnostik, Hinweis auf:

- mikrobiomassoziierte Gesundheitsrisiken

Befundinterpretation intestinales Mikrobiom

Diversität

Die Diversität in Ihrer Probe befindet sich im **optimalen** Bereich.

Als Diversität wird die Vielfalt der Spezies bezeichnet, die in einem Mikrobiom vorkommen. Physiologisch besitzt das Mikrobiom eine hohe Diversität, also eine hohe Anzahl von unterschiedlichen Spezies, und hat eine große Fähigkeit, Veränderungen und Störungen zu absorbieren. Bei einer niedrigen Diversität ist die Ökologie der Mikrobiota gestört und der Mensch wird sehr anfällig für verschiedene Erkrankungen, wie Reizdarm-Syndrom, Nahrungsmittelunverträglichkeiten, chronisch entzündlichen Darmerkrankungen und Infektionen. Die wichtigste Ursache für eine verminderte Vielfalt ist die Anwendung von Antibiotika, deren Spektrum einen direkten Einfluss auf die Minderung der Diversität hat.

FODMAP-Index

Die Zusammensetzung Ihres Intestinalen Mikrobioms deutet auf einen **FODMAP Typ 3** hin.

FODMAP-arme Ernährung wird bei Typ 3 zur Besserung bei reizdarmähnlichen bzw. gastrointestinalen Beschwerden empfohlen.

Der Begriff FODMAP („Fermentable Oligosaccharides, Disaccharides, Monosaccharides And Polyols“) beschreibt bestimmte kurzkettige, leicht fermentierbare Kohlenhydrate sowie Zuckeralkohole, die natürlicherweise in zahlreichen Nahrungsmitteln enthalten sind. Patienten mit „reizdarm-ähnlichen, gastrointestinalen Beschwerden“ können je nach Zusammensetzung ihres intestinalen Mikrobioms von einer FODMAP-armen Ernährung profitieren.

Literaturquellen:

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;

Befundbericht

Endbefund, Seite 7 von 10



64:A51.

Halmos E. P. A diet low in FODMAPs reduces symptoms of irritable bowel syndrome. Gastroenterology. 2014; 146(1):67-75.

Dysbiose

Der Stuhlbefund zeigt eine **deutlich vermehrte Fäulnisflora**, die natürlicherweise im menschlichen Darm nachweisbar ist, aber nur bis zu einer bestimmten Keimzahl toleriert werden sollte. Fäulnisbakterien verstoffwechseln verstärkt Eiweiß und Fett, wobei es zur Bildung von Gasen und toxisch wirkender Metabolite kommt. Das kann langfristig zu einer Schädigung der Darmschleimhaut führen. Die im Darm anfallenden alkalisierenden Stoffwechselprodukte werden zum größten Teil von der Leber entgiftet, wodurch das Organ erheblich belastet wird. Durch diese endogene Intoxikation kann es zu einer so genannten nicht alkoholischen Leberverfettung (NASH bzw. NAFLD) oder zu einem Risiko für Malignome kommen.

Die Stuhlflora wird im Wesentlichen durch **stark erhöhte Keimzahlen von histaminbildenden Bakterien** geprägt, die nur bis zu einer bestimmten Keimzahl toleriert werden sollten. Sie können somit zur erheblichen Belastung des Organismus beitragen. Histamin wird durch die dysbiotische Darmflora über die Dekarboxylierung von mit der Nahrung aufgenommenem Histidin gebildet. Die Ursachen für ein Wuchern von Histamin Bildnern sind vielfältig, aber in aller Regel durch ein erhöhtes Angebot an Fett und Eiweiß oder eine unzureichende antagonistische Wirkung der physiologischen Darmbakterien.

Eine Modulation der Mikrobiota im Darm durch Pro- oder Präbiotika könnte sich in diesem Fall günstig auf die intestinale Homöostase auswirken und eine therapeutische Option darstellen.

Enterotyp-Bestimmung

Der Enterotyp ihrer Stuhlprobe entspricht Typ 3.

Das intestinale Mikrobiom lässt sich in drei sogenannte **Enterotypen** einteilen. Diese sind unabhängig von Alter, Geschlecht, Körpergewicht und Nationalität. Studien deuten darauf hin, dass langjährige Ernährungsmuster, z.B. der Verzehr von tierischen Fetten und Proteinen, einen Wechsel zwischen Enterotypen bedingen können. Auch wurden erste Zusammenhänge zwischen dem Enterotyp III und der Erkrankung Atherosklerose beschrieben (Karlsson FH et al. (2012) Symptomatic atherosclerosis is associated with an altered gut metagenome. Nat. Commun. 3:1245).



Der **Enterotyp 3** wird durch die vorherrschende Bakteriengruppe *Ruminococcus* spp. geprägt. Diese sind an der Hydrolyse von Muzinen und der Aufnahme der dadurch entstehenden Zucker durch die Zellmembran, sowie an der Häm-Biosynthese beteiligt.

Bioindikatoren

Firmicutes/Bacteroidetes-Ratio

Die Stämme der **Firmicutes** und **Bacteroidetes** sind mit **über 90%** die beiden dominierenden Bakteriengruppen im menschlichen Darm.

Dabei können Darmbakterien der **Firmicuten**-Stämme durch **Abbau unverdauter Nahrungsbestandteile** dem menschlichen Körper kurzkettige Kohlenhydrate und Fettsäuren als **zusätzliche Energiequelle** zur Verfügung stellen.

In zahlreichen Studien konnte gezeigt werden, dass das Verhältnis von Firmicutes zu Bacteroidetes mit dem Körpergewicht des Menschen korreliert. Durch einen erhöhten Anteil von Firmicutes wird eine erhöhte Kohlenhydratmenge über die menschliche Darmschleimhaut resorbiert.

Mukosaprotektive Flora

Die mukosaprotektive Flora ihrer Probe liegt im **optimalen Bereich**. Ein ausreichender Schutz der intestinalen Mukosa durch *Akkermansia muciniphila* und *Faecalibacterium prausnitzii* liegt vor.

Akkermansia muciniphila ist ein gramnegatives obligat anaerobes Stäbchen. Es ist ein mucinspaltender Keim, das unter anderem durch metabolische Spaltprodukte zur Erhaltung des ***Faecalibacterium prausnitzii*** wesentlich beiträgt. Durch aktuelle Studien konnte ein positiver Einfluss des Keims auf verschiedenen Gesundheitsfaktoren nachgewiesen werden. Zusätzlich konnte in Studien eine **antiinflammatorische Wirkung** und ein positiver Einfluss des *Akkermansia muciniphila* auf die Erhaltung einer **intakten Darmbarriere** nachgewiesen werden.

Faecalibacterium prausnitzii ist ein grampositives obligat anaerobes Stäbchen, das zum Stamm der Firmicutes gehört. Der Keim gehört zu den drei häufigsten anaeroben Keimen der Darmflora. Bei Patienten mit **entzündlichen Darmerkrankungen, Reizdarmsyndrom und Zöliakie** wurden Veränderungen bei spezifischen Bakterienspezies der Darmflora nachgewiesen. Eine solche Veränderung ist die Verringerung der Keimzahl von *Faecalibacterium prausnitzii*. In verschiedenen Studien konnten bedeutende Wirkungen des Keims auf Zellen des Immunsystems nachgewiesen werden. Außerdem ist bekannt, dass durch die Produktion von Buttersäure entzündliche Prozesse im Darm erheblich reduziert werden. *Faecalibacterium prausnitzii* gehört nachweislich zu den größten buttersäurebildenden Bakterien im Dickdarm.

Insgesamt reduziert *Faecalibacterium prausnitzii* intestinale inflammatorische Prozesse und hat einen günstigen Einfluss auf entzündliche Darmerkrankungen wie Morbus Crohn und Colitis ulcerosa.



Durch viele aktuelle Studien konnte ein positiver Zusammenhang von hohen Keimzahlen der ***Akkermansia muciniphila*** und folgenden Zuständen gezeigt werden:

- ▶ Niedriges Körpergewicht
- ▶ Niedriger Fettanteil
- ▶ Reduzierte metabolische Endotoxämie durch bakterielle Lipopolysaccharide
- ▶ Reduzierte adipöse Gewebeinflammation
- ▶ Reduzierte Insulinresistenz (Typ 2-Diabetes)



In verschiedenen Studien konnten folgende **immunologische Wirkungen** von ***F. prausnitzii*** nachgewiesen werden:

- ▶ Hemmung des Transkriptionsfaktors NF-KB → Hemmung des proinflammatorischen Interleukins 8 (IL-8)
- ▶ Produktion von Buttersäure, die zusätzlich den Faktor NF-KB hemmt
- ▶ Differenzierung der regulatorischen T-Zellen → Erhöhung des antiinflammatorischen Interleukins 10 (IL-10), Reduktion des proinflammatorischen Interleukins 12 (IL-12)

Buttersäure produzierende Mikrobiota

Buttersäure (Butyrat) produzierende Bakterien sind vor allem *Faecalibacterium prausnitzii*, *Eubacterium spp.*, *Roseburia spp.*, *Ruminococcus spp.* und *Butyrivibrio crossotus*.

Solche Bakterien reduzieren intestinale Inflammationsprozesse durch Förderung der Bildung regulatorischer T-Zellen und durch Hemmung der Bildung pro-inflammatorischer Zytokine von Makrophagen und dendritischen Zellen. Butyrat erhöht außerdem den Sauerstoffverbrauch der Kolonozyten und verstärkt das Phänomen der "physiologischen Hypoxie" der Mukosa, das zur Unterstützung der intestinalen Barrierefunktion beiträgt. Bei Krebszellen hemmt es die Proliferation und induziert die Apoptose.

Eine Verminderung der Buttersäurebildner kann entzündliche Prozesse begünstigen, die Durchlässigkeit der Darmschleimhaut erhöhen (Leaky-Gut), und die Manifestation von entzündlichen Erkrankungen (Morbus Crohn, Colitis ulcerosa), Reizdarmsyndrom, Nahrungsmittelunverträglichkeiten und Zöliakie fördern.

Mucinegradierende Mikrobiota

Mucinegradierende Bakterien sind vor allem *Akkermansia muciniphila* und *Prevotella*-Spezies. Solche Bakterien können Mucin abbauen und sind essentiell für die Erneuerung der physiologischen Mucinschicht. Dadurch unterstützen sie die Erhaltung einer intakten Darmbarriere durch butyratbildende Bakterien, wie das *Faecalibacterium prausnitzii*.

Sulfatreduzierende Microbiota

Befundbericht

Endbefund, Seite 9 von 10



Sulfatreduzierende Bakterien wie *Desulfovibrio spp.*, *Desulfomonas spp.* und *Desulfobacter spp.*, sind anaerobe Bakterien die Energie durch Sulfatreduktion erhalten und hohe Mengen von Sulfiden bilden. Das metabolische Endprodukt der Keime ist Schwefelwasserstoff, das zytotoxische Eigenschaften besitzt. Schwefelwasserstoff kann eine Hemmung der Buttersäureoxidation bewirken, die essentiell für die Energieversorgung der Kolonozyten ist. Eine Vermehrung der sulfatreduzierenden Bakterien kann eine chronische Entzündung des Darmepithels nach sich ziehen.

Methanproduzierende Microbiota

Methanproduzierende Bakterien wie *Methanobrevibacter spp.* und *Methanobacterium spp.* gehören zur Domäne der Archaea. Sie sind dadurch charakterisiert, dass sie bakterielle primäre und sekundäre Fermentationsprodukte, wie Wasserstoff und Kohlendioxid, in Methan umwandeln können. Dadurch spielen sie eine große Rolle für die Optimierung der Energiebilanz. Darüber hinaus hat Methan eine hemmende Wirkung auf die intestinale Motilität, was zur Verstärkung einer chronischen Obstipation führen kann. Diese Bakterien können auch dendritische Zellen der Darmmukosa aktivieren und die Bildung von TNF-alpha und anderen pro-inflammatorischen Zytokinen induzieren.

Saccharolytische Microbiota

Saccharolytische Bakterien im Darm sind für die Spaltung von komplexen Poly- und Oligosacchariden wie z.B. resistenter Stärke verantwortlich. Die bei der Spaltung entstehende Milchsäure dient anderen Bakterien wie *Ruminococcus bromii* oder *Faecalibacterium prausnitzii* als Grundlage für die Herstellung von Buttersäure. Eine Schlüsselrolle spielt dabei *Bifidobacterium adolescentis*, was in einer Studie mit gesunden Probanden untersucht wurde (Venkataraman et al. Microbiome 2016).

LPS-Keime

LPS-Keime sind gramnegative Keime, die in der Außenmembran Lipopolysaccharide (LPS) als sogenanntes Endotoxin führen und nach Eindringen in die Darmmukosa bei einem Leaky-Gut pro-inflammatorische Prozesse aktivieren können. Die Aktivierung des Immunsystems kann als Konsequenz eine niedriggradige chronische Entzündung ("silent Inflammation") haben.

Neuroaktive Mikrobiota

Neuroaktive Mikrobiota sind Mikrobiota, die bei dem Stoffwechsel von neuroaktiven Substanzen mitwirken oder solche Substanzen bilden.

Alistipes-Spezies sind Indol-positiv und können somit die Tryptophan-Verfügbarkeit beeinflussen. Weil **Tryptophan die Vorstufe von Serotonin** ist, könnte die erhöhte Keimzahl von *Alistipes* daher das Gleichgewicht des serotonergen Systems im Darm stören.

Oscillibacter bildet **Valeriansäure** als Hauptstoffwechselprodukt. **Valeriansäure** hat eine strukturelle Ähnlichkeit mit **gamma-Aminobuttersäure (GABA)** und kann wie GABA am GABA_A-Rezeptor binden und ihn hemmen. Bakterien, die die neuroaktive **gamma-Aminobuttersäure (GABA)** bilden können, sind u.a. *Bifidobacterium*

adolescentis, *Bifidobacterium dentium*, *Lactobacillus brevis*, *Lactobacillus plantarum* und *Lactobacillus paracasei*.

Mikrobiom-assoziierte Gesundheitsrisiken

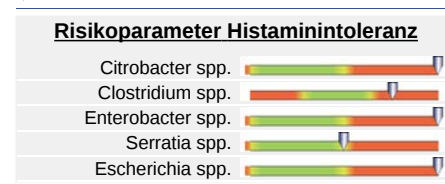
Die angegebenen Risiken stellen **keine Diagnose** dar, vielmehr werden hier die in aktuellen wissenschaftlichen Studien ermittelten statistischen Beziehungen zwischen Keimen und spezifischen Krankheitsbildern in Bezug auf das ermittelte Mikrobiom dargestellt.

Metabolische Erkrankungen	Reizdarmsyndrom	Entzündliche Darmerkrankungen	Autoimmun-erkrankungen	Neurologische Erkrankungen
Adipositas	Reizdarm	Chronisch-entzündliche Darmerkrankungen	Zöliakie	Depression
Diabetes mellitus Typ 2	Leaky Gut Syndrom	Gastrointestinale Infektanfälligkeit	Rheumatoide Arthritis	Chronisches Fatigue Syndrom
Kardiovaskuläre Erkrankungen	Histaminintoleranz	Dysbiose	Psoriasis	Autism Spectrum Disorder
Nicht-alkoholische Fettleber	Nahrungsmittel-unverträglichkeit	Reduzierte Kolonisationsresistenz	Allergie / Asthma	Morbus Parkinson
Alkoholische Fettleber	SIBOS	Kolorektales Karzinom	Diabetes mellitus Typ 1	Morbus Alzheimer

Reizdarmsyndrom

Histaminintoleranz

Histamin spielt eine zentrale Rolle bei allergischen Reaktionen und dient als Mediator bei Entzündungsprozessen. Erhöhte fäkale Histaminkonzentrationen können durch eine vermehrte Histaminaufnahme mit der Nahrung oder eine verstärkte intestinale Fäulnisaktivität und Histaminsynthese der Darmbakterien bedingt sein. Diese bakterielle Stoffwechselaktivität wird vor allem von der hohen Anzahl an Proteobacteria verursacht. Bei einer gleichzeitig reduzierten Diversität können Symptome wie bei der Histaminintoleranz auftreten. Eine ausreichende Anzahl der buttersäureproduzierenden Bakterien wie *Faecalibacterium prausnitzii* sowie eine große Vielfalt der Bakterien im Darm können ursächlich dieser Symptomatik entgegenwirken.



Zur individuellen Besprechung der übermittelten Laborergebnisse setzen Sie sich bitte mit einem Arzt oder Therapeuten in Verbindung.

Medizinisch validiert durch Dr. med Patrik Zickgraf und Kollegen.
Dieser Befund wurde maschinell erstellt und ist daher auch ohne Unterschrift gültig.

Die mit * gekennzeichneten Untersuchungen wurden von einem unserer Partnerlaboratorien durchgeführt.