



Bakterielle Imbalance – Auslöser von vielen klinischen Symptomen

Es wird immer deutlicher, dass die Zusammensetzung der Darmflora die menschliche Gesundheit beeinflussen kann. So wird ein Ungleichgewicht der Darmflora mit unterschiedlichen Erkrankungen, wie z.B. Inflammatory Bowel diseases (IBD's) und Adipositas, assoziiert.

Neben einer Vielzahl von verschiedenen Bakterien-spezies, ist die humane Darmflora zu 90 % von zwei phylogenetischen Gruppen besiedelt, welche in einem symbiotischen Gleichgewicht agieren: *Bacteroides* und *Firmicutes*. *Clostridium* Cluster XIVa ist eine Klasse der *Firmicutes*, zu welcher u.a. auch *Eubacterium* spp. und *Roseburia* spp. gehören.

Äußere Einflüsse wie Stress und Ernährung können das vorliegende Gleichgewicht dieser Darmbakterien beeinflussen. Eine niedrige *Bacteroides* Keimzahl, sowie ein erhöhter Anteil von *Firmicutes* ist häufig in Patienten mit Adipositas beschrieben.^{1,2,3,4}

Akkermansia muciniphila stellt 3 -5 % der mikrobiellen Population in einem gesunden Menschen dar.

A. muciniphila ist in speziellen Teilen der menschlichen Mukosa vorhanden und wird schon in Stuhlproben von Säuglingen unter 1 Monat detektiert. Die Anzahl von *A. muciniphila* steigt danach mit steigendem Alter stetig an. In älteren Menschen jedoch, sind die Zahlen von *A. muciniphila* deutlich minimiert.⁵

Eine geringe Anzahl an *A. muciniphila* wird mit Diabetes, Adipositas und IBD's assoziiert.

Faecalibacterium prausnitzii ist eins der häufigsten Bakterien des gesunden Darms, wobei es 5 % der Gesamt-Stuhlflora einnimmt. *F. prausnitzii* ist in Kleinkindern unter 6 Monaten nicht zu finden, steigt aber danach stetig an. Es ist beschrieben, dass *F. prausnitzii*, abhängig von der Ernährung, in seiner Anzahl beeinflusst werden kann und das Vorkommen von *F. prausnitzii* generell als guter Gesundheitsindikator gilt. Dabei zeigt *F. prausnitzii* anti-inflammatorische Eigenschaften und eine verminderte Anzahl wird in Patienten mit Zöliakie beschrieben.⁶ Im Gegensatz dazu, wird eine erhöhte Anzahl von *F. prausnitzii* mit Adipositas assoziiert.

Mit den RIDA®GENE Tests Gut Balance, *Akkermansia muciniphila* und *Faecalibacterium prausnitzii* kann eine differentielle Analyse des Darm-Mikrobioms in weniger als zwei Stunden durchgeführt werden.

RIDA® GENE real-time PCR Tests zur Analyse des Darm-Mikrobioms

RIDA® GENE Gut Balance Art. Nr. PG0105



RIDA® GENE Akkermansia muciniphila Art. Nr. PG0145



RIDA® GENE Faecalibacterium prausnitzii Art. Nr. PG0155



- Real-time multiplex PCR
- Alle Tests sind quantitativ – DNA Standards enthalten
- RIDA® GENE Gut Balance: Nachweis von *Bacteroides* und *Clostridium* Cluster XIVa in humanen Stuhlproben
- RIDA® GENE Akkermansia muciniphila: Nachweis von *Akkermansia muciniphila* in humanen Stuhlproben
- RIDA® GENE Faecalibacterium prausnitzii: Nachweis von *Faecalibacterium prausnitzii* in humanen Stuhlproben
- **Flexibel** – Die Tests können mit den gängigen real-time PCR Geräten wie z.B. Mx3005P, LightCycler® 480II, SmartCycler®, ABI 7500, m2000rt, CFX96 oder Rotor-Gene Q verwendet werden.
- **Zuverlässig** – Eine enthaltene Extraktionskontrolle (Internal Control DNA, ICD) zeigt eine mögliche PCR-Inhibition an, überprüft die Integrität der Reagenzien und bestätigt eine erfolgreiche Nukleinsäureextraktion

Bestellinformation

Produkt	Beschreibung	Tests	Matrix	Art. Nr.
Bakterien	Real-time PCR			
RIDA® GENE Gut Balance	Real-time PCR zum direkten qualitativen oder quantitativen Nachweis und zur Differenzierung von <i>Bacteroides</i> und <i>Clostridium</i> Cluster XIVa in humanen Stuhlproben	100	Stuhl	PG0105
RIDA® GENE Akkermansia muciniphila	Real-time PCR zum direkten qualitativen oder quantitativen Nachweis von <i>Akkermansia muciniphila</i> in humanen Stuhlproben	100	Stuhl	PG0145
RIDA® GENE Faecalibacterium prausnitzii	Real-time PCR zum direkten qualitativen oder quantitativen Nachweis von <i>Faecalibacterium prausnitzii</i> in humanen Stuhlproben	100	Stuhl	PG0155

¹ Max Rubner Institut: Nationale Verzehrs-Studie II.

² Ley, RE et al. Microbial ecology: human gut microbes associated with obesity. Nature 2006, 444(7122): 1022 - 1030.

³ Turnbaugh P et al. A core gut microbiome in obese and lean twins. Nature 2009, 457(7228): 480 - 484.

⁴ Vaarala O. Gut Microbiota and Type 1 Diabetes. Rev. Diab. Stud. 2013, 9(4): 251 - 259.

⁵ Carmen Collado M. et al. Intestinal integrity and Akkermansia muciniphila, a mucin-degrading member of the intestinal microbiota present in infants, adults, and the elderly. Appl. Envir. Microbiol. 2007, 73: 7767 - 7770.

⁶ Miquel S. et al. Faecalibacterium prausnitzii and human intestinal health. Current Opi. Microbiol. 2013, 16: 1 - 7.