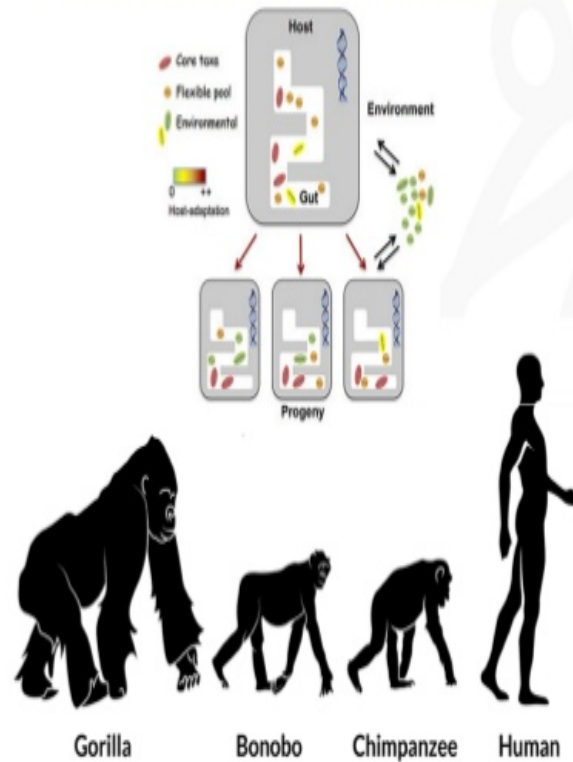
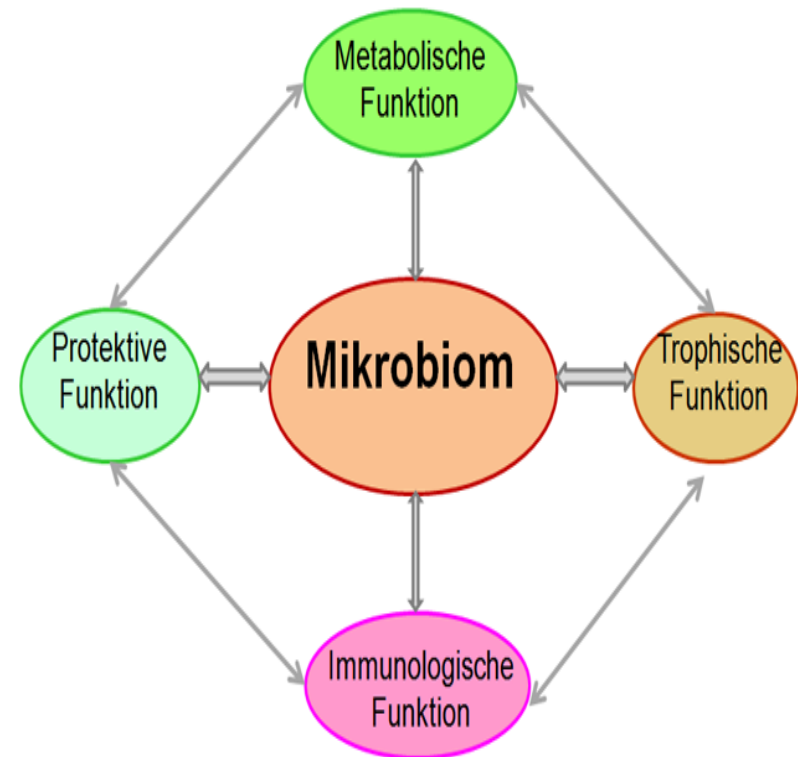


Microbes Shaped Our Evolution

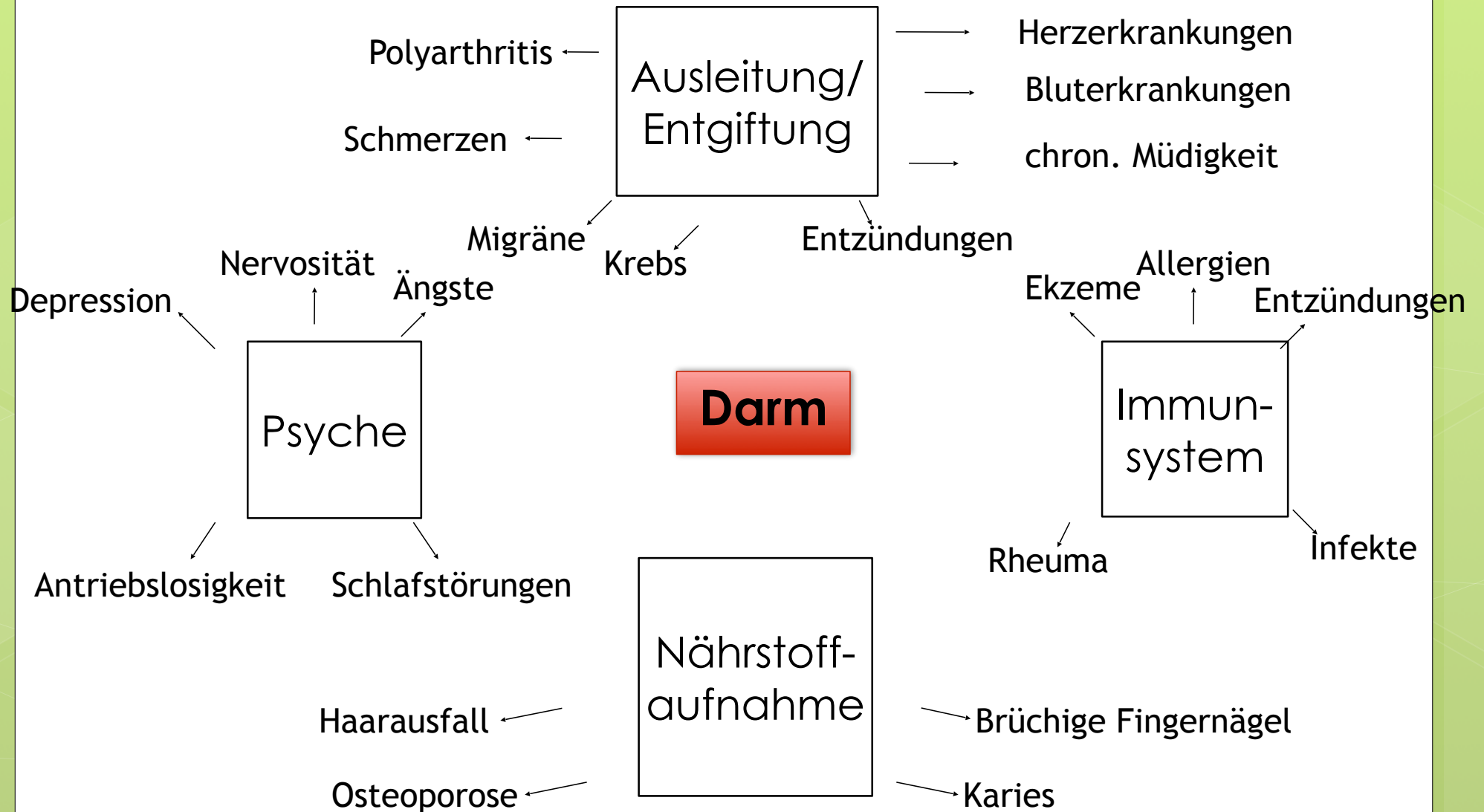


Michael Shapiro. Gut Microbiota and Host Evolution – Scaling Up Symbiosis
Trends in Ecology & Evolution. 2016; 31(7): 539-549

B. Ravinder Reddy



Das Multitalent Darm



**Wer anderen etwas vorgedacht
wird jahrelang erst ausgelacht.
Begreift man die Entdeckung endlich,
so nennt sie jeder selbstverständlich.**

W. Busch

Relationship between the gut microbiome and brain function

M. Hasan Mohajeri, Giorgio La Fata, Robert E. Steinert, and Peter Weber

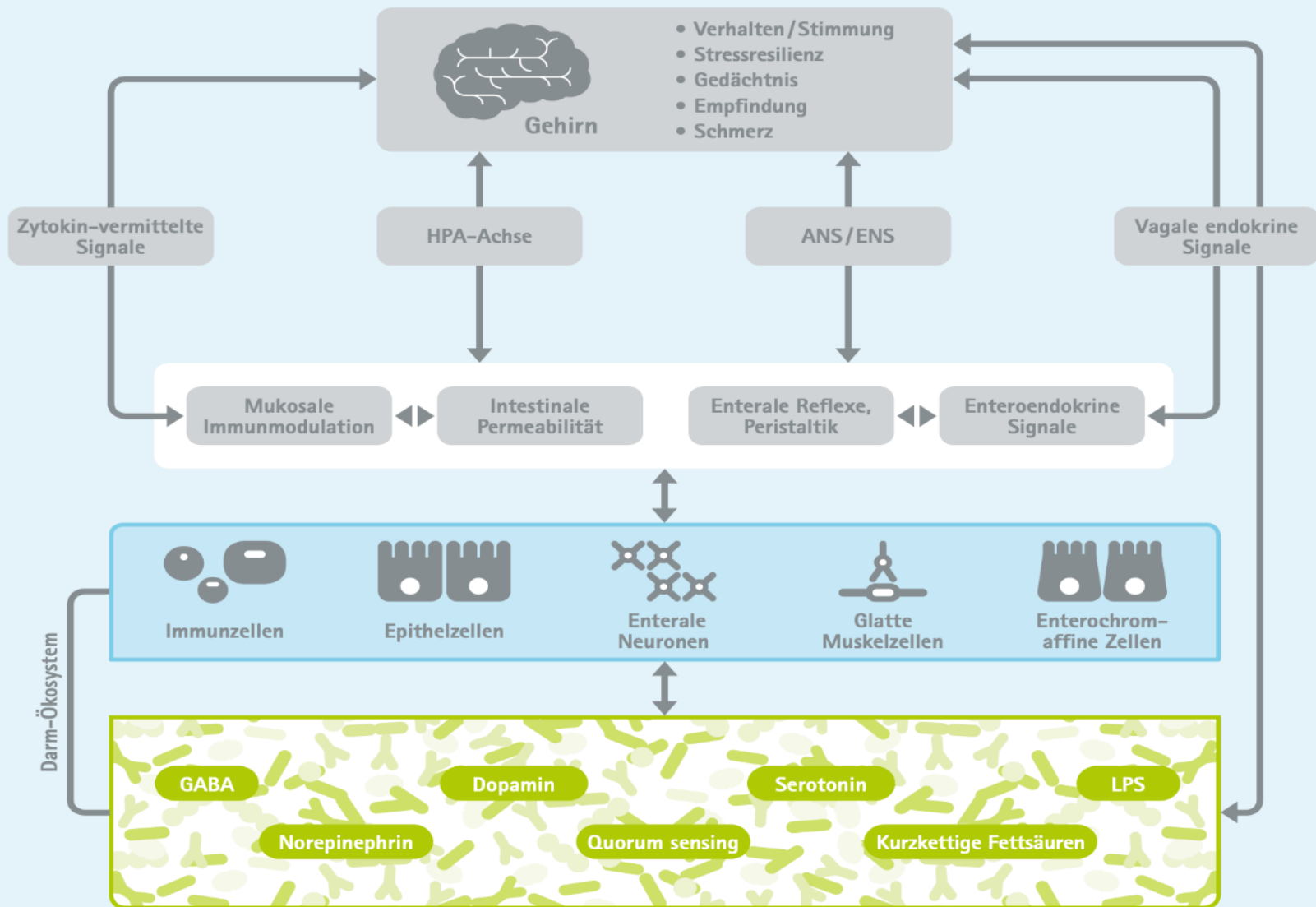
It has become increasingly evident in recent years that the gut microbiome and the brain communicate in a bidirectional manner, with each possibly affecting the other's functions. Substantial research has aimed to understand the mechanisms of this interaction and to outline strategies for preventing or treating nervous system-related disturbances. This review explores the evidence demonstrating how the gut microbiome may affect brain function in adults, thereby having an impact on stress, anxiety, depression, and cognition. In vitro, in vivo, and human studies reporting an association between a change in the gut microbiome and functional changes in the brain are highlighted, as are studies outlining the mechanisms by which the brain affects the microbiome and the gastrointestinal tract. Possible modes of action to explain how the gut microbiome and the brain functionally affect each other are proposed. Supplemental probiotics to combat brain-related dysfunction offer a promising approach, provided future research elucidates their mode of action and possible side effects. Further studies are warranted to establish how pre- and probiotic interventions may help to balance brain function in healthy and diseased individuals.

Can Microbes Manipulate Our Minds ?

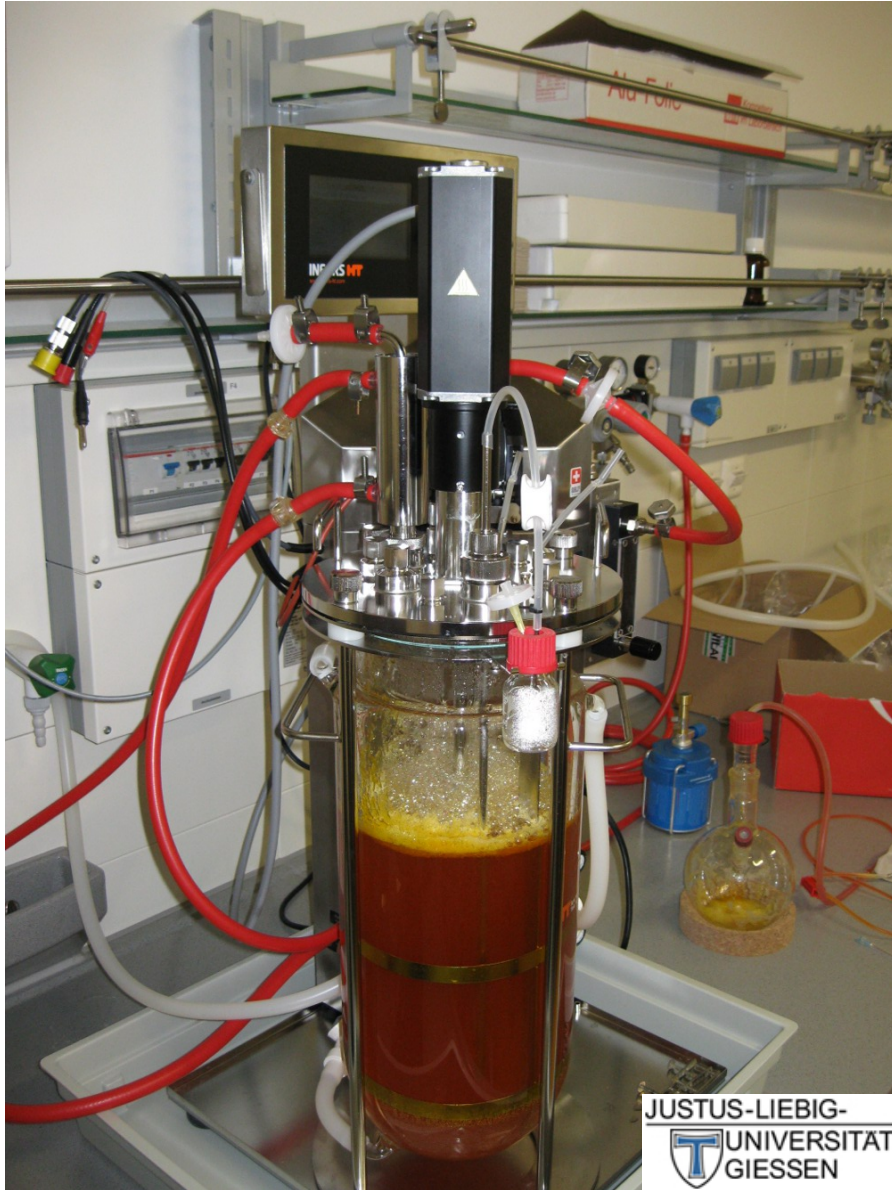
Researchers at the University of Oxford have proposed an evolutionary framework for understanding why microbes living in the gut affect the brain and behavior. In their new paper, published in *Nature Reviews Microbiology*, Katerina Johnson (Department of Experimental Psychology) and Kevin Foster (Department of Zoology) assessed data from studies on the gut-brain axis to suggest how 'that gut feeling' evolved.

Research has shown that gut bacteria (especially species belonging to *Lactobacillus* and *Bifidobacterium*) can influence social behavior, anxiety, stress and depressive-like behavior. Katerina explained: "We know there are numerous possible mechanisms, including communication via the vagus nerve (major nerve linking the gut and brain), the immune system and hormonal changes, as well as the production of neuroactive chemicals by gut microbes. But why should we expect gut bacteria to affect behavior at all?" In their paper, Johnson and Foster consider the evolutionary pressures that may have led to 'that gut feeling'.

Kommunikationswege zwischen intestinaler Mikrobiota, Darm und Gehirn



ANS: Autonomes Nervensystem, ENS: Enteriales Nervensystem, GABA: Gamma-Aminobuttersäure, HPA-Achse: Hypothalamus-Hypophysen-Nebennierenrinden-Achse, LPS: Lipopolysaccharide

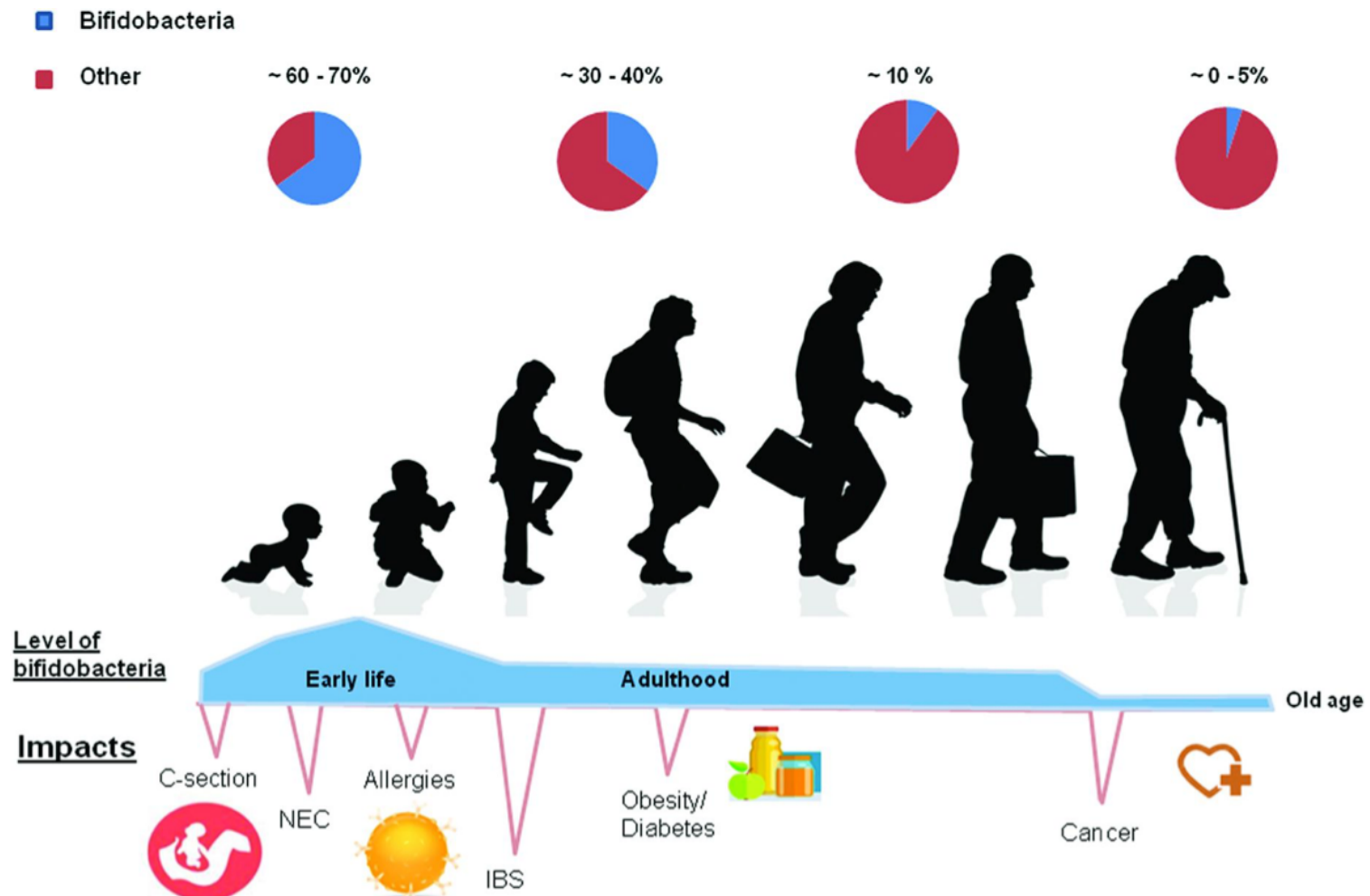


Bioreaktor

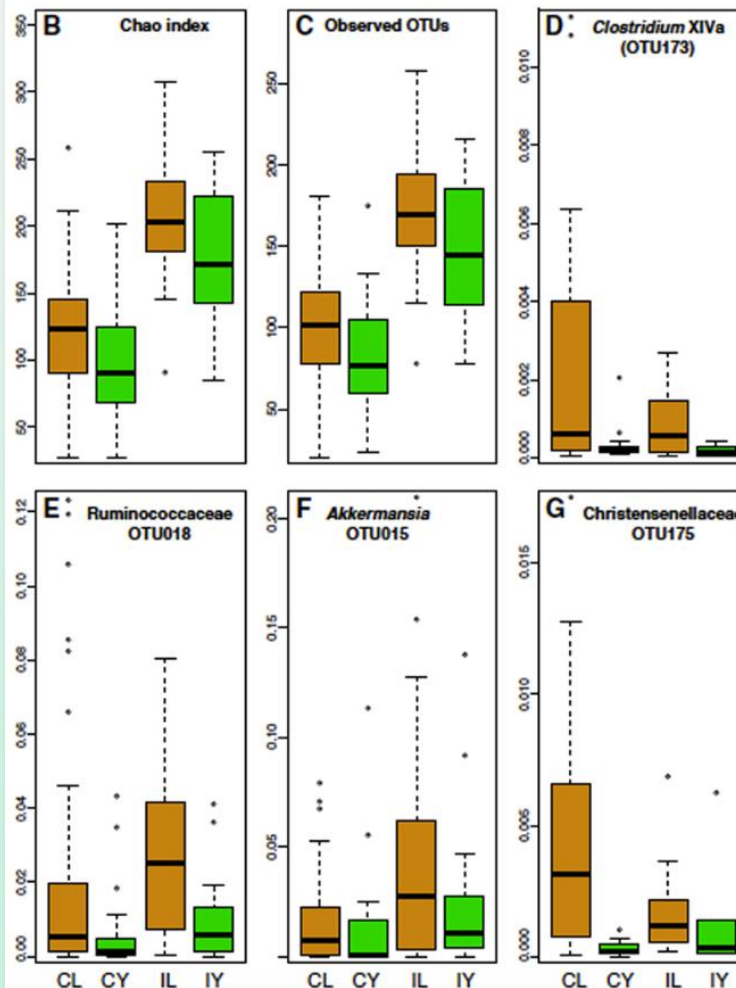
Der Bioreaktor als Modell für den menschlichen Darm

Mikrobiota vermehren und differenzieren sich entsprechend ihrem Milieu

Die guten Schrittmacher und Gesundheitsbakterien (Bifidobakterien , Faecalibacterium prausnitzii und Akkermansia muciniphila) verschwinden...



A new study of Chinese long-lived individuals identifies gut microbial signatures of healthy aging



Gesundes Altern:

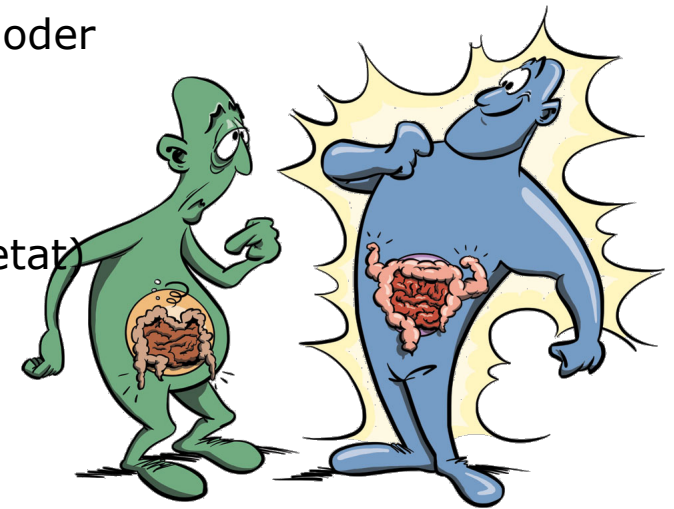
- Diversität
- Butyratbildner
- Akkermansia

Christensenellaceae

Credit: Kong et al./Curr Biol 2016

Aufgaben der Darm-Mikrobiota

- Stimulation des **Immunsystems**: Stärkung des Mukosa-Immunsystems (MIS), Verdrängung von Krankheitserregern durch Bildung von β -Defensin und sIgA
- **Vitamin-Versorgung**:
Synthese der Vitamine B1, B2, B6, B12, K und Folsäure im Darm
- Unterstützung der **Verdauung**:
Abbau schwer verdaulicher Kohlenhydrate, Ballaststoffe, Fette oder Proteine
- Synthese von **Aminosäuren**
- Produktion von **kurzkettigen Fettsäuren** wie Essigsäure (Acetat) und Buttersäure (Butyrat), die das Darmmilieu mitbestimmen
- kurzkettige Fettsäuren dienen als **Energiequelle** für Darmschleimhautzellen und fördern die **Darmperistaltik**
- Bekämpfung von **Entzündungen**:
besonders Butyrat wirkt entzündungshemmend und Schleimhaut protektiv
- **Entgiftung** von Fremdstoffen
- **ZNS/ENS – Regulation**
- Die meisten **Plasmametabolite** (30 bis 80 %) sind bakteriellen Ursprungs



Mikrobiom und Familie

eLife. 2013; 2: e00458.

PMCID: PMC3628085

Published online 2013 Apr 16. doi: [10.7554/eLife.00458](https://doi.org/10.7554/eLife.00458)

Cohabiting family members share microbiota with one another and with their dogs

[Se Jin Song](#),¹ [Christian Lauber](#),² [Elizabeth K Costello](#),³ [Catherine A Lozupone](#),^{4,†b} [Gregory Humphrey](#),² [Donna Berg-Lyons](#),² [J Gregory Caporaso](#),^{5,6} [Dan Knights](#),^{7,8} [Jose C Clemente](#),^{4†a} [Sara Nakielnny](#),⁹ [Jeffrey I Gordon](#),¹⁰ [Noah Fierer](#),^{1,2} and [Rob Knight](#)^{11,12,*}

Detlef Weigel, Reviewing editor

Detlef Weigel, Max Planck Institute for Developmental Biology, Germany;

[Author information](#) ► [Article notes](#) ► [Copyright and License information](#) ►

This article has been [cited by](#) other articles in PMC.

Abstract

Go to: 

Human-associated microbial communities vary across individuals: possible contributing factors include (genetic) relatedness, diet, and age. However, our surroundings, including individuals with whom we interact, also likely shape our microbial communities. To quantify this microbial exchange, we surveyed fecal, oral, and skin microbiota from 60 families (spousal units with children, dogs, both, or neither). Household members, particularly couples, shared more of their microbiota than individuals from different households, with stronger effects of co-habitation on skin than oral or fecal microbiota. Dog ownership significantly increased the shared skin microbiota in cohabiting adults, and dog-owning adults shared more ‘skin’ microbiota with their own dogs than with other dogs. Although the degree to which these shared microbes have a true niche on the human body, vs transient detection after direct contact, is unknown, these results suggest that direct and frequent contact with our cohabitants may significantly shape the composition of our microbial communities.

Nicht gucken, machen!



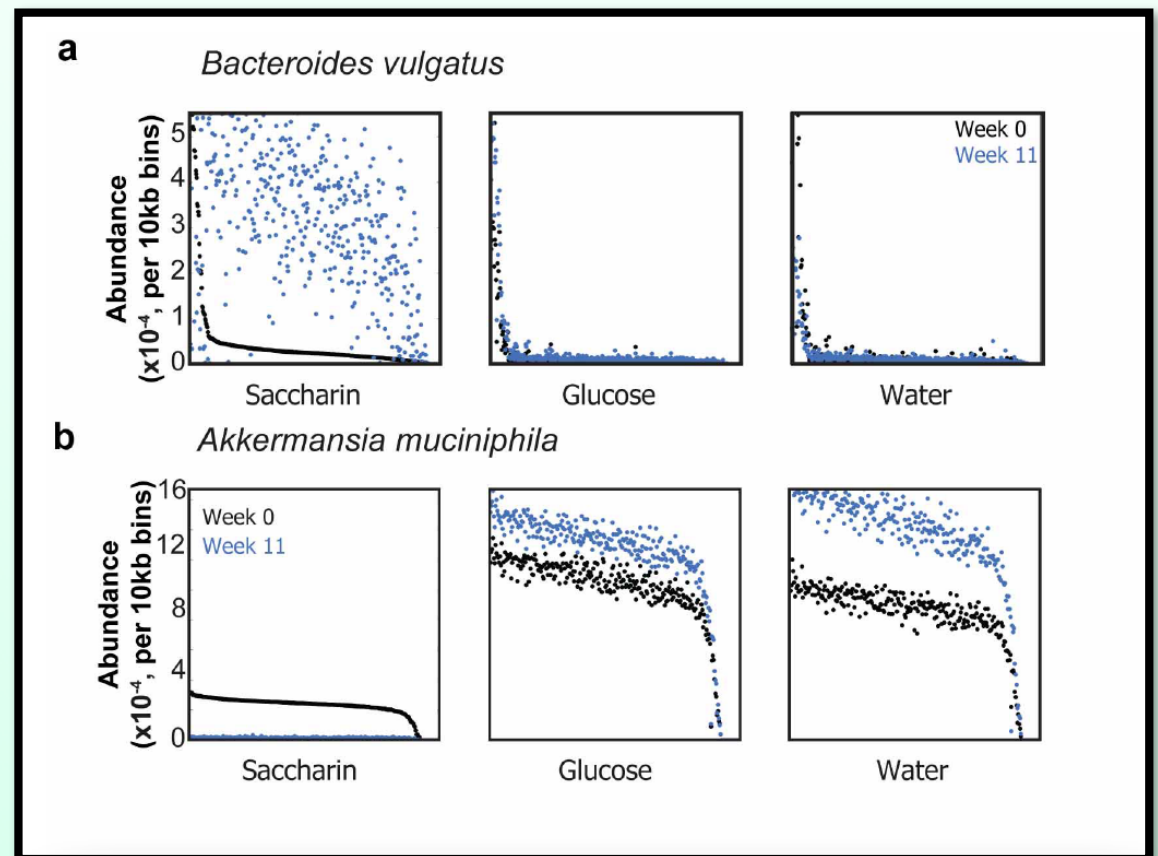
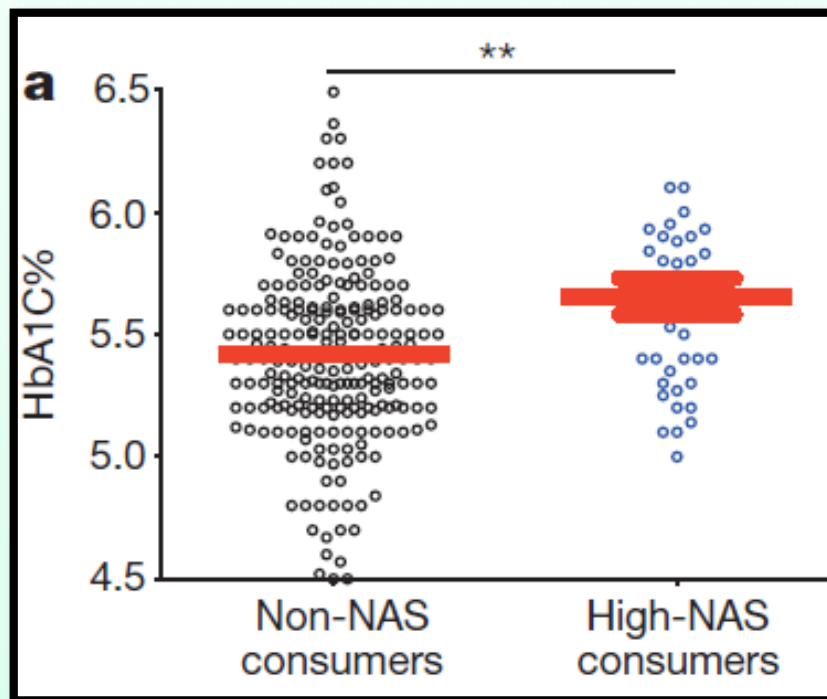
Tägliche Angriffe auf den Darm

- „moderne Lebensmittel“ (Hungertöter)
- Konservierungsmittel
- Medikamente
- Stress
- Parasiten
- Bakterien, Viren, Pilze
- Schwermetalle
-



Artificial sweeteners induce glucose intolerance by altering the gut microbiota

Jotham Suez¹, Tal Korem^{2*}, David Zeevi^{2*}, Gili Zilberman-Schapira^{1*}, Christoph A. Thaiss¹, Ori Maza¹, David Israeli³, Niv Zmora^{4,5,6}, Shlomit Gilad⁷, Adina Weinberger², Yael Kuperman⁸, Alon Harmelin⁸, Ilana Kolodkin-Gal⁹, Hagit Shapiro¹, Zamir Halpern^{5,6}, Eran Segal² & Eran Elinav¹



Suez J. et al. Nature, 2014:
Vol. 514, pp. 181-186

Extended Data Figure 7 | Functional analysis of saccharin-modulated microbiota. **a, b**, Changes in bacterial relative abundance occur throughout the bacterial genome. Shown are changes in sequencing coverage along 10,000 bp genomic regions of *Bacteroides vulgatus* (**a**) and *Akkermansia muciniphila*

Mikrobiom und Glyphosat

[Toxicol Rep.](#) 2017 Dec 19;5:96-107. doi: 10.1016/j.toxrep.2017.12.005. eCollection 2018.

Sex-dependent impact of Roundup on the rat gut microbiome.

[Lozano VL](#)^{1,2}, [Defarge N](#)^{3,4}, [Rocque LM](#)^{5,3}, [Mesnage R](#)^{3,6}, [Hennequin D](#)¹, [Cassier R](#)⁵, [de Vendômois JS](#)³, [Panoff JM](#)^{1,3,4,2}, [Séralini GE](#)^{1,3,2}, [Amiel C](#)^{1,3,2}.

⊕ Author information

Abstract

A growing body of research suggests that dysbiosis of the gut microbiota induced by environmental pollutants, such as pesticides, could have a role in the development of metabolic disorders. We have examined the long-term effects of 3 doses of the Roundup(R) herbicide (made of glyphosate and formulants) on the gut microbiota in male and female Sprague-Dawley rats. A total of 141 bacteria families were identified by a 16S sequencing analysis approach. An OPLS-DA analysis revealed an increased Bacteroidetes family S24-7 and a decreased Lactobacillaceae in 8 out of the 9 females treated with 3 different doses of R (n = 3, for each dose). These effects were confirmed by repetitive sequence-based PCR fingerprinting showing a clustering of treated females. A culture-based method showed that R had a direct effect on rat gut microbiota. Cultivable species showed different sensitivities to R, including the presence of a high tolerant or resistant strain identified as *Escherichia coli* by 16S rRNA sequencing. The high tolerance of this *E. Coli* strain was explained by the absence of the EPSPS gene (coding glyphosate target enzyme) as shown by DNA amplification. Overall, these gut microbiome disturbances showed a substantial overlap with those associated with liver dysfunction in other studies. In conclusion, we revealed that an environmental concentration of R (0.1 ppb) and other two concentrations (400 ppm and 5,000 ppm) have a sex-dependent impact on rat gut microbiome composition and thus warrants further investigation.

Mikrobiom und Glyphosat

Entropy 2013, 15, 1416–1463; doi:10.3390/e15041416

OPEN ACCESS

entropy

ISSN 1099-4300

www.mdpi.com/journal/entropy

Review

Glyphosate's Suppression of Cytochrome P450 Enzymes and Amino Acid Biosynthesis by the Gut Microbiome: Pathways to Modern Diseases

Anthony Samsel¹ and Stephanie Seneff^{2,*}

- Glyphosat reduziert die Aktivität des Cytochrome P450 Komplexes.
- Reduktion der Entgiftungskapazität

Mikrobiom und Desinfektionsmittel

CMAJ. 2018 Sep 17;190(37):E1097-E1107. doi: 10.1503/cmaj.170809.

Postnatal exposure to household disinfectants, infant gut microbiota and subsequent risk of overweight in children.

Tun MH¹, Tun HM¹, Mahoney JJ¹, Konya TB¹, Guttman DS¹, Becker AB¹, Mandhane PJ¹, Turvey SE¹, Subbarao P¹, Sears MR¹, Brook JR¹, Lou W¹, Takarao TK¹, Scott JA¹, Kozyrskyj AL², CHILD Study Investigators.

⊕ Author information

Abstract

BACKGROUND: Emerging links between household cleaning products and childhood overweight may involve the gut microbiome. We determined mediating effects of infant gut microbiota on associations between home use of cleaning products and future overweight.

METHODS: From the Canadian Healthy Infant Longitudinal Development (CHILD) birth cohort, we tested associations between maternal report of cleaning product use and overweight at age 3, and whether associations were mediated by microbial profiles of fecal samples in 3- to 4-month-old infants.

RESULTS: Among 757 infants, the abundance of specific gut microbiota was associated with household cleaning with disinfectants and eco-friendly products in a dose-dependent manner. With more frequent use of disinfectants, *Lachnospiraceae* increasingly became more abundant (highest v. lowest quintile of use: adjusted odds ratio [AOR] 1.93, 95% confidence interval [CI] 1.08 to 3.45) while genus *Haemophilus* declined in abundance (highest v. lowest quintile of use: AOR 0.36, 95% CI 0.20 to 0.65). *Enterobacteriaceae* were successively depleted with greater use of eco-friendly products (AOR 0.45, 95% CI 0.27 to 0.74). *Lachnospiraceae* abundance significantly mediated associations of the top 30th centile of household disinfectant use with higher body mass index (BMI) z score ($p = 0.02$) and with increased odds of overweight or obesity ($p = 0.04$) at age 3. Use of eco-friendly products was associated with decreased odds of overweight or obesity independently of *Enterobacteriaceae* abundance (AOR 0.44, 95% CI 0.22 to 0.86), with no significant mediation ($p = 0.2$).

INTERPRETATION: Exposure to household disinfectants was associated with higher BMI at age 3, mediated by gut microbial composition at age 3–4 months. Although child overweight was less common in households that cleaned with eco-friendly products, the lack of mediation by infant gut microbiota suggests another pathway for this association.

Mikrobiom und Nanopartikel

Part Fibre Toxicol. 2017 Nov 25;14(1):47. doi: 10.1186/s12989-017-0226-0.

The unrecognized occupational relevance of the interaction between engineered nanomaterials and the gastro-intestinal tract: a consensus paper from a multidisciplinary working group.

Pietrojusti A¹, Bergamaschi E², Campagna M³, Campagnolo L⁴, De Palma G⁵, Iavicoli S⁶, Leso V⁷, Magrini A⁴, Miraqoli M⁸, Pedata P⁹, Palombi L⁴, Iavicoli I⁷.

⊕ Author information

Abstract

BACKGROUND: There is a fundamental gap of knowledge on the health effects caused by the interaction of engineered nanomaterials (ENM) with the gastro-intestinal tract (GIT). This is partly due to the incomplete knowledge of the complex physical and chemical transformations that ENM undergo in the GIT, and partly to the widespread belief that GIT health effects of ENM are much less relevant than pulmonary effects. However, recent experimental findings, considering the role of new players in gut physiology (e.g. the microbiota), shed light on several outcomes of the interaction ENM/GIT. Along with this new information, there is growing direct and indirect evidence that not only ingested ENM, but also inhaled ENM may impact on the GIT. This fact, which may have relevant implications in occupational setting, has never been taken into consideration. This review paper summarizes the opinions and findings of a multidisciplinary team of experts, focusing on two main aspects of the issue: 1) ENM interactions within the GIT and their possible consequences, and 2) relevance of gastro-intestinal effects of inhaled ENMs. Under point 1, we analyzed how luminal gut-constituents, including mucus, may influence the adherence of ENM to cell surfaces in a size-dependent manner, and how intestinal permeability may be affected by different physico-chemical characteristics of ENM. Cytotoxic, oxidative, genotoxic and inflammatory effects on different GIT cells, as well as effects on microbiota, are also discussed. Concerning point 2, recent studies highlight the relevance of gastro-intestinal handling of inhaled ENM, showing significant excretion with feces of inhaled ENM and supporting the hypothesis that GIT should be considered an important target of extrapulmonary effects of inhaled ENM.

CONCLUSIONS: In spite of recent insights on the relevance of the GIT as a target for toxic effects of nanoparticles, there is still a major gap in knowledge regarding the impact of the direct versus indirect oral exposure. This fact probably applies also to larger particles and dictates careful consideration in workers, who carry the highest risk of exposure to particulate matter.

Mikrobiom und Schwermetalle

[Toxicol Lett](#). 2016 Sep 6;258:192-197. doi: 10.1016/j.toxlet.2016.07.003. Epub 2016 Jul 5.

Long-term effect of heavy-metal pollution on diversity of gastrointestinal microbial community of *Bufo raddei*.

[Zhang W](#)¹, [Guo R](#)¹, [Yang Y](#)¹, [Ding J](#)¹, [Zhang Y](#)².

Author information

Abstract

Gastrointestinal (GI) microbiota plays a very important role in maintaining its host's health. However, the effects of environmental contamination on the GI microbiota homeostasis of amphibians have not yet been reported. The present study reveals the long-term effect of natural heavy-metal pollution on the GI microbial community diversity and structural changes of *Bufo raddei* (*B. raddei*). Basing on the 16S rRNA sequencing method, the GI microbiota of *B. raddei* from a heavily heavy-metal-polluted area (Baiyin, (BY)) and a relatively unpolluted area (Liujiaxia, (LJX)) were profiled. The results showed that heavy-metal pollution had caused significant shifts in the composition of the GI microbiota both at the phylum and genus levels. Specifically, Bacteroidetes dominated in the GI tract of *B. raddei* from BY, while Firmicutes was much more common in those from LJX. The ratio of Firmicutes/Bacteroidetes and the proportion of probiotics in the GI microbiota of *B. raddei* from BY were reduced compared to those from LJX, as well. Heavy-metal pollution also induced in a reduction of species diversity and decreased proportion of unique operational taxonomic units in the GI tract. In short, our results demonstrate that long-term heavy-metal exposure re-shaped the composition and decreased the species diversity of GI microbiota of *B. raddei*; our results also represent a novel approach to uncover the toxic effects of pollution on amphibians.

Medikamente und Mikrobiom

doi:10.1038/nature25979

Extensive impact of non-antibiotic drugs on human gut bacteria

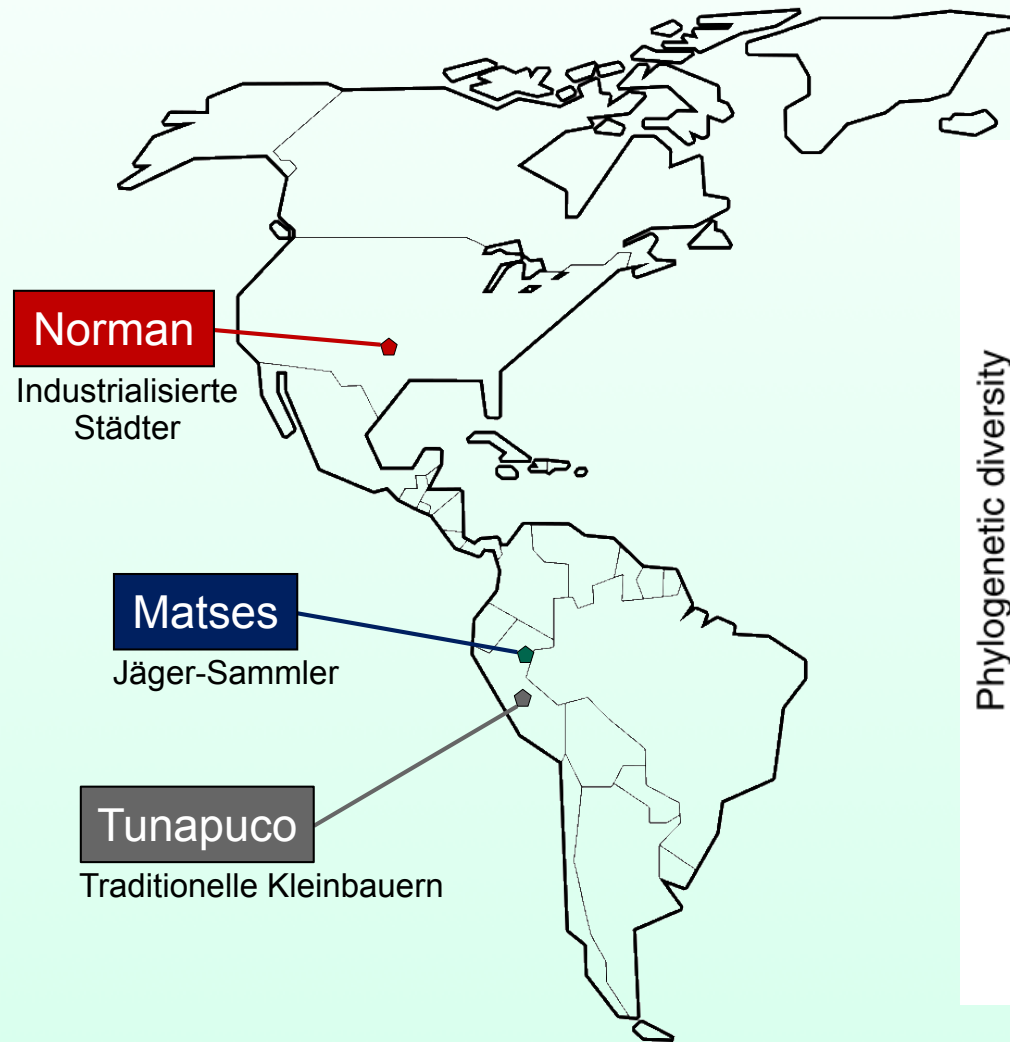
Lisa Maier^{1*}, Mihaela Pruteanu^{1†*}, Michael Kuhn^{2*}, Georg Zeller², Anja Telzerow¹, Exene Erin Anderson¹, Ana Rita Brochado¹, Keith Conrad Fernandez¹, Hitomi Dose³, Hirotada Mori³, Kiran Raosaheb Patil², Peer Bork^{2,4,5,6} & Athanasios Typas^{1,2}

A few commonly used non-antibiotic drugs have recently been associated with changes in gut microbiome composition, but the extent of this phenomenon is unknown. Here, we screened more than 1,000 marketed drugs against 40 representative gut bacterial strains, and found that 24% of the drugs with human targets, including members of all therapeutic classes, inhibited the growth of at least one strain *in vitro*. Particular classes, such as the chemically diverse antipsychotics, were overrepresented in this group. The effects of human-targeted drugs on gut bacteria are reflected on their antibiotic-like side effects in humans and are concordant with existing human cohort studies. Susceptibility to antibiotics and human-targeted drugs correlates across bacterial species, suggesting common resistance mechanisms, which we verified for some drugs. The potential risk of non-antibiotics promoting antibiotic resistance warrants further exploration. Our results provide a resource for future research on drug-microbiome interactions, opening new paths for side effect control and drug repurposing, and broadening our view of antibiotic resistance.

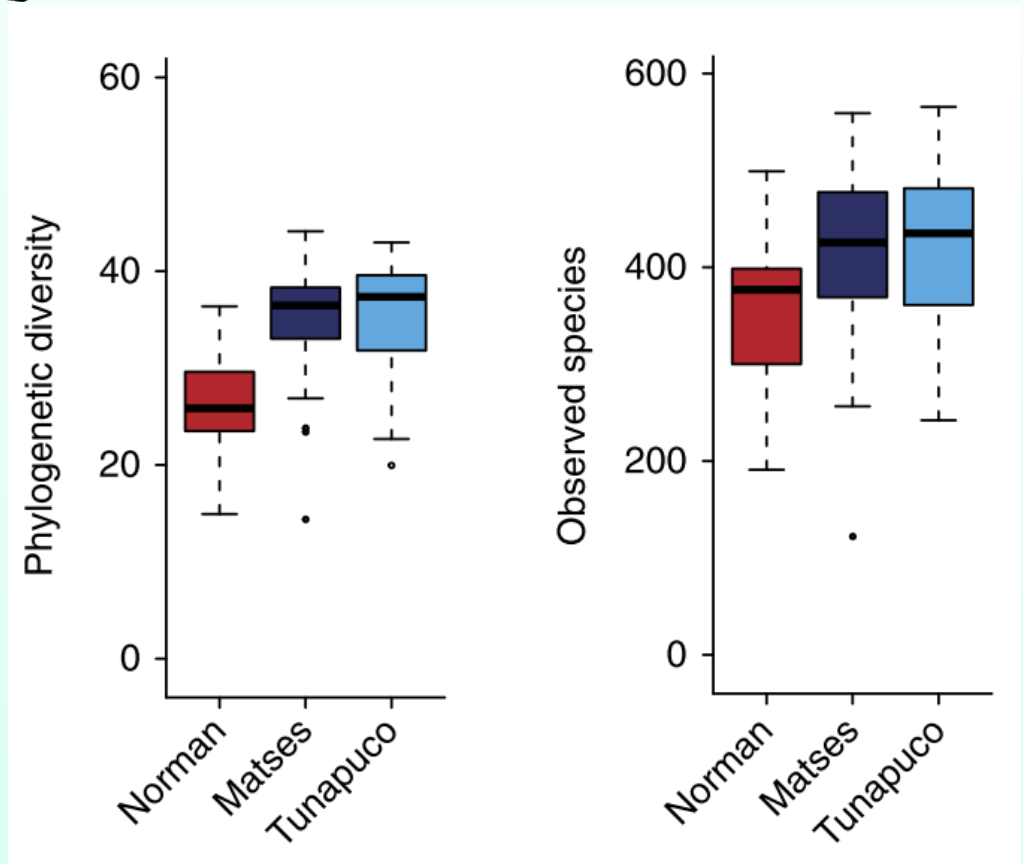
25% aller Medikamente haben einen Einfluss auf Bakterien des Mikrobioms.

- EMBL- Heidelberg, Nature, März 2018

Beziehung zwischen Lebensweise und intestinaler Mikrobiota



Lebensweise beeinflusst Diversität



VERÄNDERUNGEN



im Gesamtgehalt der
Darmkeime



Reduktion der Gesamtkeimzahl,
z.B. nach Breitbandantibiotika, Chemo-
oder Strahlentherapie

im Spektrum der
Darmkeime



Elimination einzelner Keimarten,
z.B. nach Antibiotika mit schmalem
Wirkungsspektrum

in den Stoffwechsel-
aktivitäten der Darmkeime



Enzyminduktion bzw. -repression,
z.B. bei einseitiger Ernährung

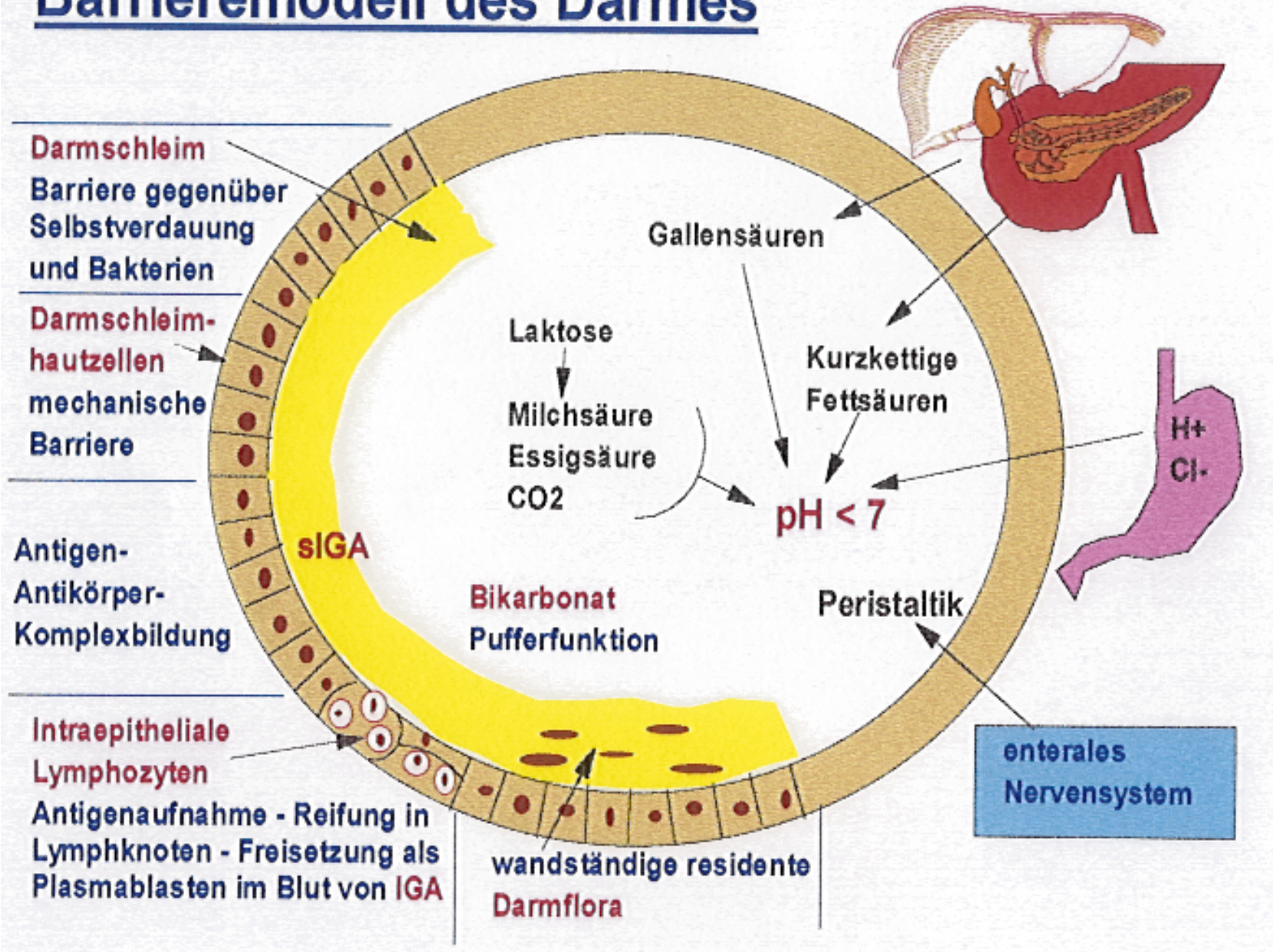
mikrobieller Besiedlungs-
standorte im Magen-Darmtrakt

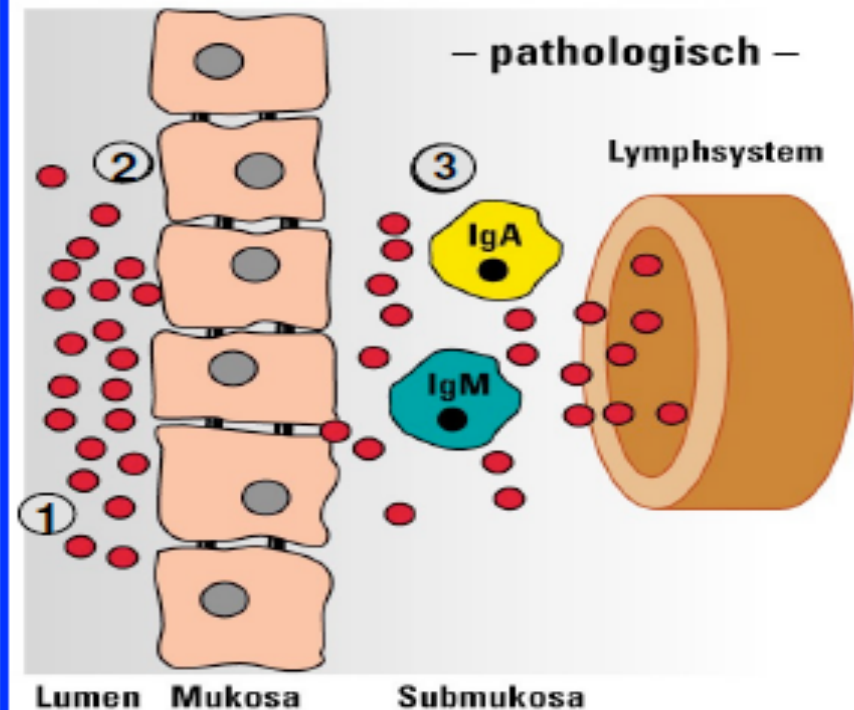
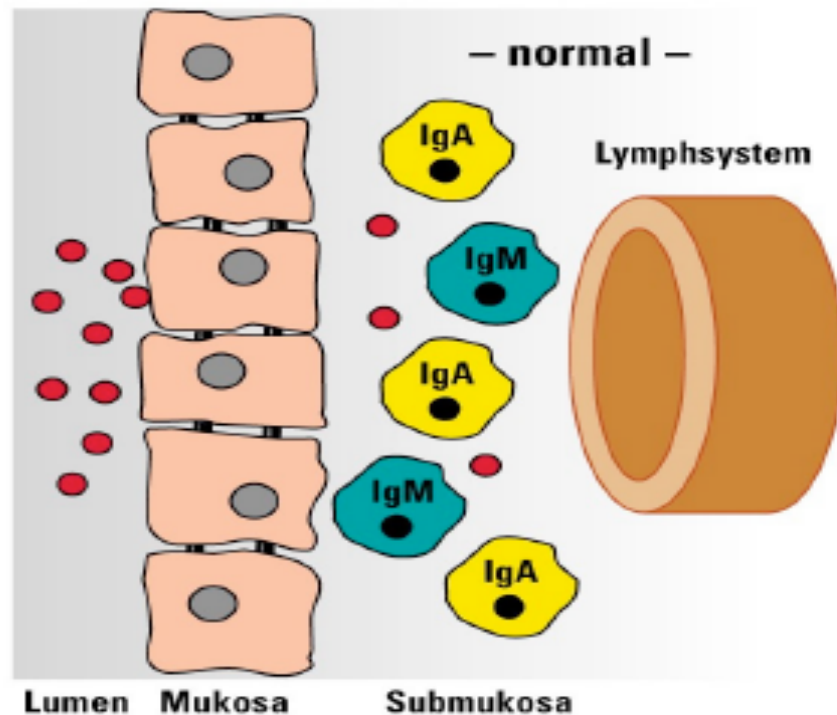


Fehlbesiedlung des Dünndarms
durch Dickdarmkeime (SIBO),
z.B. nach Entzündungen oder Operationen
am GI-Trakt

(aus: U. Sonnenborn & R. Greinwald. Beziehungen zwischen Wirtsorganismus und Darmflora, 2. Aufl., Schattauer Verlag, Stuttgart, 1991)

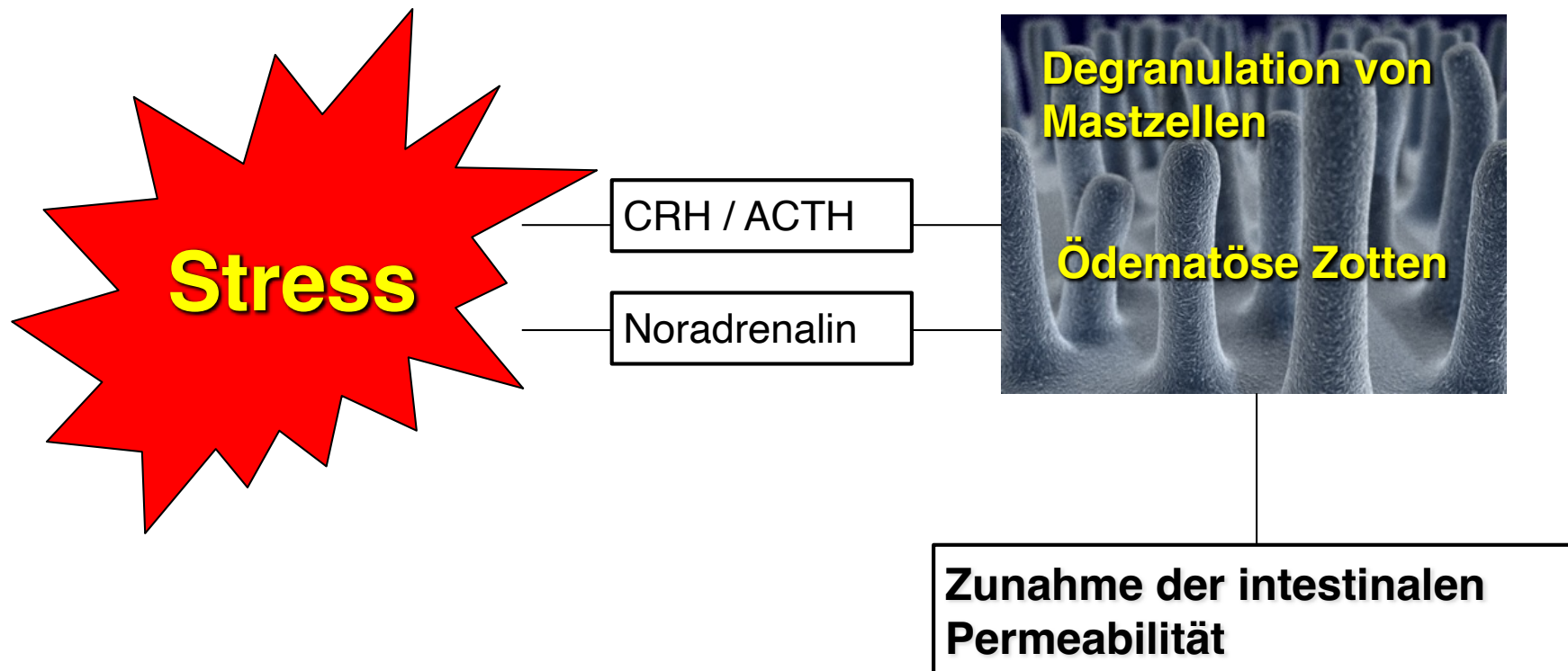
Barriremodell des Darmes





- 1 überschüssige mikrobielle Vermehrung, reduzierte intraluminale/mukosale Verdauung
- 2 beschädigte Schleimhaut-Barriere, erhöhte Permeabilität („Leaky Gut“)
- 3 geschwächtes Darmimmunsystem (z.B. Abnahme der IgA- und IgM-produzierenden Plasmazellen in der Lamina propria)

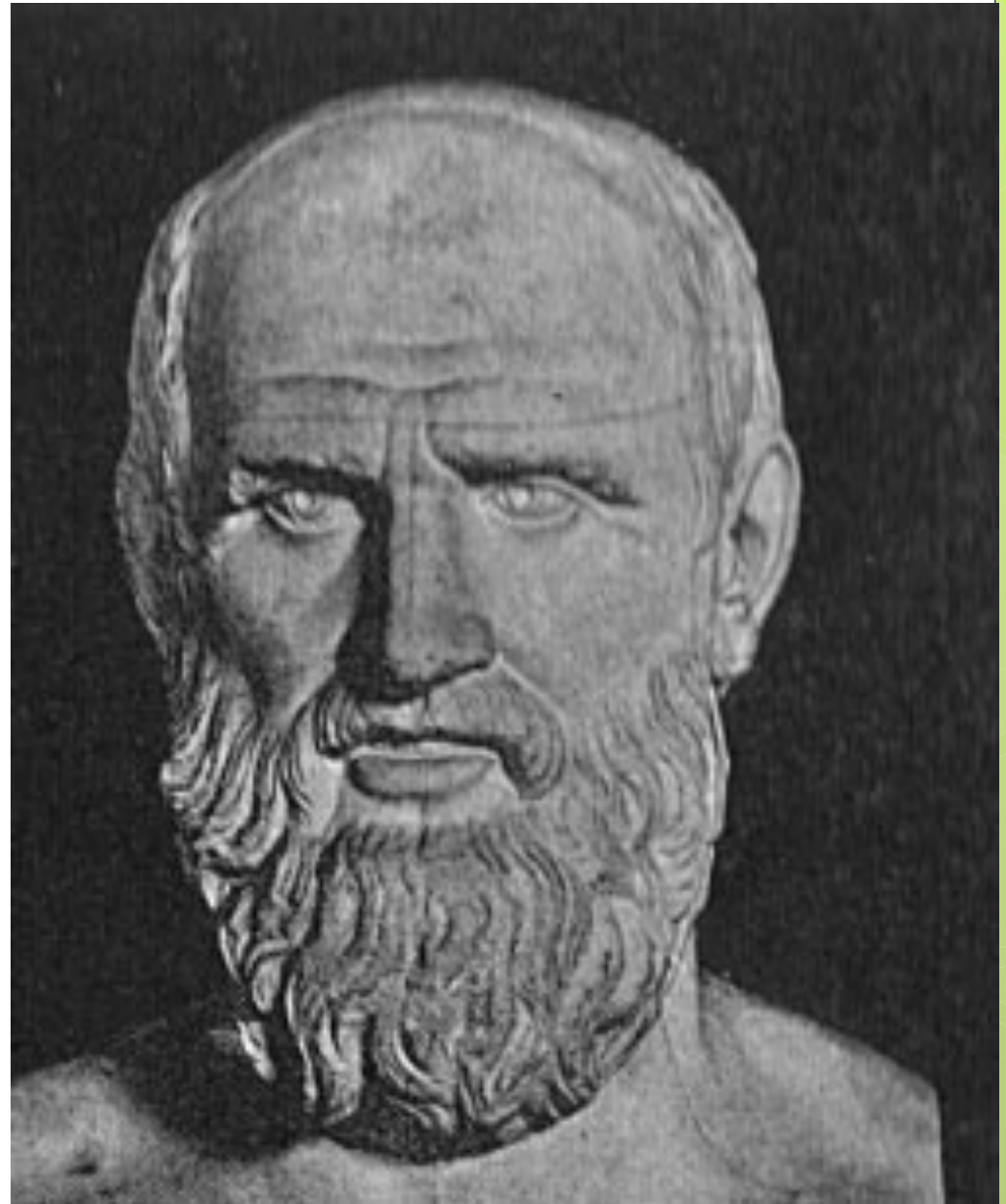
Stress und Permeabilität



CRF und ACTH stimulieren die Produktion von proinflammatorischen Zytokinen wie Interleukin-1 β , Interleukin-6 und TNF- α => Entzündungsreaktionen

Hippokrates von Kos,
(460-377 v. Christus)

**“ Vor die Therapie
haben die Götter
die Diagnose gesetzt”**



Heute gilt aber: Genom-Analyse ist der neue Standard !

Molekulargenetische Mikrobiomanalyse

Eigenschaften des Stuhls

Farbe	braun		Fe NA/VSU
Konsistenz	breiig		Fe NA/VSU
pH-Wert	6,5	6,0 - 6,5	Fe NA/TESTE

Artenvielfalt

Diversität	4,54	Index	> 5,0	Fe NA/MSBS
------------	------	-------	-------	---------------

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

Bakterienphyla (Verteilung)

Ratio

Firmicutes/Bacteroidetes	0,63	Quotient	< 1,5	Fe NA/REDPH
Actinobacteria	0,3	%	1,5 - 5,0	Fe NA/MSBQ
Bacteroidetes	58,6	%	30 - 60	Fe NA/MSBQ
Firmicutes	37,2	%	30 - 60	Fe NA/MSBQ
Fusobacteria	0,0	%	0,0 - 1,0	Fe NA/MSBQ
Proteobacteria	1,3	%	1,5 - 5,0	Fe NA/MSBQ
Verrucomicrobia	0,0	%	0,5 - 2,0	Fe NA/MSBQ
Sonstiges	2,7	%		Fe NA/MSBQ

Enterotyp

Prevotella		Fe NA/MSBQ
------------	--	---------------

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

2

Actinobacteria					
Bifidobakterium	1,4 x 10 ¹⁰	KBE/g Stuhl	> 5,0 x 10 ⁹		Fe NAJ M3SEQ
Bifidobacterium adolescentis	55	%			Fe
Bifidobacterium longum	15	%			Fe
Equol-bildende Bakterien	1,9 x 10 ⁹	KBE/g Stuhl	> 5,0 x 10 ⁹		Fe NAJ M3SEQ
Bacteroidetes					
Bacteroides	3,4 x 10 ¹¹	KBE/g Stuhl	> 1,5 x 10 ¹¹		Fe NAJ M3SEQ
Prevotella	4,5 x 10 ⁷	KBE/g Stuhl	> 1,0 x 10 ¹⁰		Fe NAJ M3SEQ
Firmicutes					
Butyratbildner					
Faecalibacterium prausnitzii	7,1 x 10 ¹⁰	KBE/g Stuhl	> 5,0 x 10 ¹⁰		Fe NAJ M3SEQ
Eubacterium rectale	8,4 x 10 ⁹	KBE/g Stuhl	> 1,0 x 10 ¹⁰		Fe NAJ M3SEQ
Eubacterium hallii	3,4 x 10 ⁹	KBE/g Stuhl	> 5,0 x 10 ⁹		Fe NAJ M3SEQ
Roseburia spp.	6,0 x 10 ⁹	KBE/g Stuhl	> 5,0 x 10 ⁹		Fe NAJ M3SEQ
Ruminococcus spp.	3,9 x 10 ¹⁰	KBE/g Stuhl	> 3,0 x 10 ¹⁰		Fe NAJ M3SEQ
Coprococcus	1,6 x 10 ¹⁰	KBE/g Stuhl	> 1,0 x 10 ¹⁰		Fe NAJ M3SEQ
Gesamtkeimzahl	1,3 x 10 ¹¹	KBE/g Stuhl	> 1,1 x 10 ¹¹		Fe NAJ M3SEQ
Clostridien					
Clostridium Gesamtkeimzahl	2,1 x 10 ⁹	KBE/g Stuhl	< 3,0 x 10 ⁹		Fe NAJ M3SEQ
Clostridien Cluster I	< 1,0 x 10 ⁶	KBE/g Stuhl	< 1,0 x 10 ⁸		Fe NAJ M3SEQ
Fusobacteria					
Fusobacterium spp.	< 1,0 x 10 ⁶	KBE/g Stuhl	< 1,0 x 10 ⁷		Fe NAJ M3SEQ
Verrucomicrobia					
Akkermansia muciniphila	7,9 x 10 ⁹	KBE/g Stuhl	> 1,5 x 10 ¹⁰		Fe NAJ M3SEQ
Proteobacteria					
Pathogene oder potentiell pathogene Bakterien					
Haemophilus	1,1 x 10 ⁹	KBE/g Stuhl	< 1,0 x 10 ⁹		Fe NAJ M3SEQ
Acinetobacter	< 1,0 x 10 ⁶	KBE/g Stuhl	< 1,0 x 10 ⁶		Fe NAJ M3SEQ
Escherichia coli Bivare	< 1,0 x 10 ⁴	KBE/g Stuhl	< 1,0 x 10 ⁴		Fe AJ KULTAZ
Proteus species	< 1,0 x 10 ⁴	KBE/g Stuhl	< 1,0 x 10 ⁴		Fe AJ KULTAZ
Klebsiella species	< 1,0 x 10 ⁴	KBE/g Stuhl	< 1,0 x 10 ⁴		Fe AJ KULTAZ
Enterobacter species	< 1,0 x 10 ⁴	KBE/g Stuhl	< 1,0 x 10 ⁴		Fe AJ KULTAZ
Serratia species	< 1,0 x 10 ⁴	KBE/g Stuhl	< 1,0 x 10 ⁴		Fe AJ KULTAZ
Hafnia species	< 1,0 x 10 ⁴	KBE/g Stuhl	< 1,0 x 10 ⁴		Fe AJ KULTAZ
Morganella spp.	< 1,0 x 10 ⁴	KBE/g Stuhl	< 1,0 x 10 ⁴		Fe NAJ M3
Histaminbildende Bakterien					
Histaminbildende Bakterien	< 1,0 x 10 ⁷	KBE/g Stuhl	< 1,0 x 10 ⁴		Fe NAJ M3SEQ
H2S-Bildung					
Sulfatreduzierende Bakterien	8,5 x 10 ⁸	KBE/g Stuhl	< 2,0 x 10 ⁹		Fe NAJ M3SEQ

Bifidobakterien

Equol-Bildner

P. copri / histicola

Butyratbildner

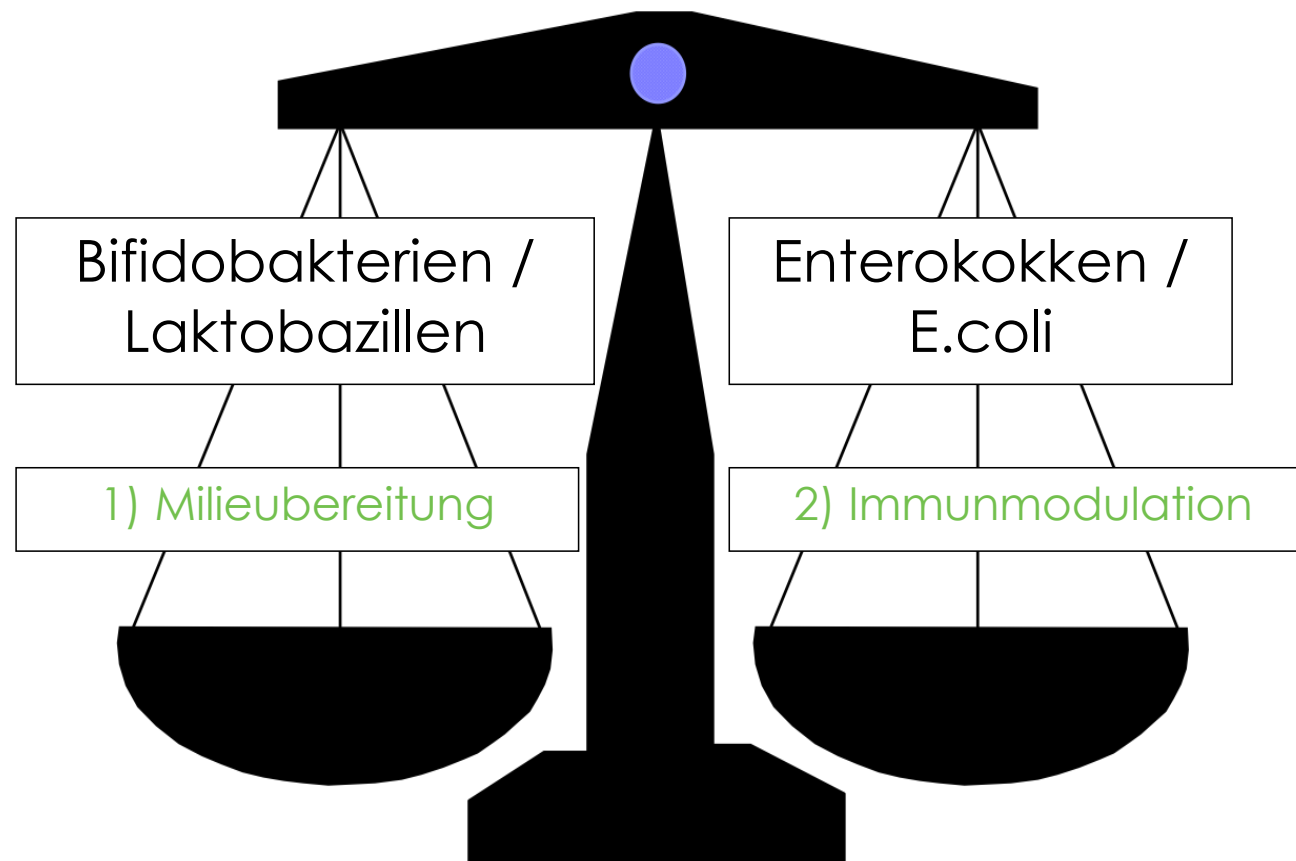
Cl. Cluster I

Fusobakterien

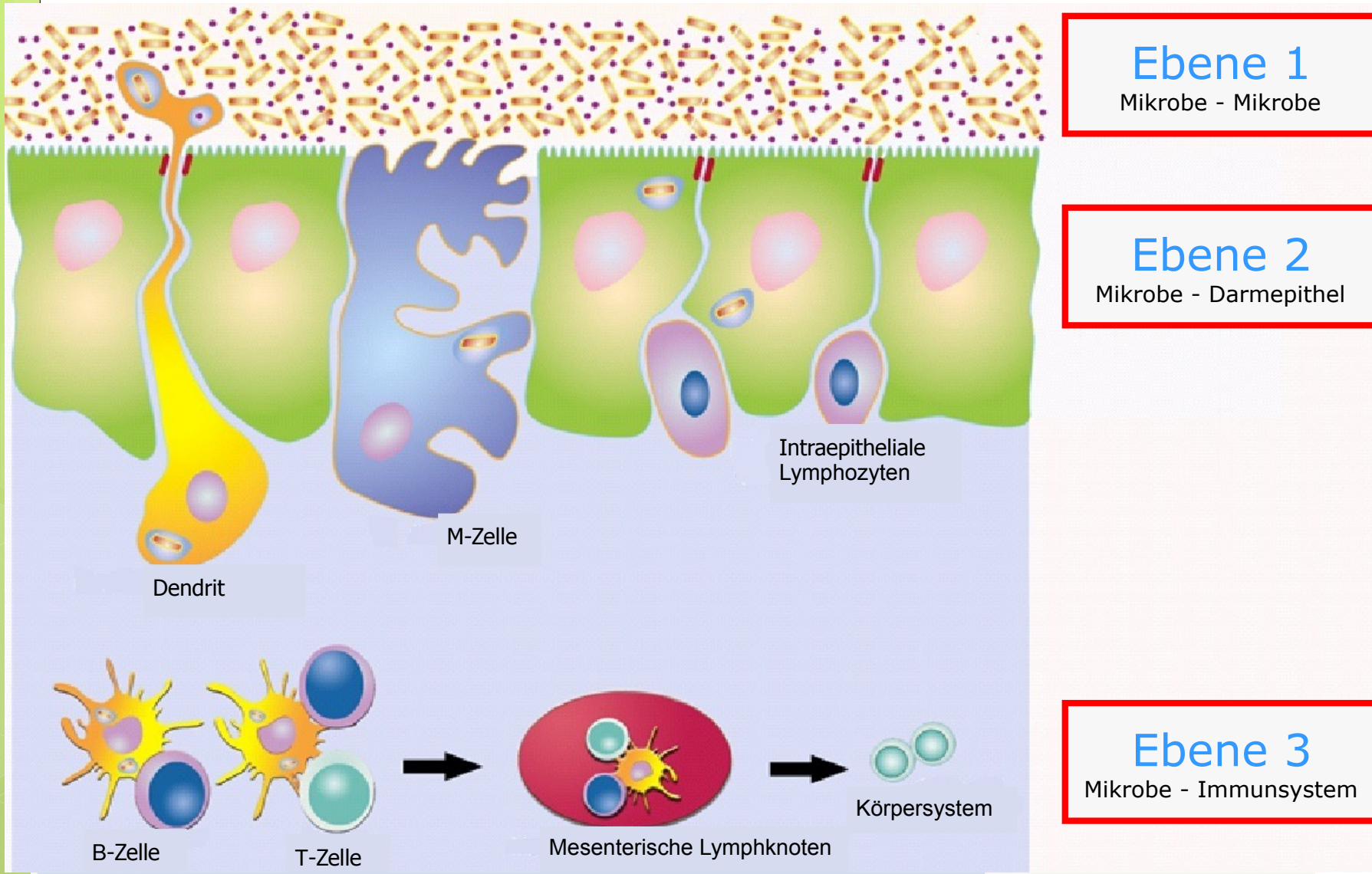
PPO
Multiresistente
Keime

Histamin-Bildung
H₂S-Bildung

mikrobiologische Therapie



Wirkmechanismus: Probiotika wirken auf 3 Ebenen



Produkte Mikrobiologische Therapie

- **Burgerstein Biotics G**
- **Symbiolact**
- **Pro-Symbioflor**
- **Symbioflor 1 und 2**
- **Mutaflor**
- **Colibiogen (D)**
- **Activomin**

Immunmodulierende Probiotika

Pro SymbioFlor, SymbioFlor 1 und SymbioFlor 2

Bestandteile:

Abgetötete und lebende *E. coli* -und *Enterococcus faecalis* Bakterien.

Darreichungsform: Tropfen

Einsatzgebiete:

Mikrobiologische Therapie



Senkung Darm pH

Gelum Tropfen

Lactacholin Tropfen

Apfelessig in Wasser verdünnt

Huminsäuren

Butyren insbesondere wenn f.prausn oder
ackerm. tief

resistente Stärke

Herbal

Nahrungsergänzungsmittel
1000 ml



herbal

**Kräuterauszug mit effektiven Mikroorganismen
und natürlichem Vitamin C aus der Acerola**

Indikationen / Anwendungsempfehlungen

- Unterstützt die natürliche Reinigung und Regeneration der Darmflora
- Fördert die Reinigung und Entgiftung des Körpers
- Optimiert den Stoffwechsel
- Unterstützt körpereigenen Abwehrkräfte
- Frei von Lactose und Alkohol

Zutaten

Wasser, Orangensaftkonzentrat*, Saccharose*, Orangensaft*, Quinoa-Flocken*, Zuckerrohrmelasse*, Milchsäurebakterien, Acerolapulver*, Kräuterauszug (Anis*, Basilikum*, Fenchel*, Hagebuttenfrüchte*, Himbeerblätter*, Ingwer*, Olivenblätter*, Oreganum*, Pfefferminze*, Rosmarinblätter*, Rotbusch*, Rotkleeblüten*, Thymian*)

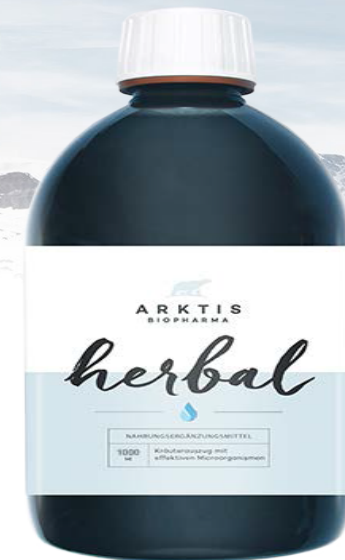
*Zutaten aus kontrolliert biologischem Anbau

Altersstufe

Keine Angabe

Verzehrempfehlung

3 mal täglich 10-15 ml oder einmal täglich 30-45 ml pur oder unmittelbar vor Gebrauch mit Wasser verdünnt verzehren





Intestinum

Nettoproduktmenge 10 Flaschen = 200 ml
Nettoproduktmenge 10 Flaschen = 200 ml

KRAUTERSHOTS
10
KRAUTERSHOTS

Intestinum

Fermentierte Pflanzenkraft
für ein gesundes Verdauungssystem.
La force de plantes fermentées
pour un système digestif sain.

viterba

Intestinum

Intestinum



100%
Krauterkraft
Intestinum
100% Kraft



100%
Krauterkraft
Intestinum
100% Kraft



100%
Krauterkraft
Intestinum
100% Kraft

Viterba

- | | |
|------------------------------------|---|
| ✓ Fermentationsprozess | <ul style="list-style-type: none">• Verbesserte Aufnahme der Nährstoffe (Bioverfügbarkeit)• Unterstützung einer gesunden Darmflora• Natürliches Konservierungsmittel• Fermentation mit 5 Milliarden Milchsäurebakterien (<i>Lactobacillus plantaris</i>, <i>Lactobacillus rhamnosus</i>) und Hefen (<i>Saccharomyces cerevisiae</i>)• Fermentiert nach GMP Standard |
| ✓ Einzigartige Formulierung | <ul style="list-style-type: none">• Ohne Konservierungsmittel und chemische Zusatzstoffe• Kein Zucker, Kohlenhydrate, Alkohol, Farbstoff und Kohlensäure |
| ✓ Schweizer Kräuter | <ul style="list-style-type: none">• Beste Qualität |
| ✓ Kredibilität | <ul style="list-style-type: none">• Kombination von traditionellem Wissen und moderner Wissenschaft• Längjährige Erfahrung Professor Überall aus Österreich• Hergestellt bei der Firma Microstech in Olten, einem nach Swissmedic GMP Norm und Iso 9001 zertifizierten Labor. |
| ✓ Convenience | <ul style="list-style-type: none">• Anwendung 1x täglich• Format kann überall mitgenommen werden• Für jedes Alter geeignet |

Wiederherstellung physiolog. Milieu

Sehr gut geeignet sind auch Huminsäuren

↪ Activomin



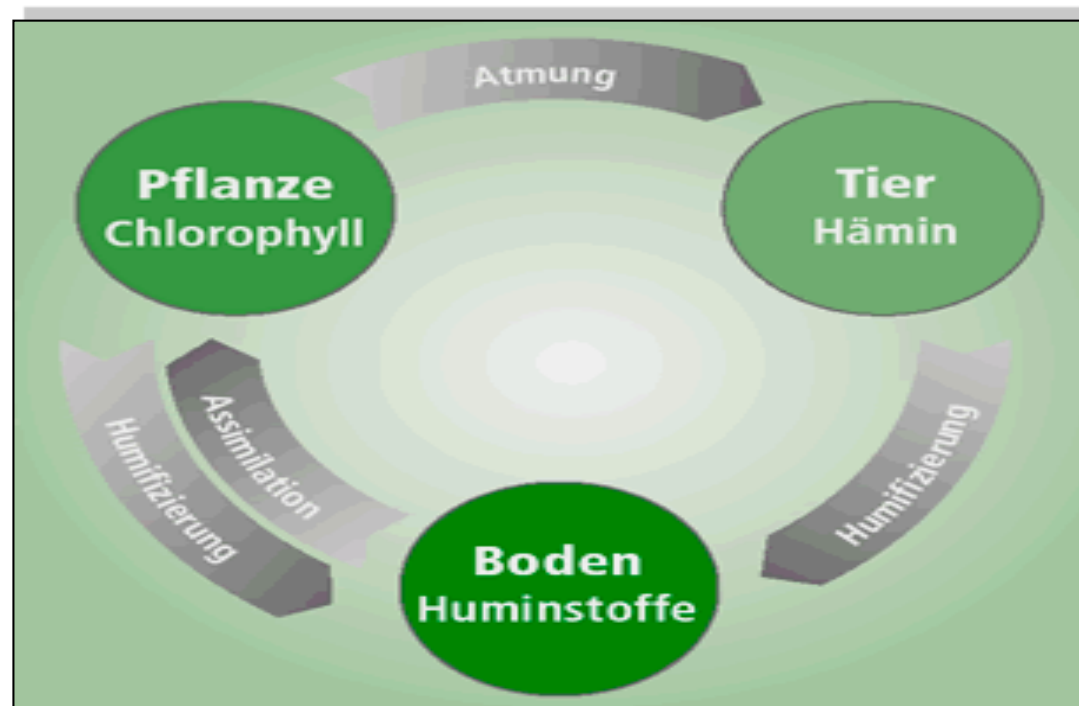
Activomin Kapseln

Verbessern das subjektive Befinden bei
Magen-, Darm- und Stoffwechselstörungen

Activomin ist ein Medizinprodukt mit **natürlichen Huminsäuren**, gewonnen aus Braunkohle. Huminsäuren besitzen die Fähigkeit, Schadstoffe im Körper des Menschen zu binden. Die so gebundenen Körpergifte werden über den Darm ausgeschieden, bevor eine schädigende Wirkung entstehen kann. **Activomin** enthält keine Konservierungsstoffe, keine tierischen Bestandteile und ist gelatine-, laktose-, gluten-, jod- und cholesterinfrei.

Huminsäure

- Huminstoffe sind Abbauprodukte von Biopolymeren und stammen vorwiegend aus Pflanzen



Huminsäuren

Activomin® - Dosierung

Im akuten Stadium der Beschwerden:

- | Erwachsene: 3 x 2 Kapseln täglich während der ersten 10 Tage, danach 3 x 1 Kapsel während 20 Tagen.
- | Kinder ab 6 Jahren: 3 x 1 Kapsel täglich während der ersten 10 Tage, danach 1 Kapsel / Tag während 20 Tagen.
- | **Einnahme zu oder nach den Mahlzeiten.**

L-Glutamin

- **mengenmässig am meisten vorkommende Aminosäure in unserem Körper**
- **unentbehrlicher Energielieferant für die Zellen der Darmwand**
- **bei erhöhter Darmdurchlässigkeit**
- **Hauptenergiequelle für das Immunsystem**
- **entspannende Wirkung**

Darmaufbau mal anders

Activomin	Probiotika	L-Glutamin
1-3 x 1-2 Kapseln pro Tag	1-2 x 1 Beutel pro Tag	2-4 Gramm/ Tag
während 10 bis 14 Tagen, anschliessend mit halber Dosierung weiterfahren	anschliessend für 4 Wochen dazu	anschliessend für 4 Wochen dazu
Therapiedauer: 6 Wochen		

Mikrobiologisch therapieren

- **Milieu stabilisieren**

Laktobazillen / Bifidobakterien

- **Schleimhaut versorgen**

Resistente Stärke / Buttersäure

- **Immunsystem modulieren/trainieren**

Enterokokken / E.coli

PRÄBIOTIKA

Akazienfaserpulver
Arktis Grow

Nahrungsergänzungsmittel
300 g

Arktis BioPharma
im Handel



*Akazienfaserpulver
grow*

**80% lösliche Ballaststoffe
für den Darm**



80 % lösliche Ballaststoffe für Ihren Darm! Diese Ballaststoffe dienen vornehmlich bestimmten Bakterien als „Futter“ und stimulieren auf diese Weise die Teilung der spezifischen Bakterien *Akkermansia muciniphila* und *Faecalibacterium prausnitzii*. Durch das vermehrte Wachstum der Bakterien wird natürlich auch die Aufspaltung unserer Nahrung zu kurzkettigen Fettsäuren verbessert.

In der afrikanischen Sahelwüste wachsen die Akazienbäume, die den Rohstoff für Arktis Grow liefern. Durch einen Einschnitt der Baumrinde wird der benötigte „Baumsaft“ gewonnen und gesammelt. Schonend gereinigt, getrocknet und gemahlen dient es uns als löslicher Ballaststoff zur Regulation der Verdauung.

Arktis Grow enthält 100% reine Akazienfaser (ohne synthetische Zusätze), ist neutral in Geschmack, Geruch sowie Farbe. Es wird sehr gut vertragen und es treten keine lästigen Blähungen auf.

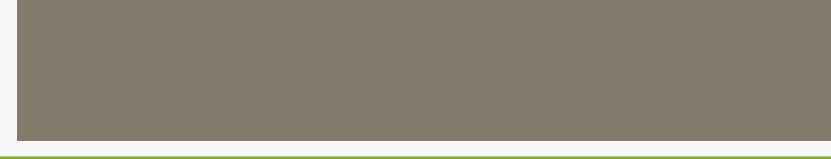
Präbiotikum	Lebensmittelbeispiele	Wirkungen	Indikationen Einsatzgebiete
Galakto- Oligosaccharide der Raffinosafamilie (Raffinose, Verbascose, Stachyose)	Hülsenfrüchte (insbesondere Sojabohne)	Darm- Mukosaschutz (Wachstum von <i>Faecalibacterium prausnitzii</i> u/o <i>Akkermansia</i>) Wachstum von <i>Bifidobakterien</i> und <i>Laktobazillen</i>	Defizite von <i>Akkermansia</i> u/o <i>Faecalibacterium</i> , <i>Bifidobakterium</i> , <i>Laktobazillen</i>
Galakto- Oligosaccharide	Kürbisgewächse, Spargel, Kohl, Broccoli, rote Bete, Zwiebelgewächse, helle Pfirsiche, Wassermelonen	Darm-Mukosaschutz (Wachstum von <i>Faecalibacterium prausnitzii</i>) Wachstum von <i>Bifidobakterien</i> und <i>Laktobazillen</i>	Leichte Schleimhautentzündungen, Defizite von <i>Akkermansia</i> u/o <i>Faecalibacterium</i> , <i>Bifidobakterium</i> <i>Laktobazillen</i>
Frukto- Oligosaccharide	Topinambur, Spargel, Chicoree, Zwiebeln, Lauch, Knoblauch, Endivie, Radicchio, Artischocken, Kohl, Broccoli, helle Pfirsiche, Wassermelonen	Darm-Mukosaschutz (Wachstum von <i>Faecalibacterium prausnitzii</i> , <i>Akkermansia muciniphila</i>)	Leichte Schleimhautentzündungen, Defizite von <i>Akkermansia</i> u/o <i>Faecalibacterium</i> , <i>Bifidobakterium</i>



KEINE

Ernährungsumstellung ohne Darmdiagnostik

*Auf Nummer
sicher gehen!*



**„Den Kopf halt kühl, die Füße warm,
Und propfe nicht zu voll den Darm!“**

Besten Dank

Dr. Simon Feldhaus
Paramed

Grösste Schule für
Naturheilverfahren in
der Schweiz

www.paramed.ch

