

Befund: 2203004579_CHMM
 Patient: Christine Testmann
 Geb.-Datum/Geschl.: 01.03.1975 / W
 Probeneingang: 18.03.2022 11:17
 Probenentnahme: keine Angaben

**IFM-INSTITUT FÜR
 MIKROÖKOLOGIE**
 DER Mikrobiomspezialist

DAKKS
 Deutsche
 Akkreditierungsstelle
 D-ML-13337-01-00

**MVZ Institut für
 Mikroökologie GmbH**
 Postfach 1765
 D-35727 Herborn
 Telefon: 02772 981-0
 Telefax: 02772 981-151
 E-Mail: info@mikrooek.de
 www.mikrooek.de

Arzthotline: ☎ 02772 981166

Mo. 09:30 - 12:00 Uhr	Dr. med. Victoria Rosenbach
14:30 - 17:30 Uhr	Dr. med. Peter Vill
Di. 09:30 - 12:00 Uhr	Petra Kolb-Kisselbach (Ärztin)
15:30 - 18:30 Uhr	Dr. med. Michael Schreiber
Mi. 11:30 - 14:30 Uhr	Dr. med. Rainer Schmidt
Do. 14:30 - 17:00 Uhr	Dr. med. Annette Salihiy
Fr. 09:30 - 12:00 Uhr	Dr. med. Rainer Schmidt
Sa. 10:00 - 13:00 Uhr	Dr. med. Thomas Ellwanger

Bitte beachten: Gespräche mit Patienten sind nicht möglich.

MVZ Institut für Mikroökologie GmbH - Postfach 1765 - D-35727 Herborn

Herrn
 Dr. med. Stefan Heilmann
 Auf den Lüppen 8
 35745 Herborn

Mikrobiota-Diagnostik

KyberBiom

Befund: 2203004579_CHMM

vom: 29.03.2022

Patient: Christine Testmann

geb. am: 01.03.1975



Immunmodulierende Mikrobiota



Die immunmodulierende Mikrobiota ist mitverantwortlich für ein schlagkräftiges Immunsystem und eine angemessene Immuntoleranz.



Protektive Mikrobiota



Die protektive Mikrobiota hält die Kolonisationsresistenz im Darm aufrecht und verhindert die Ansiedlung unerwünschter Erreger.



Mukonutritive Mikrobiota



Die mukonutritive Mikrobiota ernährt die Darmschleimhaut mit Buttersäure, fördert ihre Integrität und regt die Neubildung des intestinalen Mukus an.



Ballaststoffabbauende Mikrobiota



Die ballaststoffabbauende Mikrobiota unterstützt die mukonutritive Mikrobiota, indem sie lange Ballaststoffketten aufricht. Gleichzeitig regt sie andere Bakterienarten dazu an, Ballaststoffe abzubauen.



Neuroaktive Mikrobiota



Die neuroaktive Mikrobiota produziert γ -Aminobuttersäure (GABA), die über Rezeptoren im Darm auf die Darm-Hirn-Achse, das Immunsystem und das viszerale Schmerzempfinden wirkt.



Proteolytische Mikrobiota



Die proteolytische Mikrobiota baut Proteine ab und bildet zum Teil Stoffwechselprodukte, die die Verdauung stören und die Leber belasten.



Hefen/Schimmelpilze



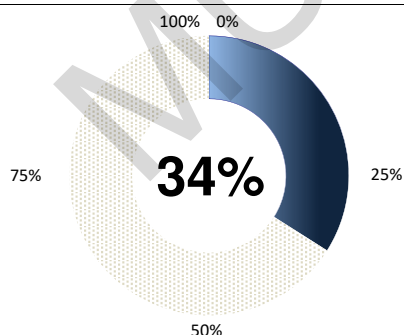
Hefen und Schimmelpilze können die Allergieneigung steigern und Verdauungsbeschwerden begünstigen, wenn sie in großen Zellzahlen vorkommen.



Gesamtkeimzahl



Die Gesamtkeimzahl gibt die Anzahl aller vorhandenen Bakterien im Stuhl an. Eine hohe Gesamtkeimzahl stabilisiert die Darmgesundheit.



Resilienz-Index

Der Resilienz-Index erfasst den ökologischen Zustand der Mikrobiota und damit ihre Fähigkeit, Störungen zu absorbieren. Ist der Index hoch, kann die Mikrobiota in Phasen der Veränderung wesentliche Strukturen und Funktionen aufrechterhalten. Bei einem niedrigen Resilienz-Index ist die Ökologie der Mikrobiota gestört und ungünstige Einflüsse können schnell zu klinischen Symptomen führen.



FODMAP-Typ



FODMAPs sind Zuckerarten und Polyole. Der FODMAP-Typ ist nur bei Vorliegen unklarer abdomineller Beschwerden/ Reizdarmbeschwerden von Bedeutung.

Mikrobiota-Diagnostik

Probenmaterial: Stuhl

Befund: 2203004579_CHMM

vom: 29.03.2022

KyberBiom

Patient: Christine Testmann

geb. am: 01.03.1975

	Resultat	Einheit	10 ²	10 ³	10 ⁴	10 ⁵	10 ⁶	10 ⁷	10 ⁸	10 ⁹	10 ¹⁰	10 ¹¹	10 ¹²	Bewertung	Vorbefund	vom:	Referenz-Bereich	Methode/Le-gende
Immunmodulierende Mikrobiota																		
Protektive Mikrobiota																		
Mukonutritive Mikrobiota																		
Ballaststoffabbauende Mikrobiota																		
Neuroaktive Mikrobiota																		
Proteolytische Mikrobiota																		
Hefen/Schimmelpilze																		
<i>Escherichia coli</i>	1x10 ⁷	KBE/g						●						✓ normal			>=1x10 ⁶	KUL
<i>Enterococcus spp.</i>	5x10 ⁵	KBE/g				↓								↓ leicht vermindert			>=1x10 ⁶	KUL
<i>Bacteroides spp.</i>	2x10 ⁸	Kopien/g							↓					↓ leicht vermindert			>=1x10 ⁹	PCR
<i>Bifidobacterium spp.</i>	9x10 ⁶	Kopien/g						↓						↓↓ deutlich vermindert			>=1x10 ⁸	PCR
<i>Lactobacillus spp.</i>	3x10 ⁵	KBE/g				●								✓ normal			>=1x10 ⁵	KUL
<i>H₂O₂-Lactobacillus</i>	<2x10 ⁴	KBE/g	↓											↓↓↓ stark vermindert			>=1x10 ⁵	KUL
<i>Faecalibacterium prausnitzii</i>	<1x10 ⁵	Kopien/g			↓									↓↓↓ stark vermindert			>=1x10 ⁹	PCR
<i>Akkermansia muciniphila</i>	1x10 ⁹	Kopien/g							●					✓ normal			>=1x10 ⁸	PCR
<i>Bifidobacterium adolescentis</i>	4x10 ⁵	Kopien/g				↓								↓ vermindert			>=1x10 ⁸	PCR
<i>Ruminococcus bromii</i>	1x10 ⁷	Kopien/g						↓						↓ vermindert			>=1x10 ⁸	PCR, *
<i>Bifidobacterium adolescentis</i>	4x10 ⁵	Kopien/g				↓								↓ vermindert			>=1x10 ⁸	PCR
<i>Lactobacillus plantarum</i>	N													nicht nachweisbar				PCR, *
<i>E. coli</i> Biovare	<1x10 ⁴	KBE/g		●										✓ normal			<1x10 ⁴	KUL
<i>Proteus spp.</i>	<1x10 ⁴	KBE/g		●										✓ normal			<1x10 ⁴	KUL
<i>Klebsiella spp.</i>	<1x10 ⁴	KBE/g		●										✓ normal			<1x10 ⁴	KUL
<i>Pseudomonas spp.</i>	<1x10 ⁴	KBE/g		●										✓ normal			<1x10 ⁴	KUL
<i>Enterobacter spp.</i>	<1x10 ⁴	KBE/g		●										✓ normal			<1x10 ⁴	KUL
<i>Citrobacter spp.</i>	<1x10 ⁴	KBE/g		●										✓ normal			<1x10 ⁴	KUL
<i>Clostridium spp.</i>	<1x10 ⁵	Kopien/g			●									✓ normal			<1x10 ⁵	PCR, 7)
Hefen	<5x10 ²	KBE/g	●											✓ normal			<=1x10 ³	KUL
Schimmelpilze	0		●											✓ normal			0	KUL, *
Gesamtkeimzahl	9x10 ¹⁰	Kopien/g											↓	leicht vermindert			>=1x10 ¹¹	PCR
Stuhl-Konsistenz														fest				
Stuhl-pH	7,5								↑					↑↑ deutlich erhöht			5,8 - 6,5	PH

Methoden-
Legende

KUL (kultureller Nachweis)

PCR (Polymerase Kettenreaktion)

PH (farbmetrisch mit Indikatorstäbchen)

● Referenzbereich

↑ erhöht

↓ vermindert

*nicht akkreditierter Parameter

7) Achtung: Methodenwechsel von Kultur auf PCR

Dieser Befund wurde elektronisch am 29.03.2022 um 09:44 durch Dr. med. Susanne Franck (Fachärztin für Laboratoriumsmedizin) freigegeben.

Befund:	2203004579_CHMM
Patient:	Christine Testmann
Geb.-Datum/Geschl.:	01.03.1975 / W
Probeneingang:	18.03.2022 11:17
Probenentnahme:	keine Angaben

Hotline für Ärzte: ☎ 02772 - 981166

Mo.	09:00 - 12:00 Uhr	Dr. med. Victoria Rosenbach
	14:30 - 18:00 Uhr	Dr. med. Peter Vill
Di.	09:00 - 12:00 Uhr	Petra Kolb-Kisselbach (Ärztin)
	15:30 - 19:00 Uhr	Dr. med. Michael Schreiber
Mi.	11:30 - 15:00 Uhr	Dr. med. Rainer Schmidt
Do.	14:30 - 17:30 Uhr	Dr. med. Annette Salihy
Fr.	09:00 - 12:00 Uhr	Dr. med. Rainer Schmidt
Sa.	09:30 - 13:00 Uhr	Dr. med. Thomas Ellwanger

Bitte beachten: Gespräche mit Patienten sind nicht möglich!

MVZ Institut für Mikroökologie GmbH - Postfach 1765 - D-35727 Herborn

Herrn
Dr. med. Stefan Heilmann
Auf den Luppen 8
35745 Herborn



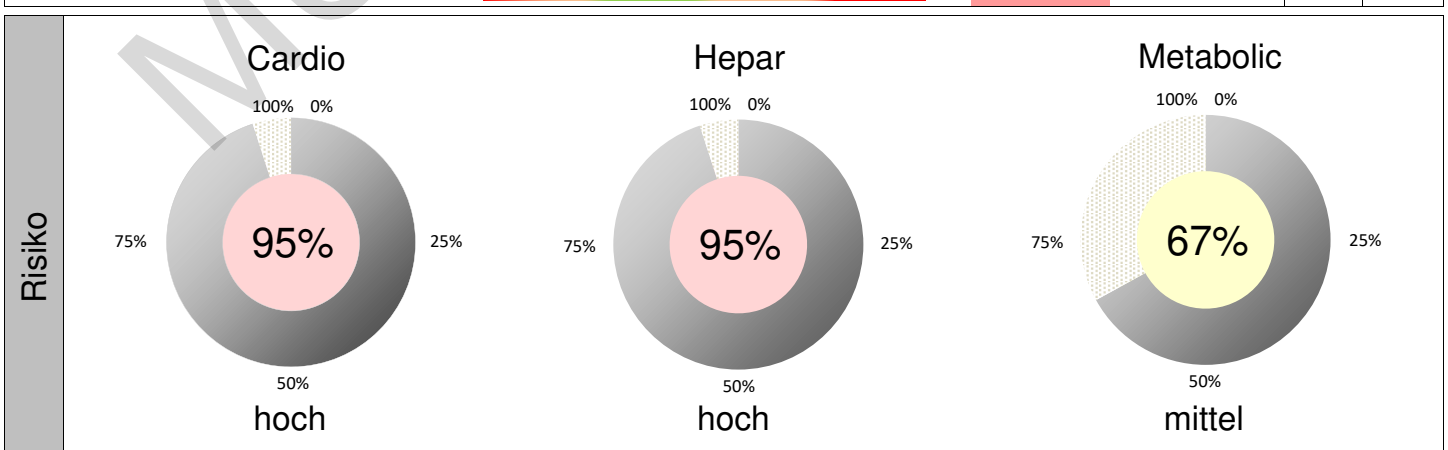
KyberBiom Erweiterung	Untersuchungsbefund	Herborn
CardioHeparMetabolic	Probenmaterial: Stuhl	29.03.2022

- kurzkettige Fettsäuren
- BCAA-Bildner
- LPS-tragende Mikrobiota
- H₂S-Bildner
- TMA-Bildner

	Resultat	Einheit		Bewertung	Vorbefund	vom:	Referenz-Bereich	Methode/Legende
Essigsäure	63,3	%		↑ erhöht			0-60	GC, 1)
Propionsäure	19,5	%		✓ normal			10-25	GC, 1)
Buttersäure	8,7	%		↓ vermindert			≥10	GC, 1)
Anteil Iso-Fettsäuren	6,54	%		↑ erhöht			≤5,6	GC, 1)

	Resultat	Einheit		Bewertung	Vorbefund	vom:	Referenz-Bereich	Methode/Legende
Prevotella copri	<1x10 ⁷	Kopien/g		✓ normal			<1x10 ⁷	PCR, *
LPS-tragende Mikrobiota	1x10 ⁷	KBE/g		↑ erhöht			<1x10 ⁷	KUL
Bilophila wadsworthia	1x10 ⁸	Kopien/g		↑ leicht erhöht			<1x10 ⁸	PCR, *
TMA-Bildner	P		nachgewiesen	↑ positiv				PCR, *

BMI 47 Jahre / 165 cm / 85 kg	31,2		↑ Übergewicht				22-27	, 2)
--------------------------------------	------	--	---------------	--	--	--	-------	------



Methode	GC (Gaschromatographie)	Legende	1) Anteil am Gesamtgehalt kurzkettiger Fettsäuren		Referenzbereich
	PCR (Polymerase Kettenreaktion)		2) Referenzbereich alters- und geschlechtsspezifisch		erhöht
	KUL (kultureller Nachweis)		*nicht akkreditierter Parameter		vermindert

Dieser Befund wurde elektronisch am 29.03.2022 um 09:44 durch Dr. med. Susanne Franck (Fachärztin für Laboratoriumsmedizin) freigegeben.

Ergebnisse der mikrobiologischen Stuhldiagnostik

Beurteilung des KyberBioms

Die Gesamtzellzahl aller kultivierbaren Mikroorganismen war vermindert.

Selbst bei ansonsten im Normbereich liegenden Zellzahlen der untersuchten Mikrobiota deutet dies auf eine Störung des gastrointestinalen Milieus hin. Die Kolonisationsresistenz gegenüber pathogenen Bakterien und Hefen ist nicht mehr gesichert.

Die **immunmodulierende Mikrobiota** ist vermindert. Ein Training des Immunsystems findet nur ungenügend statt. Weiterhin ist die **protektive Mikrobiota** stark vermindert, womit eine ausreichende Barrierefunktion nicht gesichert ist.

Die Befundkonstellation der **mukonutritiven Mikrobiota** lässt auf eine unzureichende Ernährung des Darmepithels schließen. Damit ist das Risiko für Störungen der Grenzfläche und die Entwicklung von entzündlichen Veränderungen der Schleimhaut erhöht. Die Stimulation der Mukusproduktion ist (noch) hinreichend vorhanden.

Die Befundkonstellation der **ballaststoffabbauenden Mikrobiota** lässt auf eine unzureichende Spaltungsfähigkeit von komplexeren Kohlenhydraten schließen.

Die Befundkonstellation der **neuroaktiven Mikrobiota** lässt ebenfalls auf eine unzureichende Produktion von GABA schließen. Bifidobacterium adolescentis und Lactobacillus plantarum sind Leitorganismen für die Bildung von GABA im Interstitium. Auf Grund unserer westlichen Ernährungsweise ist L. plantarum häufig nur noch unzureichend vorhanden.

Die **proteolytische Mikrobiota** liegt im Normbereich und **Hefen** sind nicht nachweisbar.

Schimmelpilze sind nicht gewachsen.

Der **pH-Wert** der Stuhlprobe ist deutlich erhöht. Dies deutet auf einen starken Proteinabbau hin. Hierbei können Stoffe (Indol, Skatol etc.) entstehen, die zu einer erheblichen Leberbelastung führen.

Der Resilienz-Index ist stark vermindert.

Dies deutet darauf hin, dass Störungen der Mikrobiota schon länger vorliegen, oder dass starke und/oder wiederholte Störeinflüsse wie z.B. Antibiotikagaben erfolgten.

Es wurde der FODMAP-Typ 1 nachgewiesen.

Der FODMAP-Typ ist nur bei Vorliegen unklarer abdomineller Beschwerden/ Reizdarmbeschwerden von Bedeutung. Für Patienten mit ausschließlich extraintestinaler Beschwerdesymptomatik ist eine an den FODMAP-Typ angepasste Ernährung nicht erforderlich.

Beurteilung der Mikrobiotaverhältnisse:

Es liegen uns leider keinerlei Angaben zu Diagnose(n) und Beschwerdebild vor.

Der Befund zeigt ganz erhebliche Veränderungen des von uns untersuchten bakteriellen Spektrums.

Es zeigt sich hier eine gestörte intestinale Ökologie und reduzierte immunologische Kompetenz des Mukosaimmunsystems.

Beurteilung des CardioHeparMetabolic

Kurzkettige Fettsäuren

Die Anteile der **Essigsäure** sowie der **Iso-Fettsäuren** sind erhöht, während der Anteil von **Propionsäure** im Normbereich liegt. Der Anteil der **Buttersäure** ist vermindert.

Zusammenfassende Beurteilung

Die gemessenen Werte bergen das Risiko für Verschlechterungen des Zucker- und Fettstoffwechsels sowie einer Zunahme des Körpergewichts. Des Weiteren ist die Energieversorgung des Darmepithels - und damit die Integrität der Schleimhautgrenzfläche - gefährdet. Zudem liegt eine intestinogene Leberbelastung vor.

Relevante Mikrobiota

Der Anteil der **LPS-tragenden Mikrobiota** ist ebenso erhöht wie der Anteil von **Bilophila wadsworthia**. **Prevotella copri** hingegen ist in normalen Zellzahlen vorhanden. Ferner konnten **TMA-bildende Bakterien** nachgewiesen werden.

Zusammenfassende Beurteilung

Es besteht ein erhöhtes Risiko einer Leberbelastung sowie der Entwicklung einer (prä-)diabetischen Stoffwechsellage. Darüber hinaus deuten die Messergebnisse auf ein erhöhtes intestinogenes Risiko für Arteriosklerose hin.

Body-Mass-Index

Der berechnete **Body-Mass-Index** ist erhöht.

Beurteilung

Es sind negative Auswirkungen auf Fett- und Zuckerstoffwechsel zu erwarten. Das Risiko für die Entstehung einer Fettleber ist erhöht.

Kontrolluntersuchung

Eine Kontrolluntersuchung des CardioHeparMetabolic ist frühestens 6 Monate nach Beginn der therapeutischen Maßnahmen bzw. Ernährungsumstellungen empfehlenswert.

Medizinischer Hintergrund zum KyberBiom



Immunmodulierende Mikrobiota

Die **immunmodulierende Mikrobiota** ist ständiger Trainingspartner des Immunsystems und mitverantwortlich für ein schlagkräftiges Immunsystem und eine angemessene Immuntoleranz. Zur immunmodulierenden Mikrobiota zählen apathogene E. coli und Enterococcus-Spezies.



Protektive Mikrobiota

Die **protektive Mikrobiota** hält die Kolonisationsresistenz im Darm aufrecht und verhindert die Ansiedlung unerwünschter Erreger. Zur protektiven Mikrobiota zählen Bacteroides-, Bifidobacterium- und Lactobacillus-Spezies. Insbesondere die Wasserstoffperoxid-produzierenden Laktobazillen hemmen das Wachstum potentiell pathogener Bakterien.



Mukonutritive Mikrobiota

Schlüsselorganismen der **mukonutritiven Mikrobiota** sind Akkermansia muciniphila und Faecalibacterium prausnitzii. Faecalibacterium prausnitzii ernährt die Darmschleimhaut mit Buttersäure und fördert ihre Integrität, Akkermansia muciniphila regt die Neubildung des intestinalen Mukus an.



Ballaststoffabbauende Mikrobiota

Die **ballaststoffabbauende Mikrobiota** unterstützt die mukonutritive Mikrobiota, indem sie lange Ballaststoffketten aufbricht und damit Nährstoffe für die Buttersäureproduktion zur Verfügung stellt. Gleichzeitig regt die ballaststoffabbauende Mikrobiota andere Bakterienarten an, komplexe Kohlenhydrate zu verwerten. Zur ballaststoffabbauenden Mikrobiota zählen Ruminococcus bromii und Bifidobacterium adolescentis.



Neuroaktive Mikrobiota

Die **neuroaktive Mikrobiota** produziert γ -Aminobuttersäure (GABA), einen wichtigen inhibitorischen Neurotransmitter im Zentralen Nervensystem. Enterale GABA wirkt über Rezeptoren im Darm auf die Darm-Hirn-Achse, das Immunsystem und das viszerale Schmerzempfinden. Bifidobacterium adolescentis und Lactobacillus plantarum sind Vertreter der neuroaktiven Mikrobiota.



Proteolytische Mikrobiota

Die **proteolytische Mikrobiota** baut Proteine ab und bildet dabei zum Teil Stoffwechselprodukte, die die Verdauung stören, die Leber belasten und karzinogen wirken. Beim Protein-Abbau können außerdem Gase entstehen, die Meteorismus verursachen. Zur proteolytischen Mikrobiota zählen vor allem die Bakteriengattungen der Enterobacteriaceae.



Hefen

Hefen und Schimmelpilze können die Allergieneigung steigern und Verdauungsbeschwerden hervorrufen, wenn sie in großen Zellzahlen vorkommen. Außerdem begünstigen sie vulvovaginale Candidosen.



Resilienz-Index

Der Resilienz-Index erfasst den ökologischen Zustand der Mikrobiota und damit die Fähigkeit, Störungen zu absorbieren. Ist der Index hoch, kann die Mikrobiota in Phasen der Veränderung wesentliche Strukturen und Funktionen aufrechterhalten. Bei einem niedrigen Resilienz-Index ist die Ökologie der Mikrobiota gestört und ungünstige Einflüsse können schnell zu klinischen Symptomen führen. Er setzt sich zusammen aus den einzelnen Bestandteilen des KyberBiom, die nach ihrer Bedeutung gewichtet werden.



FODMAP

FODMAPs sind Zuckerarten und Polyole, die Symptome eines Reizdarmsyndroms hervorrufen können.

Zu den FODMAPs zählen:

- **Fermentierbare Oligosaccharide** wie Galacto-Oligosaccharide, Stachyose und Raffinose
- **Disaccharide** wie Laktose
- **Monosaccharide** wie Fruktose und (and)
- **Polyole** wie Sorbit, Mannitol, Xylitol und Maltitol.

Im Darm wirken die unverdauten FODMAPs osmotisch und beschleunigen die Darmpassage. Beim mikrobiellen Abbau der FODMAPs entstehen Gase, die Flatulenzen und Schmerzen verursachen.

Ob FODMAPs Beschwerden auslösen, hängt von der Zusammensetzung der Mikrobiota ab. Sie lässt sich drei verschiedenen FODMAP-Typen zuordnen:

FODMAP Typ 1: Eine FODMAP-arme Ernährung bringt wahrscheinlich keine Linderung bei **Reizdarm bzw. abdominellen Beschwerden**.

FODMAP Typ 2: Eine FODMAP-arme Ernährung sollte bei **Reizdarm- bzw. abdominellen Beschwerden** versucht werden.

FODMAP Typ 3: Eine FODMAP-arme Ernährung ist zur Linderung der **Reizdarm- bzw. abdominellen Beschwerden** angezeigt.

Medizinischer Hintergrund zum CardioHeparMetabolic



Iso-Fettsäuren und kurzkettige Fettsäuren

Die Konzentration der **iso-Fettsäuren** zeigt an, wie stark die Darmbakterien Proteine abbauen und dabei Hepatotoxine wie Ammoniak, Indol, Skatol und Phenol bilden. Die iso-Fettsäuren werden als Nebenprodukte des Proteinabbaus mit dem Stuhl ausgeschieden.

Über die **kurzkettigen Fettsäuren** Essigsäure und Propionsäure greift die Darm-Mikrobiota in unseren Stoffwechsel ein. Die bakteriell gebildete Essigsäure steigert das Hungergefühl und regt die Gluconeogenese und die Liponeogenese an. Dies stellt dem Organismus zusätzliche Kalorien zur Verfügung. Die Propionsäure wirkt gegenläufig: Sie verstärkt das Sättigungsgefühl, senkt den Cholesterinspiegel und verbessert die Insulinsensitivität.

Die Buttersäure ist vor allem für das Darmepithel wichtig: Sie deckt zu 80 Prozent die Ernährung der Epithelzellen und gewährleistet so die Funktionsfähigkeit der Darmschleimhaut.



Bilophila wadsworthia

Das Darmbakterium **Bilophila wadsworthia** kann Schwefelwasserstoff (H₂S) produzieren, der in größeren Mengen Entzündungen der Darm-Schleimhaut befeuert. Außerdem erhöht Bilophila wadsworthia die Schleimhaut-Permeabilität und dysreguliert den Gallensäure-Stoffwechsel. Das verschobene Gallensäure-Spektrum verändert wiederum die Blutzuckerkontrolle und fördert die Entstehung einer Fettleber.



Prevotella copri

Das Bakterium **Prevotella copri** ist der Hauptproduzent der verzweigtkettigen Aminosäuren - kurz BCAAs - im Darm. Die verzweigtkettigen Aminosäuren fördern die Entwicklung einer Insulinresistenz und dienen ausdifferenzierten Adipozyten als Nährstoff- und Energiequelle.



LPS-tragende Mikrobiota

Bei der **LPS-tragenden Mikrobiota** handelt es sich um Gram-negative Bakterien, deren äußere Zellmembran Lipopolysaccharide (LPS) enthält. Lipopolysaccharide wirken als Endotoxine, wenn sie in den Körper eindringen. Sind die Zellzahlen der LPS-tragenden Mikrobiota im Darm hoch und ist die Darm-Schleimhaut gleichzeitig übermäßig durchlässig, gelangen vermehrt Lipopolysaccharide in die Lamina propria und in den Blutkreislauf. Eine bakterielle Endotoxinämie kann sich entwickeln, die eine Silent Inflammation nach sich zieht.



TMA-produzierende Bakterien

Bestimmte Darmbakterien produzieren Trimethylamin (TMA), das in den Körper aufgenommen und von den Leberenzymen rasch zu Trimethylamin-N-oxid (TMAO) oxidiert wird. Systemisches TMAO ist ein Schlüsselmolekül der Pathogenese kardiovaskulärer Erkrankungen: Es beeinflusst den Cholesterin- und Gallensäurestoffwechsel und treibt Entzündungen der Gefäßwand voran.

Mit freundlichen Grüßen

MVZ Institut für Mikroökologie GmbH

Dieser Befund wurde elektronisch am 29.03.2022 um 09:44 durch Dr. med. Susanne Franck (Fachärztin für Laboratoriumsmedizin) freigegeben.