



Darmmikrobiom auf DNA-Ebene untersuchen

Bacteria Microbiome 360° – Orientierung für Selbsthilfe und Forschung

Bei lang anhaltenden Darmbeschwerden bringen übliche Stuhltests oft keine klare Antwort, weil sie nur nach wenigen, vorher festgelegten Keimen suchen. Eine Shotgun-Metagenom-Untersuchung schaut breiter hin: Sie liest die DNA aus einer Stuhlprobe und zeigt, welche Mikroorganismen im Darm vorkommen.

Die vollständigen Daten lassen sich später neu auswerten. So kann aus einer einzelnen Untersuchung auch Wissen für die Forschung entstehen.

Stand: 30. September 2026 (erste Fassung: 18. September 2026)

Unabhängiges Informationsblatt: Kein Angebot des Vereins und keine Empfehlung für eine Behandlung. Aktuelle Pakete, Preise und Leistungsumfang bitte immer direkt beim Anbieter erfragen.

Inhalt

1. [Worum es geht und für wen](#)
2. [So läuft die Untersuchung ab](#)
3. [Was kann die Untersuchung bringen?](#)
4. [Vollständige Rohdaten \(FASTQ\): Warum sie interessant sind](#)
5. [Sequenziertiefe und tiefere Sequenzierung \(Deep-Option\)](#)
6. [Individuelle Forschungs- und Sonderanfragen](#)
7. [Grenzen und Datenschutz](#)

Worum es geht und für wen

Das Ziel

Die Untersuchung soll ein möglichst vollständiges Bild der Mikroorganismen im Darm liefern: Bakterien und andere Kleinstlebewesen, dazu mögliche Resistenzgene. Das kann helfen, lang anhaltende Beschwerden besser zu verstehen und gezieltere nächste Schritte mit der Ärztin oder dem Arzt zu besprechen.

Für wen das wichtig sein kann

- Für Menschen mit chronischen Darmbeschwerden, bei denen bisherige Untersuchungen keine Erklärung gebracht haben.
- Für alle, die Veränderungen über die Zeit verfolgen wollen, zum Beispiel vor und nach einer Behandlung.
- Für Selbsthilfegruppen und Forschende, die Daten vergleichen oder später neu auswerten möchten.

Wer so eine Untersuchung plant, steht vor vielen Fragen: Was wird genau gemessen? Welche Daten bekomme ich? Was kann ich damit später anfangen? Dieses Blatt fasst zusammen, was wir dazu im direkten Austausch mit dem Labor herausgefunden haben.

Nächste Seite: So läuft die Untersuchung ab.

So läuft die Untersuchung ab

1. Probe

Eine Stuhlprobe wird stabilisiert und an das Labor eingeschickt.

2. DNA

Die DNA aus dem Probenmaterial wird aufbereitet.

3. Sequenzierung

Viele DNA-Fragmente werden parallel gelesen. So entsteht ein breiter Sequenzdatensatz statt eines Tests auf nur wenige vorher festgelegte Organismen.

4. Auswertung

Die Sequenzdaten werden computergestützt ausgewertet (Bioinformatik). Je nach Paket können unter anderem Mikroorganismen, funktionelle Merkmale und Resistenzgene betrachtet werden.

Nächste Seite: Was kann die Untersuchung bringen?

Was kann die Untersuchung bringen?

Breiter als ein Einzeltest

Statt nur nach vorher festgelegten Organismen zu suchen, wird ein breiter DNA-Datensatz erzeugt. Das kann Unterschiede zwischen Proben oder verschiedenen Zeitpunkten sichtbar machen.

Resistenzgene mit betrachten

Im Bactera-Premiumbericht ist eine Auswertung von Resistenzgenen vorgesehen (Resistom-Analyse). Dabei werden nachgewiesene Resistenzgene und zugehörige Antibiotikaklassen ausgewiesen.

Mehrere Zeitpunkte vergleichen

Getrennte Proben aus verschiedenen Zeitpunkten können miteinander verglichen werden (longitudinale Untersuchung). Ob Unterschiede biologisch oder medizinisch relevant sind, muss jedoch gesondert beurteilt werden.

Nächste Seite: Vollständige Rohdaten und was man damit machen kann.

Vollständige Rohdaten (FASTQ): Warum sie interessant sind

Für das Premium-Paket wurde im direkten Austausch angegeben, dass vollständige ursprüngliche Rohdaten bereitgestellt werden können (FASTQ, R1/R2 bei Paired-End-Sequenzierung). Diese Dateien enthalten die gelesenen DNA-Sequenzen, aus denen der fertige Bericht berechnet wird.

Kurz gesagt: Mit den Rohdaten behält man nicht nur den fertigen Bericht, sondern auch das Ausgangsmaterial für spätere computergestützte Auswertungen (Bioinformatik).

Die Daten können später erneut oder unabhängig ausgewertet werden, zum Beispiel um:

- neuere oder andere Vergleichsdatenbanken zu verwenden (Referenzdatenbanken),
- bestimmte Bakterien, Pilze, Parasiten oder andere Organismen gezielter zu suchen,
- Resistenzgene oder Merkmale mit möglicher Bedeutung für krankmachende Eigenschaften zusätzlich zu untersuchen (Virulenzfaktoren),
- verschiedene Proben oder Zeitpunkte miteinander zu vergleichen,
- Ergebnisse mit einer unabhängigen zweiten Auswertung zu kontrollieren,
- neue Analyseverfahren später auf denselben Datensatz anzuwenden.

Ein einmal sequenzierter Datensatz kann dadurch auch später wissenschaftlich nutzbar bleiben.

Nächste Seite: Was Sequenziertiefe bedeutet und warum sie wichtig ist.

Sequenziertiefe und tiefere Sequenzierung (Deep-Option)

Was bedeutet Sequenziertiefe?

Vereinfacht gesagt beschreibt die Sequenziertiefe, wie viele DNA-Fragmente aus einer Probe gelesen werden. Mehr Sequenzdaten können die Chance erhöhen, auch seltener vorkommende Signale zu erfassen. Sie garantieren aber nicht, dass jeder seltene Organismus sicher gefunden wird.

Standard-Sequenziertiefe

Im direkten Mailaustausch vom 17. August 2026 wurden für die Standardsequenzierung ungefähr 10 Millionen gelesene DNA-Fragmente pro Probe genannt (Reads). Diese Angabe zeigt den damaligen technischen Stand; aktuelle Leistungsdaten bitte direkt beim Anbieter erfragen.

Individuelle tiefere Sequenzierung

Für spezielle Fragestellungen wurde in einem individuellen Angebot eine deutlich tiefere Sequenzierung mit ungefähr 25 Millionen Lesepaaren angeboten (Paired-End-Readpaare). Verfügbarkeit und Preis werden projektbezogen vereinbart und sollten nicht als allgemeiner Listenpreis verstanden werden.

Nächste Seite: Individuelle Forschungs- und Sonderanfragen.

Individuelle Forschungs- und Sonderanfragen

Für größere Probenserien, abweichende Sequenziertiefen oder besondere Forschungsfragen wurde die Möglichkeit individueller Angebote genannt.

Projektbezogen können insbesondere folgende Punkte abgestimmt werden:

- Anzahl der Proben,
- gewünschte Sequenziertiefe,
- Umfang der computergestützten Auswertung (Bioinformatik),
- Bedarf an vollständigen Rohdaten für eigene Analysen (FASTQ).

Diese Angaben beschreiben Möglichkeiten aus dem direkten Austausch. Aktuelle Verfügbarkeit, Leistungsumfang und Preis werden projektbezogen mit dem Anbieter abgestimmt.

Nächste Seite: Grenzen, Datenschutz und Anbieterhinweis.

Grenzen und Datenschutz

Mehr Daten bedeuten nicht automatisch eine Diagnose

Der Nachweis eines Organismus oder Gens zeigt nicht automatisch, dass er Beschwerden verursacht oder behandelt werden sollte. Dieses Infoblatt dient der Orientierung und ersetzt keine medizinische Diagnostik oder Beratung.

Die Sequenziertiefe setzt Grenzen

Rohdaten können nur enthalten, was bei der ursprünglichen Sequenzierung tatsächlich erfasst wurde. Sehr selten vorkommende Organismen können trotz späterer Neuauswertung unentdeckt bleiben, wenn die Sequenziertiefe dafür nicht ausreicht.

Rohdaten können sensible Informationen enthalten

Nach Auskunft im direkten Austausch können vollständige Rohdaten auch menschliche DNA-Sequenzen enthalten (humane Reads). Solche Dateien sollten deshalb geschützt gespeichert und übertragen werden.

Anbieter

Bactera – Microbiome 360°

Aktuelle Pakete, Preise, Leistungsumfang und Bestellung bitte immer direkt beim Anbieter nachsehen: [Bactera – aktuelle Informationen und Bestellung](#).

Ende des Infoblatts.