

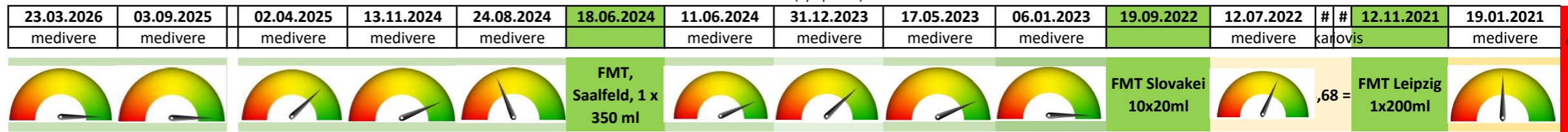
Tom Parkinson, Diagnose Parkinson 15.12.2020

www.tomparkinson.de

Stand: 23.03.2026

hier hatte ich Bestwerte (Symptome) gute Phase gute Phase

Diversität



FODMAP-Index	23.03.2026	03.09.2025	02.04.2025	13.11.2024	24.08.2024	18.06.2024	11.06.2024	31.12.2023	17.05.2023	06.01.2023	19.09.2022	12.07.2022	# #	12.11.2021	19.01.2021
	medivere	medivere	medivere	medivere	medivere		medivere	medivere	medivere	medivere		medivere	kar	ovis	medivere



Dysbiose (Parkinson = unausgeglichene Dysbiose)	gut	gut	sehr gut	gut	gut		top!	gut	top!	sehr gut		gut	ok		recht gut
---	-----	-----	----------	-----	-----	--	------	-----	------	----------	--	-----	----	--	-----------



Fäulnisflora	0	-1	0	0	-1		0	-1	0	0		0			-1
protektive Säuerungsflora	-1	0	0	0	0		0	0	0	0		0			0
Histaminbildner	0	-2	0	-1	-2		0	-1	0	-1		0			-1
Pilze	0	0	0	-1	0		0	0	0	0		-1			-1
ph-Wert	-1	0	-1	0	0		0	-1	0	0		-1			0

Funktionelle Mikrobiota

Mucindegredation	0	0	0	-1	-1		0	0	0	-1		-1			0
Mukosaprotektion	-2	-2	-1	-2	-1		-2	1	1	1		-2			-2
Sulfatreduzierende Mikrobiota	-1	-1	-1	-1	-1		0	0	0	0		0			-1
Neuroaktive Mikrobiota	1	1	0	1	0		2	1	2	2		2			1
Methanbildende Mikrobiota	0	0	0	0	0		0	0	0	0		0			0
LPS-Keime	-1	0	0	0	0		0	0	0	0		0			-1

Enterotyp	1	unbestimmt	3	2	unbestimmt		unbestimmt	unbestimmt	unbestimmt	unbestimmt		1	2		1
-----------	---	------------	---	---	------------	--	------------	------------	------------	------------	--	---	---	--	---

Mikrobiomassoziierte Gesundheitsrisiken

entzündliche Darmerkrankungen	Nein	Nein	Nein	Nein	leicht erhöht		Nein	Nein	Nein	Nein		leicht erhöht			leicht erhöht
Reizdarmsyndrom	Nein	leicht erhöht	Nein	leicht erhöht	erhöht		Nein	leicht erhöht	Nein	leicht erhöht		Nein			leicht erhöht
Autoimmunerkrankungen	Nein	Nein	Nein	leicht erhöht	leicht erhöht		Nein	Nein	Nein	Nein		Nein			leicht erhöht
Neurologische Erkrankungen	Nein	Nein	Nein	Nein	Nein		Nein	Nein	Nein	Nein		Nein			leicht erhöht
Metabolische Erkrankungen	Nein	Nein	Nein	leicht erhöht	Nein		Nein	Nein	Nein	leicht erhöht		leicht erhöht			leicht erhöht

Bioindikatoren

Stuhl-ph-Wert	5,5-6,5	7,00	6,90	6,90	6,50	6,50		6,50	6,60	6,40	6,50		6,80	# #		6,40
Biodiversität (Shannon Index)**	>4,6	5,38	5,33	3,09	3,14	2,73		3,19	3,09	3,10	3,20		2,94			2,87
Firmicutes/Bacteroidetes-Ratio** (less = bad)	2,9-4,8	3,20	3,00	1,20	1,10	0,50		1,30	1,20	1,40	1,80		1,10			1,10
Butyratproduktion** high = good	11,0-19,0	15,90	18,60	14,10	13,00	8,90		11,60	11,90	15,10	14,50		11,60			11,50
Laktatproduktion**	1,5-7,7	1,20	4,40	0,20	0,30	0,50		2,00	0,40	0,50	0,20		0,60			0,70
Acetat- und Propionatproduktion**	12,0-21,0	16,90	16,80	25,20	16,00	37,30		27,70	23,80	30,50	17,90		36,30			40,10
Mucindegredation**	0,01-7,4	1,70	3,00	5,30	19,00	18,90		7,30	8,10	5,40	9,00		8,80			3,10
LPS-tragende Bakterien**	<2,2	2,25	0,12	3,46	2,33	3,06		1,23	2,28	1,03	2,15		1,18			2,14

Bakterienstämme (Phyla)

Firmicutes**	61-70	65,421	61,33	46,888	45,899	28,81		47,306	48,19	50,388	52,851		46,187			44,178
--------------	-------	--------	-------	--------	--------	-------	--	--------	-------	--------	--------	--	--------	--	--	--------

Diagnose Parkinson 15.12.2020

Bacteroidetes** (<i>less = bad</i>)	14-22	20,538	20,36	39,656	41,156	61,1		37,615	40,28	36,68	29,873		42,801		40,475
Proteobacteria**	1,4-5,9	6,271	3,64	7,749	8,053	7,25		7,744	6,917	6,456	12,326		4,801		11,648
Actinobacteria**	3,6-11	4,099	9,8	0,54	0,356	0,52		1,88	0,421	0,584	0,086		0,372		0,507
Verrucomicrobia** (<i>very little is good</i>)	0,001-3,2	0	0	0,015	0,028	0,348		0	0,368	0,526	1,088		0,002		0,002
Fusobacteria** (Krebs!)	<0,002	0	0,002	0	0	0		0	0	0	0		0		0
Cyanobacteria** (<i>very little is good</i>) - Poison!	0,001-0,009	0,02	0,029	0,307	0,217	0,515		0,148	0,1	0,188	0,312		0,128		0,801
https://phys.org/news/2023-09-cyanobacteria-neurotoxin-n-methylamino-l-alanine.html															
Euryarchaeota**	<0,05	0	0	0	0	0		0	0	0	0		0		0
Tenericutes**	0,001-0,1	0,088	0,171	2,773	3,668	0,631		4,03	2,097	2,825	2,4		4,412		0,754

Mucindegradierende Mikrobiota

Akkermansia muciniphila** (<i>very little is good</i>)	0,001-3,2	0	0	0,01	0	0,015		0	0,351	0,514	1,072		0		0
https://www.nature.com/articles/s41531-024-00802-2															
Prevotella spp.** > higher better?	0,001-2,4	1,711	3,048	5,253	19,034	18,91		7,296	7,792	4,863	7,963		8,799		3,08
Prevotella copri**	<0,7	0,737	2,335	2,593	15,555	16,586		2,847	1,743	1,84	5,204		5,653		0,002

Mukosaprotective Mikrobiota

Akkermansia muciniphila** (<i>very little is good</i>)	0,001-3,2	0	0	0,014	0	0,015		0	0,351	0,514	1,072		0		0
Faecalibacterium prausnitzii** high = good!	6,7-12	11,652	8,485	3,322	5,958	4,474		6,933	7,088	9,018	8,462		7,296		5,753
https://parkinsonsnewstoday.com/news/study-finds-large-scale-disruptions-parkinsons-gut-microbiome/															

Sulfatreduzierende Mikrobiota

Bifidobacterium wadsworthia** (<i>very little is good</i>)	<0,4	0,16	0,288	0,161	0,178	0,098		0,238	0,272	0,063	0,107		0,098		0,258
Desulfobacter spp.**	<0,001	0	0	0	0	0		0	0,001	0,001	0		0		0
Desulfovibrio spp.** < Untergruppen!	<0,2	1,481	2,482	1,351	2,084	2,04		0,011	0,022	0,006	0,002		0,003		0
Desulfuromonas spp.**	<0,001	0	0	0	0	0		0	0	0	0		0		0

Neuroaktive Mikrobiota

Bifidobacterium adolescentis**	0,001-2,6	0,276	3,026	0,204	0,111	0,047		1,451	0,206	0,284	0,002		0,046		0,018
Bifidobacterium dentium** bei PD erhöht!	>0,001	0	0	0	0	0		0,003	0	0	0		0		0
https://www.nature.com/articles/s41467-022-34667-x/figures/2															
Lactobacillus brevis**	>0,001	0	0	0	0	0		0	0	0	0		0		0
Lactobacillus plantarum**	>0,001	0	0,174	0	0	0		0	0	0,051	0,003		0,061		0
Lactobacillus paracasei**	>0,001	0	0	0	0	0		0	0	0	0		0		0,07
Oscillibacter spp.**	<0,3	0,115	0,097	0,218	0,078	0,09		0,044	0,214	0,047	0,04		0,063		0,218
Alistipes spp.** <	0,2-1,3	0,878	1,305	11,014	3,823	7,389		5,386	2,055	5,484	3,589		4,299		4,177

Methanbildende Mikrobiota

Methanobacteria**	<0,05	0	0	0	0	0		0	0	0	0		0		0
Methanobrevibacter spp.**	<0,04	0	0	0	0	0		0	0	0	0		0		0

LPS-tragende Mikrobiota

Citrobacter spp.** (<i>very little is good</i>)	<0,002	0	0,009	0	0	0,003		0	0	0	0		0		0
Enterobacter spp.**	<0,006	0	0,015	0	0,017	0,018		0,003	0,004	0	0,077		0		0
Escherichia spp.** <	<0,1	0	0	0,05	0,011	0,05		0	0,005	0,001	0,005		0		0,002
Klebsiella spp.**	<0,003	0,011	0,013	0,007	0,028	0,003		0	0,299	0,013	0,005		0,02		0,018
Providencia spp.**	<0,001	0	0	0	0	0		0	0	0	0		0		0,007
Pseudomonas spp.**	<0,002	0,01	0	0	0	0		0	0,003	0,001	0		0,002		0,002
Serratia spp.**	<0,001	0	0	0	0	0		0	0	0	0		0		0
Sutterella spp.**	<1,6	1,75	0,091	3,442	2,279	2,984		1,23	1,968	1,015	2,059		1,179		2,11

Immunmodulation

Enterobacter spp.**	<0,1	0	0	0,005	0,011	0,05		0	0,005	0,001	0,005		0		0,002
Enterococcus spp.** (<i>E. avium - very little is good</i>)	0,001-0,01	0,476	0,009	0	0,006	0		0	0,003	0	0		0		0,053
https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC9804059/															

Ballaststoffabbauende Mikrobiota

Bifidobacterium adolescentis**	0,001-2,6	0,276	3,026	0,204	0,111	0,047		1,451	0,206	0,284	0,002		0,046		0,018
Ruminococcus spp.**	0,7-5,1	2,083	7,605	10,292	5,018	2,933		3,544	3,032	3,607	4,615		1,879		2,127

Buttersäure (Butyrat) produzierende Mikrobiota (vorteilhaft bei Bauspeicheldrüsenkrebs)

Butyrivibrio crossotus**	>0,001	0	0	0	0,033	0,002		0,074	0,001	0,005	0,005		0,005		0,009
Eubacterium spp.**	0,2-0,9	0,558	1,393	0,031	0,984	0,628		0,385	0,983	1,008	0,33		0,499		2,871
Faecalibacterium prausnitzii** high = good!	6,7-12	11,652	8,485	3,322	5,958	4,474		6,933	7,088	9,018	8,462		7,296		5,753
Roseburia spp.** less = bad	0,4-2,4	1,616	1,132	0,425	1,056	0,837		0,678	0,785	1,417	1,06		1,949		0,743
https://www.nature.com/articles/s41467-022-34667-x/figures/3															
Ruminococcus spp.**	0,7-5,1	2,083	7,605	10,292	5,018	2,933		3,544	3,032	3,607	4,615		1,897		2,127

Acetat- / Propionatbildende Mikrobiota

Alistipes spp.** <	0,2-1,3	0,878	1,305	11,014	3,823	7,389		5,386	2,055	5,484	3,589		4,299		4,177
Bacteroides spp.** less = good	6,4-15	13,044	9,304	13,055	7,23	27,792		15,065	15,805	17,381	12,048		23,054		29,595
Bacteroides vulgatus**	0,6-5,1	2,762	2,937	1,433	0,478	4,28		2,97	1,959	2,53	2,753		4,065		3,122
Dorea spp.**	0,5-1,2	0,771	0,952	0,181	0,067	0,13		0,123	0,046	0,033	0,022		0,051		0,098

Laktatbildende / saccharolytische Mikrobiota

Bifidobacterium spp.** <	0,4-6,5	0,293	3,566	0,225	0,15	0,373		1,784	0,314	0,396	0,003		0,304		0,378
Bifidobacterium adolescentis**	0,001-0,26	0,276	3,026	0,204	0,111	0,047		1,451	0,206	0,284	0,002		0,046		0,018
Enterococcus spp.** (E. avium - very little is good)	0,001-0,01	0,476	0,009	0	0,006	0		0	0,003	0	0		0		0,053
Lactobacillus spp.**	0,07-1,3	0,317	0,832	0,005	0,072	0,086		0,208	0,117	0,147	0,188		0,263		0,225

Histaminbildende Mikrobiota

Citrobacterspp.**	<0,002	0													
Clostridium spp.**	0,4-0,9	0,658	0,765	2,083	1,695	1,074		0,978	2,505	1,184	0,899		0,619		
Enterobacter spp.**	<0,006	0	0,015	0	0,017	0,018		0,003	0,004	0	0,077		0		
Hafnia alveii**	<0,001	0	0,002	0	0	0,002		0	0,004	0	0		0		
Klebsiella spp.**	<0,003	0,011	0,013	0,007	0,028	0,003		0	0,299	0,013	0,005		0,002		
Serratia spp.**	<0,001	0	0	0	0	0		0	0	0	0		0		
Escherichia spp.** <	<0,1	0	0	0,005	0,011	0,05		0	0,005	0,001	0,005		0		

<https://pubs.acs.org/doi/10.1021/acscchembio.4c00095>

Clostridiaceae

Clostridium spp.** (C. leptum bei pD erhöht)	0,4-0,9	0,658	0,765	2,083	1,695	1,074		0,978	2,505	1,184	0,899		0,619		0,632
Clostridium difficile**	<0,025	0	0	0,016	0	0,008		0	0,001	0	0,003		0		0,004
Clostridium scindens**	>0,006	0,114	0,114	0	0	0		0	0	0	0		0		0

Sonstige Mikrobiota

Fusobacterium nucleatum** (Krebs!)	<0,001	0	0	0	0	0		0	0	0	0		0		0
Oxalobacter formigenes**	>0,001	0,004	0,101	0,326	0,028	0,023		0,022	0,09	0,034	0,115		0		0
Anaerotruncus colihominis**	0,005-0,03	0,019	0,037	0,045	0,006	0,005		0,003	0,017	0,009	0,007		0,006		0,02
Streptococcus spp.**	0,2-1,9	1,117	0,054	0,416	0,233	0,481		0,06	0,09	0,116	0,076		0,054		0,091

Pilze

Candida spp.**	<0,002	0	0	0	0,006	0		0	0	0	0		0		0,087
Candida albicans**	<0,001	0	0	0	0	0		0	0	0	0		0		0
Geotrichum candidum**	<0,001	0	0	0	0	0		0	0	0	0		0		0,042
Saccharomyces cerevisiae**	<0,03	0	0	0	0,011	0		0	0	0	0		0		0,149
Schimmelpilze**	0	0	0	0	0	0		0	0	0	0		0		positiv

<https://nachrichten.idw-online.de/2021/11/30/ein-schimmelpilz-dominiert-die-eukaryotische-stuhlmikrobiota-bei-parkinson-patienten?groupcolor=3>

Verdauungsrückstände:

Fett i. Stuhl**	<5,2			5					2,1	2,3	4,3		1,3	4	3,2
Wassergehalt i. Stuhl**	68,5-82,7			68					76	74	72		78	#	81

Eiweiß i. Stuhl**	<1,5			1,5				1,2	1,2	1,3		1,1	2		1
Stärke i. Stuhl**	2,6-10,6			9				8	7,4	12,1		8,6	#		6,4
Zuckergehalt i. Stuhl**	<2,0			1,8				1,8	1,4	1		1,6	1		1,4

Malabsorption / Entzündung / Leaky Gut:

Alpha-1-Antitrypsin i. Stuhl	<27,5			17,4				14,8	5,9	20,3		4,6	5		10,3
Zonulin (Stuhl) - geänderter Messbereich!	<60,1			73,4				920,7	25,2	<14		17,6	<14		16,8
Calprotectin i. Stuhl	<50			<19,5				<19,5	<19,5	<19,5		<19,5			<19,5

Maldigestion:

Pankreaselastase i. Stuhl	>200			497,2				497,4	430,8	291,4		157,1	#		>500
Gallensäuren i. Stuhl	0,46-9,96			6,8				1,24	0,56	0,67		0,32	1		negativ

Schleimhautimmunität:

Sekretorisches IgA i. Stuhl	510,00-2040			434,9				324,1	399,8	<277,5		344,1	#		333,1
-----------------------------	-------------	--	--	-------	--	--	--	-------	-------	--------	--	-------	---	--	-------

Mikrobiom-assoziierte Gesundheitsrisiken

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

Magen-Darm-Diagnostik - Befundinterpretation

Maldigestion				0				0	0	0		-1	0		0
Entzündung				0				0	0	0		0	0		0

Intestinale Permeabilität					-1					-1	0	0		0	0		0
Immunität					-1					-1	-1	-1		-1	#		-1

16.05.2023 wichtige Meldung - siehe Link!

<https://www.frontiersin.org/articles/10.3389/fcimb.2021.652617/full> - den Link gibt es ganz unten nochmal...

Es geht um die spezifischen Stämme: *Desulfovibrio desulfuricans*, *Desulfovibrio fairfieldensis*, *Desulfovibrio piger* diese sollte man am besten nicht im Darm haben! Sie sollen wahrscheinlich der Auslöser des Parkinsons sein. *Desulfovibrio* ist bei meinen Stuhlbefunden nicht vorhanden, muss ich abklären, ob die drei oben genannten Untergruppen auch nicht vorhanden sind - Am 2. November 2023 kam das Ergebnis aus Heidelberg! Ich habe die drei Untergruppen nicht!!!

Auch soll es vorteilhaft sein, möglichst wenig von folgenden Bakterienstämme zu haben (dies trifft bei mir zu - siehe Befunde) : *Cyanobacteria* (Bakterienstamm), *Bifidobacterium dentium* (Neuroaktive Mikrobiota), *Citrobacter* spp. (LPS-tragende Mikrobiota), *Enterococcus* spp. (Immunmodulation + Laktatbildende / saccharolytische Mikrobiota), *Verrucomicrobiaceae*, *Bifidobacteriaceae* und *Christesenellaceae*

Hier ein Link zu meinen ausführlichen Befunden

<https://www.parkinsonclub.de/microbiome-findings-report>

<https://www.parkinsonclub.de/microbiome-transfer>

<https://www.frontiersin.org/articles/10.3389/fcimb.2021.652617/full>

https://www.focus.de/gesundheit/news/ueber-nasenschlauch-wie-eine-kot-transplantation-parkinson-symptome-lindern-kann_id_259842605.html

<https://www.24vita.de/gesundheit/studie-universitaet-konstanz-parkinson-ursache-darm-mikrobiom-forscher-zr-92584301.html>

<https://kops.uni-konstanz.de/server/api/core/bitstreams/ed9abb92-5b3f-483b-b569-cc03cc6a3d91/content>

https://www.focus.de/gesundheit/news/forscher-sagen-erstmal-aggressivste-krebsart-anhand-von-stuhlproben-voraus_f956c106-1755-4f68-831e-7fcc753b448b.html?fbclid=IwY2xjawLYidZleHRuA2FlbQjxM

In der Darmflora der Patienten mit Bauchspeicheldrüsenkrebs waren den Forschern zufolge insbesondere die **Erreger**

Enterobacteriaceae,
Enterococcaceae
und Fusobacteriaceae
in hohen Mengen vertreten

Andererseits fanden die Forscher bei ihnen wesentlich weniger **nützliche Darmbakterien**. Vor allem der Anteil der Bakterien, die zur Klasse der Clostridien gehören, darunter die Buttersäure produzierenden Lachnospiracea, Butyricocccaceae und Ruminococcaceae war zurückgegangen.