

Tom Parkinson, Diagnose Parkinson 15.12.2020

www.tomparkinson.de

Stand: 14.04.2025

hier hatte ich Bestwerte (Symptome) gute Phase gute Phase

Diversität

02.05.2025	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	24.09.2019	Anfang 2019
medivere	medivere	medivere		medivere	medivere	medivere	medivere		medivere		medivere	MVZ Labor	MVZ Labor



FODMAP-Index	2,60	2,20	2,80		2,60	2,40	2,80	2,30		2,90		3,10	
--------------	------	------	------	--	------	------	------	------	--	------	--	------	--

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

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

Funktionelle Mikrobiota													
Mucindegradation	0	-1	-1		0	0	0	-1		-1		0	
Mukosaprotektion	-1	-2	-1		-2	1	1	1		-2		-2	
Sulfatreduzierende Mikrobiota	-1	-1	-1		0	0	0	0		0		-1	
Neuroaktive Mikrobiota	0	1	0		2	1	2	2		2		1	
Methanbildende Mikrobiota	0	0	0		0	0	0	0		0		0	
LPS-Keime	0	0	0		0	0	0	0		0		-1	

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

Mikrobiomassoziierte Gesundheitsrisiken

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

Bioindikatoren

Stuhl-ph-Wert	5,5-6,5	6,90	6,50	6,50		6,50	6,60	6,40	6,50		6,80		6,40	6,70
Biodiversität (Shannon Index)**	>2,7	3,09	3,14	2,73		3,19	3,09	3,10	3,20		2,94		2,87	
Firmicutes/Bacteroidetes-Ratio** (less = bad)	0,9-1,5	1,20	1,10	0,50		1,30	1,20	1,40	1,80		1,10		1,10	
Butyratproduktion** high = good	6,0-11,0	14,10	13,00	8,90		11,60	11,90	15,10	14,50		11,60		11,50	
Laktatproduktion**	0,1-1,4	0,20	0,30	0,50		2,00	0,40	0,50	0,20		0,60		0,70	
Acetat- und Propionatproduktion**	26,0-42,0	25,20	16,00	37,30		27,70	23,80	30,50	17,90		36,30		40,10	
Mucindegradation**	0,05-8,7	5,30	19,00	18,90		7,30	8,10	5,40	9,00		8,80		3,10	
LPS-tragende Bakterien**	<3,7	3,46	2,33	3,06		1,23	2,28	1,03	2,15		1,18		2,14	

Bakterienstämme (Phyla)

Firmicutes**	42,0-52,0	46,888	45,899	28,81		47,306	48,19	50,388	52,851		46,187		44,178	
Bacteroidetes** (less = bad)	34,0-45,0	39,656	41,156	61,1		37,615	40,28	36,68	29,873		42,801		40,475	

Diagnose Parkinson 15.12.2020

Proteobacteria**	4,0-8,8	7,749	8,053	7,25	7,744	6,917	6,456	12,326	4,801	11,648
Actinobacteria**	0,3-1,6	0,54	0,356	0,52	1,88	0,421	0,584	0,086	0,372	0,507
Verrucomicrobia** (very little is good)	0,007-2,4	0,015	0,028	0,348	0	0,368	0,526	1,088	0,002	0,002
Fusobacteria**	<0,004	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Cyanobacteria** (very little is good) - Poison!	0,02-0,6	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**	<0,002	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Tenericutes**	0,005-0,200	2,773	3,668	0,631	4,03	2,097	2,825	2,4	4,412	0,754

Mucindegradierende Mikrobiota

Akkermansia muciniphila** (very little is good)	0,003-2,1	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?	0,006-5,1	5,253	19,034	18,91	7,296	7,792	4,863	7,963	8,799	3,08
Prevotella copri**	<0,2	2,593	15,555	16,586	2,847	1,743	1,84	5,204	5,653	0,002

Mukosaprotective Mikrobiota

Akkermansia muciniphila** (very little is good)	0,003-2,1	0,014	0	0,015	0	0,351	0,514	1,072	0	0
Faecalibacterium prausnitzii** high = good!	1,5-5,2	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

Bilophila wadsworthia** (very little is good)	<0,3	0,161	0,178	0,098	0,238	0,272	0,063	0,107	0,098	0,258
Desulfobacter spp.**	<0,004	0	0	0	0	0,001	0,001	0	0	0
Desulfovibrio spp.** <	<0,2	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

Neuroaktive Mikrobiota

Bifidobacterium adolescentis**	0,001-0,2	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	0,003	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
Lactobacillus plantarum**	>0,001	0	0	0	0	0	0,051	0,003	0,061	0
Lactobacillus paracasei**	>0,001	0	0	0	0	0	0	0	0	0,07
Oscillibacter spp.**	<0,3	0,218	0,078	0,09	0,044	0,214	0,047	0,04	0,063	0,218
Alistipes spp.** <	2,2-6,7	11,014	3,823	7,389	5,386	2,055	5,484	3,589	4,299	4,177

Methanbildende Mikrobiota

Methanobacteria**	<0,002	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Methanobrevibacter spp.**	<0,001	0	0	0	0	0	0	0	0	0

LPS-tragende Mikrobiota

Citrobacter spp.** (very little is good)	<0,001	0	0	0,003	0	0	0	0	0	0
Enterobacter spp.**	<0,007	0	0,017	0,018	0,003	0,004	0	0,077	0	0
Escherichia spp.** <	<0,3	0,05	0,011	0,05	0	0,005	0,001	0,005	0	0,002
Klebsiella spp.**	<0,002	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	0,007
Pseudomonas spp.**	<0,002	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
Sutterella spp.**	<2,9	3,442	2,279	2,984	1,23	1,968	1,015	2,059	1,179	2,11

Immunmodulation

Enterobacter spp.**	<0,3	0,005	0,011	0,05	0	0,005	0,001	0,005	0	0,002
Enterococcus spp.** (E. avium - very little is good)	0,001-0,005	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**	0,001-0,2	0,204	0,111	0,047	1,451	0,206	0,284	0,002	0,046	0,018
--------------------------------	-----------	-------	-------	-------	-------	-------	-------	-------	-------	-------

Ruminococcus spp.**	2,2-4,8	10,292	5,018	2,933		3,544	3,032	3,607	4,615		1,879		2,127	
---------------------	---------	--------	-------	-------	--	-------	-------	-------	-------	--	-------	--	-------	--

Buttersäure (Butyrat) produzierende Mikrobiota

Butyrivibrio crossotus**	0,001-0,01	0	0,033	0,002		0,074	0,001	0,005	0,005		0,005		0,009	
Eubacterium spp.**	0,2-1,6	0,031	0,984	0,628		0,385	0,983	1,008	0,33		0,499		2,871	
Faecalibacterium prausnitzii** high = good!	1,5-5,2	3,322	5,958	4,474		6,933	7,088	9,018	8,462		7,296		5,753	
Roseburia spp.** less = bad	0,3-1,5	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.**	2,2-4,8	10,292	5,018	2,933		3,544	3,032	3,607	4,615		1,897		2,127	

Acetat- / Propionatbildende Mikrobiota

Alistipes spp.** <	2,2-6,7	11,014	3,823	7,389		5,386	2,055	5,484	3,589		4,299		4,177	
Bacteroides spp.** less = good	15,0-31,0	13,055	7,23	27,792		15,065	15,805	17,381	12,048		23,054		29,595	
Bacteroides vulgatus**	1,0-8,9	1,433	0,478	4,28		2,97	1,959	2,53	2,753		4,065		3,122	
Dorea spp.**	0,08-0,2	0,181	0,067	0,13		0,123	0,046	0,033	0,022		0,051		0,098	

Laktatbildende / saccharolytische Mikrobiota

Bifidobacterium spp.** <	0,07-1,3	0,225	0,15	0,373		1,784	0,314	0,396	0,003		0,304		0,378	
Bifidobacterium adolescentis**	0,001-0,2	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)	0,001-0,005	0	0,006	0		0	0,003	0	0		0		0,053	4x10*8 <3x10*8
Lactobacillus spp.**	0,004-0,02	0,005	0,072	0,086		0,208	0,117	0,147	0,188		0,263		0,225	<1x10*5 <1x10*5

Histaminbildende Mikrobiota

Clostridium spp.**	0,9-2,2	2,083	1,695	1,074		0,978	2,505	1,184	0,899		0,619			<4x10*6
Enterobacter spp.**	<0,007	0	0,017	0,018		0,003	0,004	0	0,077		0			
Hafnia alveii**	<0,001	0	0	0,002		0	0,004	0	0		0			
Klebsiella spp.**	<0,002	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			
Escherichia spp.** <	<0,3	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)	0,9-2,2	20,83	1,695	1,074		0,978	2,505	1,184	0,899		0,619		0,632	<1x10*5 4x10*6
Clostridium difficile**	<0,001	0,016	0	0,008		0	0,001	0	0,003		0		0,004	negativ negativ
Clostridium scindens**	>0,001	0	0	0		0	0	0	0		0		0	0

Sonstige Mikrobiota

Fusobacterium nucleatum**	<0,001	0	0	0		0	0	0	0		0		0	
Oxalobacter formigenes**	>0,001	0,326	0,028	0,023		0,022	0,09	0,034	0,115		0		0	
Anaerotruncus colihominis**	0,04-0,1	0,045	0,006	0,005		0,003	0,017	0,009	0,007		0,006		0,02	
Streptococcus spp.**	0,08-0,5	0,416	0,233	0,481		0,06	0,09	0,116	0,076		0,054		0,091	

Pilze

Candida spp.**	<0,005	0	0,006	0		0	0	0	0		0		0,087	0 0
Candida albicans**	<0,005	0	0	0		0	0	0	0		0		0	0 0
Geotrichum candidum**	<0,001	0	0	0		0	0	0	0		0		0,042	0 0
Saccharomyces cerevisiae**	<0,2	0	0,011	0		0	0	0	0		0		0,149	0 0
Schimmelpilze**	0	0	0	0		0	0	0	0		0		positiv	0 0

<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		3,2	4,4 3
Wassergehalt i. Stuhl**	68,5-82,7	68					76	74	72		78		81	71 77
Eiweiß i. Stuhl**	<1,5	1,5					1,2	1,2	1,3		1,1		1	1,4 1,1
Stärke i. Stuhl**	2,6-10,6	9					8	7,4	12,1		8,6		6,4	6,4 10

Zuckergehalt i. Stuhl**	<2,0	1,8				1,8	1,4	1		1,6		1,4	1,6	1,7
-------------------------	------	-----	--	--	--	-----	-----	---	--	-----	--	-----	-----	-----

Malabsorption / Entzündung / Leaky Gut:

Alpha-1-Antitrypsin i. Stuhl	<27,5	17,4				14,8	5,9	20,3		4,6		10,3	9,1	13,4
Zonulin (Stuhl) - geänderter Messbereich!	<60,1	73,4				920,7	25,2	<14		17,6		16,8	<14,0	14
Calprotectin i. Stuhl	<50	<19,5				<19,5	<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	>500	379,7
Gallensäuren i. Stuhl	0,46-9,96	6,8				1,24	0,56	0,67		0,32		negativ	negativ	negativ

Schleimhautimmunität:

Sekretorisches IgA i. Stuhl	510,00-2040	434,9				324,1	399,8	<277,5		344,1		333,1	353,6	277,5
-----------------------------	-------------	-------	--	--	--	-------	-------	--------	--	-------	--	-------	-------	-------

Mikrobiom-assoziierte Gesundheitsrisiken

					keine	keine								
Histaminintoleranz						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	
Nahrungsmittelunverträglichkeit													erhöht	
Psoriasis													erhöht	
Allergie / Asthma													erhöht	
SIBOS													erhöht	
Gastrointestinale Infektanfälligkeit													erhöht	
Morbus Alzheimer - Parkinson													erhöht	

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	-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, jedoch 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>