



Microbiote intestinal

Nom Prénom : TEST MICROBIOTE E1-PURE

Date de naissance : 00/00/0000

Date de prélèvement : 00/00/0000

Numéro de dossier : 2079697885

JC. AZOULAY	L. DRUART	M. HERVO	X. NAUDOT	L. RAYMOND
A. BARBRY	T. DURAND	L. JASSERAND	M. NOUCHY	O. ROUALDES
T. BENGUEY	A. EBEL	V. LE	A. OVIZE	C. SAULT
C. BOURDIN	D. ENGERAND	L. LEFLEM	G. PANTEIX	B. SCHUBERT
C. BOUZ	ME. FORAY	A. LIQUIER	L. PELLEGRINA	D. SCIORTINO
E. CART-TANNEUR	A. FORCE	A. MARCILLY	G. PERAZZA	A. SOARES
C. COIGNARD	B. GERARD	N. MEKNACHE	A. PETIT	L. STROMPF
N. COUPRIE	L. GUIIS	J. MORTREUX	I. PETIT	JM. VANDERNOTTE
H. DESSUANT	H. HAJJI	ME. NAUD	B. QUILICHINI	X. VANHOYE

AUTORISATIONS : Activités de diagnostic prénatal ; analyses de cytogénétique, y compris moléculaire ; analyses de génétique moléculaire ; analyses en vue du diagnostic des maladies infectieuses y compris de biologie moléculaire ; analyses de biochimie y compris les analyses portant sur les marqueurs sériques maternels ; Examens des caractéristiques génétiques d'une personne ou de son identification par empreintes génétiques ; Activité biologique d'assistance médicale à la procréation ; Autorisation de détention et/ou d'utilisation de sources de rayonnements ionisants à des fins de médecine nucléaire.

Rapport d'analyse du microbiote intestinal

Contexte général :

Le microbiote intestinal bactérien est le terme utilisé pour décrire l'ensemble des bactéries qui cohabitent au sein du système digestif (principalement l'intestin grêle et le côlon). Parmi les différents microbiotes du corps humain (cutané, vaginal, entre autres), le microbiote intestinal est le **microbiote le plus abondant**, présentant plus de 100 000 milliards de bactéries.

Une relation bénéfique à chacun, appelée relation de commensalisme, entre ces bactéries et le corps humain a été décrite. De nombreuses études ont démontré l'importance des bactéries intestinales pour la dégradation des polysaccharides, la production d'acides gras à chaînes courtes et de vitamines, le maintien de la barrière intestinale ou encore la mise en place et la régulation du système immunitaire.

L'identification des bactéries du microbiote intestinal et leur quantification relative permet d'étudier la biodiversité du microbiote intestinal. L'**eubiose** définit un état d'équilibre où cohabitent un microbiote favorable et un hôte en bonne santé, par opposition à la **dysbiose** qui décrit un état de déséquilibre de ce microbiote. Le microbiote eubiotique n'est pas universel, ce qui explique la grande variabilité du microbiote intestinal.

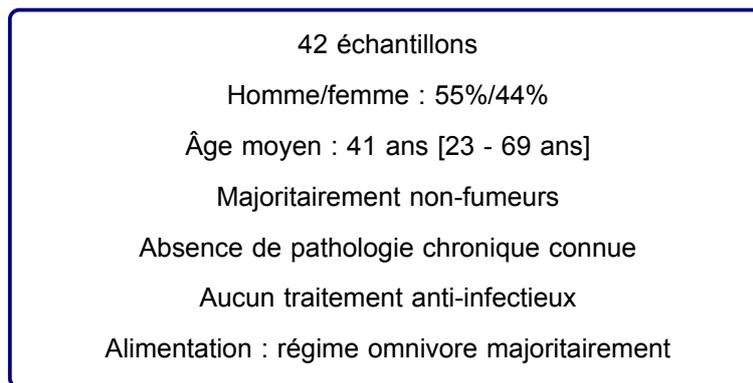
L'état d'équilibre du microbiote intestinal **peut être affecté par de nombreux facteurs environnementaux**, la prise de médicaments dont notamment d'antibiotiques, et peuvent engendrer des perturbations physiologiques. La dysbiose peut être caractérisée par trois types de profils : une diminution de la diversité globale du microbiote, une augmentation des **pathobiontes**, c'est-à-dire des bactéries produisant des constituants potentiellement néfastes, ou encore une perte des **symbiontes**, c'est à dire des bactéries bénéfiques pour l'organisme.

Méthode d'analyse :

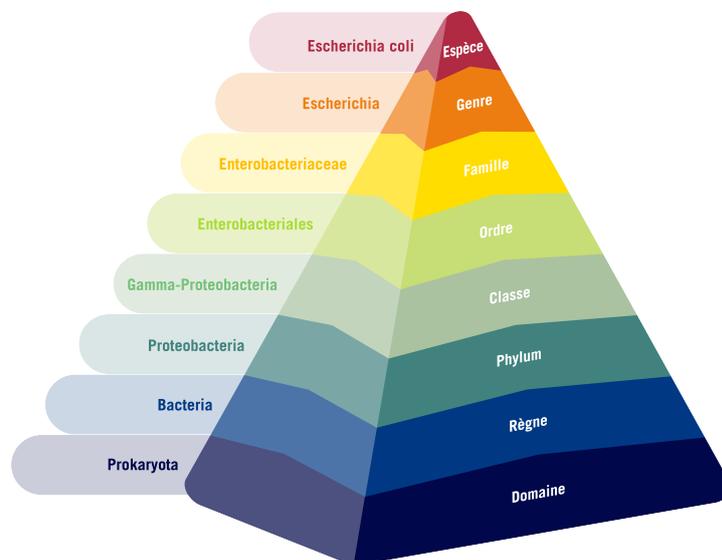
L'analyse du microbiote intestinal a été réalisée par **métagénomique 16S** ciblant la région V3-V4 du gène codant pour l'ARN ribosomique 16S des bactéries à partir d'un échantillon de selles. Le séquençage a été effectué par technologie Illumina (Next Generation Sequencing, séquenceur plateforme MiSeq).

Les résultats obtenus, après traitement bio-informatique des données de séquençage, ont été comparés à une **population dite de référence constituée de 42 échantillons de selles** provenant de sujets sans pathologie chronique ni exposés à des facteurs extrinsèques pouvant impacter la composition et l'équilibre du microbiote intestinal. Il s'agit de la cohorte de référence. Les populations bactériennes sont classées selon une **taxonomie** dont les différents embranchements sont décrits dans la figure ci-dessous.

Cohorte (population de référence)



Taxonomie bactérienne (exemple de l'espèce *Escherichia coli*)



Résultats de l'analyse

333 047 séquences obtenues
à partir de l'échantillon

78,51%
de séquences bactériennes

Autres séquences : les séquences non analysées peuvent correspondre à des séquences d'origine humaine ou des séquences bactériennes de qualité insuffisante. Echantillon conforme aux critères techniques et biologiques définis pour être analysé.

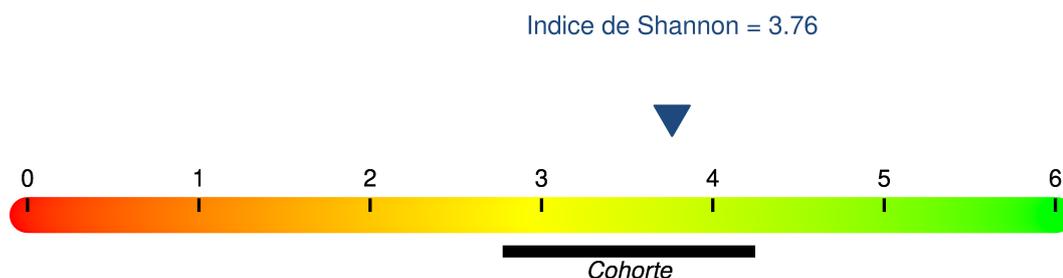
I. Diversité du microbiote

L'étude de la diversité permet de définir l'état d'eubiose (équilibre) ou de dysbiose (déséquilibre) du microbiote intestinal. La diversité du microbiote prend en considération la richesse de l'échantillon, c'est-à-dire le nombre d'espèces identifiées ainsi que leurs abondances relatives.

Indice de Shannon (ou mesure de l' α -diversité) :

L'indice de Shannon permet de caractériser plus précisément la diversité de l'échantillon en prenant en compte l'abondance relative de chaque espèce identifiée ; c'est-à-dire le nombre d'espèces présentes dans l'échantillon et leur proportion respective. Il s'agit d'un indice intrinsèque à chaque échantillon. Plus l'indice de Shannon est grand, plus la diversité taxonomique du microbiote est importante.

Si l'indice de Shannon déterminé pour l'échantillon de selles analysé est compris dans l'intervalle de celui de la cohorte ou est supérieur à cet intervalle : la diversité est jugée comparable à celle de la cohorte de référence. Dans le cas contraire (indice de Shannon de l'échantillon inférieur à celui déterminé pour la cohorte), la diversité du microbiote est faible.



Le microbiote du patient a un indice de Shannon similaire à celui de la cohorte

II. Détermination de l'entérotipe

Trois profils de communautés microbiennes ou entérotypes ont été décrits. Ils sont déterminés par la prédominance des différents genres bactériens :

- Prédominance du genre *Bacteroides* pour l'entérotipe 1,
- Prédominance du genre *Prevotella* pour l'entérotipe 2,
- Prédominance du genre *Ruminococcus* pour l'entérotipe 3.

Chaque individu héberge une **composition bactérienne intestinale particulière** ou entérotipe.

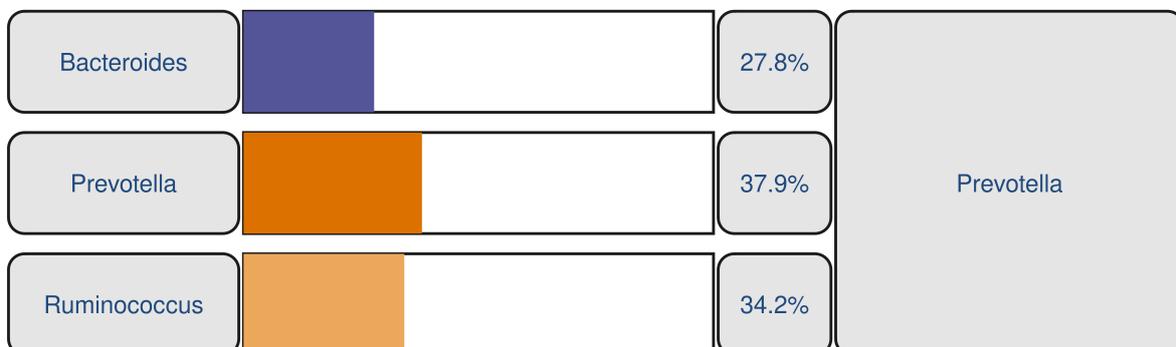
L'entérotipe 1 est dominé par le genre *Bacteroides* dont l'énergie provient principalement de la fermentation des sucres. Ce genre est riche en gènes codant pour la synthèse de la biotine (ou vitamine B8). La biotine joue un rôle essentiel dans la production d'énergie à partir des nutriments ainsi que dans la synthèse des acides gras et des acides aminés.

L'entérotipe 2 est dominé par le genre *Prevotella*. Ce genre est riche en gènes codant pour la synthèse de la thiamine (ou vitamine B1). La thiamine est nécessaire au métabolisme des glucides, des protéines et des lipides et aux fonctions nerveuses et cardiaques.

L'entérotipe 3 est dominé par le genre *Ruminococcus* riche en gènes codant pour l'hème indispensable au transport de l'oxygène dans le sang. *Ruminococcus* est capable également de dégrader les mucines, favorisant ainsi l'absorption des aliments par le tube digestif.

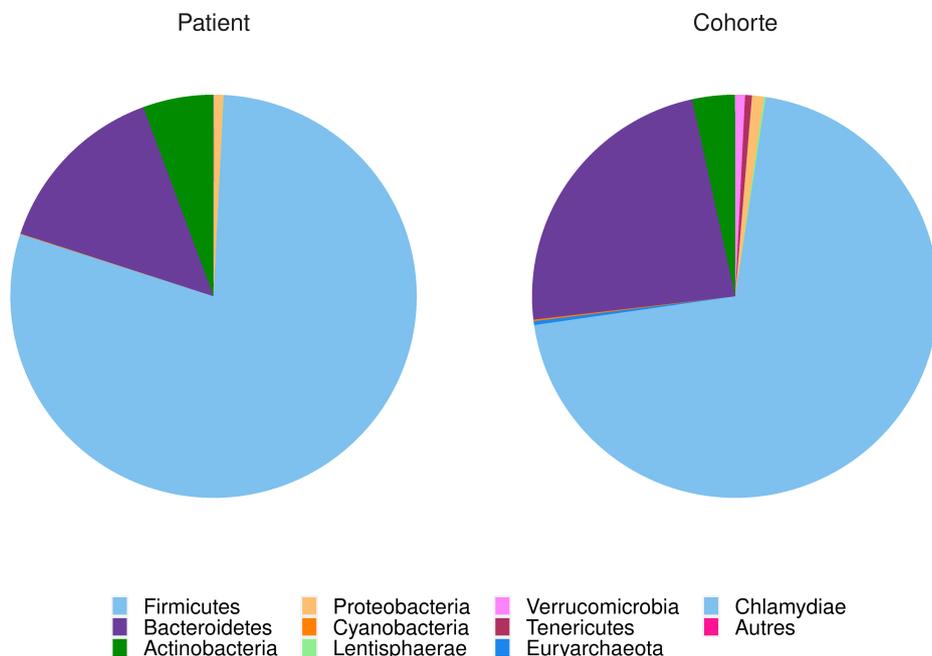
Un régime riche en graisses et protéines animales conduirait aux entérotypes 1 et 3, tandis qu'un régime riche en fibres (régime alimentaire de type végétarien) à un entérotipe 2.

L'entérotipe majoritairement identifié dans la cohorte de référence est l'entérotipe 1.



III. Etude des phyla

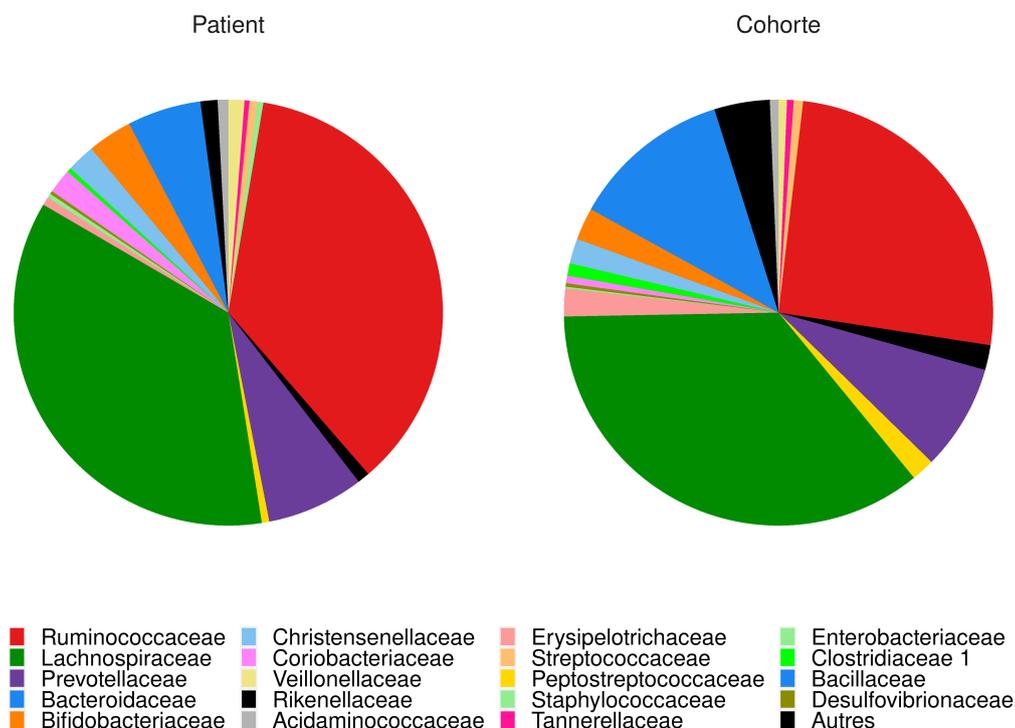
L'analyse des phyla donne une représentation globale des populations bactériennes présentes au sein du microbiote. Une estimation de l'abondance relative des phyla bactériens majoritairement retrouvés dans l'échantillon de selles a été réalisée et comparée aux données obtenues pour la cohorte de référence. Les deux phyla majoritaires sont habituellement le phylum des *Firmicutes* et le phylum des *Bacteroidetes*.



Phylum	Patient (%)	Cohorte (%)	Tendance
<i>Firmicutes</i>	79.19	[52.5 - 88.86]	→
<i>Bacteroidetes</i>	14.34	[5.52 - 43.91]	→
<i>Actinobacteria</i>	5.61	[0.28 - 12.11]	→
<i>Proteobacteria</i>	0.74	[0.03 - 2.48]	→
<i>Cyanobacteria</i>	0.05	[0 - 1.01]	→
<i>Lentisphaerae</i>	0.03	[0 - 0.72]	→
<i>Verrucomicrobia</i>	0.02	[0 - 8.52]	→
<i>Tenericutes</i>	0.01	[0 - 4.05]	→
<i>Euryarchaeota</i>	0.00	[0 - 3.19]	→
<i>Chlamydiae</i>	0.00	[0 - 0.00]	→

IV. Etude des familles bactériennes

L'identification des familles bactériennes les plus abondantes renseigne plus précisément sur les communautés présentes dans l'échantillon. Une estimation de l'abondance relative des familles bactériennes majoritairement retrouvées dans l'échantillon de selles a été réalisée et comparée aux données obtenues pour la cohorte de référence.



Familles	Patient (%)	Cohorte (%)	Tendance
<i>Ruminococcaceae</i>	36.05	[13.18 - 37.91]	→
<i>Lachnospiraceae</i>	35.96	[13.22 - 61.03]	→
<i>Prevotellaceae</i>	7.34	[0 - 41.56]	→
<i>Bacteroidaceae</i>	5.27	[0.98 - 28.6]	→
<i>Bifidobacteriaceae</i>	3.37	[0 - 11.79]	→
<i>Christensenellaceae</i>	2.14	[0 - 7.61]	→
<i>Coriobacteriaceae</i>	1.87	[0 - 1.5]	↗
<i>Veillonellaceae</i>	1.21	[0 - 2.88]	→
<i>Rikenellaceae</i>	0.92	[0.2 - 5.44]	→
<i>Acidaminococcaceae</i>	0.80	[0 - 2.82]	→
<i>Erysipelotrichaceae</i>	0.63	[0.4 - 13.48]	→
<i>Streptococcaceae</i>	0.61	[0 - 4.7]	→
<i>Peptostreptococcaceae</i>	0.56	[0.05 - 5.6]	→
<i>Staphylococcaceae</i>	0.43	[0 - 0.06]	↗
<i>Tannerellaceae</i>	0.38	[0 - 2.41]	→
<i>Enterobacteriaceae</i>	0.33	[0 - 1.44]	→
<i>Clostridiaceae 1</i>	0.32	[0 - 4.98]	→
<i>Bacillaceae</i>	0.29	[0 - 0.34]	→
<i>Desulfovibrionaceae</i>	0.23	[0 - 0.87]	→

V. Bactéries d'intérêt

L'analyse de dix bactéries d'intérêt a été réalisée et comparée aux données obtenues pour la cohorte de référence.

Bactéries	Patient (%)	Cohorte (%)	Tendance
<i>Akkermansia</i> ¹	0.00	[0 - 8.52]	→
<i>Bacteroides</i> ²	5.27	[0.97 - 28.58]	→
<i>Bifidobacterium</i> ³	3.37	[0 - 11.68]	→
<i>Clostridium</i> ⁴	0.32	[0 - 4.97]	→
<i>Enterobacteriales</i> ⁵	0.33	[0 - 1.43]	→
<i>Eubacterium</i> ⁶	0.00	[0 - 0]	→
<i>Faecalibacterium</i> ⁷	10.10	[1.45 - 15.57]	→
<i>Lactobacillus</i> ⁸	0.02	[0 - 2.72]	→
<i>Prevotella</i> ⁹	7.18	[0 - 39.54]	→
<i>Ruminococcus</i> ¹⁰	6.48	[0 - 13.76]	→

Les bactéries bénéfiques apparaissent en vert et les bactéries moins favorables en orange.

***Akkermansia*¹** : bactéries capables de dégrader la mucine. La mucine est un constituant majoritaire des mucus tapissant les muqueuses y compris digestives. La mucine joue un rôle majeur dans l'implantation de la flore intestinale et dans la réponse immunitaire. La présence d'*Akkermansia* dans le microbiote intestinal est généralement associée à un microbiote sain tandis que son abondance est réduite chez les patients obèses.

***Bacteroides*²** : genre anaérobie prédominant retrouvé au sein de l'intestin. La majorité des espèces constituant le genre *Bacteroides* sont des populations commensales qui dégradent les polysaccharides complexes et produisent des métabolites (butyrate et propionate), sources d'énergie pour notre organisme. La prépondérance de ce genre définit l'entérotipe 1.

***Bifidobacterium*³** : les bactéries lactiques sont des bactéries capables de fermenter les sucres en acide lactique. Il s'agit d'un métabolite intermédiaire, source d'acides gras à chaîne courte. Les acides gras à chaîne courte jouent un rôle dans le bon fonctionnement du système immunitaire, aident à réguler l'acidité de l'intestin ou à prévenir des états inflammatoires.

***Clostridium*⁴** : bactéries qui appartiennent au phylum des *Firmicutes*. Ce genre bactérien pourrait intervenir dans l'induction de lymphocytes T. La technique d'analyse du microbiote intestinal ne permet pas d'établir le diagnostic d'une infection à *Clostridium difficile*.

***Enterobacteriales*⁵** : l'ordre des *Enterobacterales* inclut des populations bactériennes potentiellement pathogènes et/ou pro-inflammatoires pour l'Homme. La technique utilisée ne permet pas de discriminer les différents familles/genres de l'ordre des *Enterobacterales*.

***Eubacterium*⁶ et *Faecalibacterium*⁷** : bactéries productrices de butyrate. Le butyrate est souvent associé à un effet bénéfique dans les maladies inflammatoires de l'intestin.

***Lactobacillus*⁸** : les bactéries lactiques sont des bactéries capables de fermenter les sucres en acide lactique. Il s'agit d'un métabolite intermédiaire, source d'acides gras à chaîne courte.

***Prevotella*⁹** : les bactéries appartenant au genre *Prevotella* sont communément retrouvées dans le tractus digestif de l'Homme. La prépondérance de ce genre définit l'entérotipe 2.

***Ruminococcus*¹⁰** : les bactéries du genre *Ruminococcus* sont communément retrouvées dans le tractus digestif de l'Homme dont de nombreuses espèces sont impliquées dans la digestion des aliments. La prépondérance de ce genre définit l'entérotipe 3.

Synthèse des principaux résultats

Indice de Shannon (α -diversité) : 3,76

Entérotype : *Prevotella*

Phyla majoritaires :

- *Firmicutes* (79,19%)
- *Bacteroidetes* (14,34%)

Bactéries d'intérêt majoritaires :

- *Faecalibacterium* (10,1%)
- *Prevotella* (7,18%)
- *Ruminococcus* (6,48%)

Votre microbiote intestinal présente un profil similaire à la cohorte de référence : eubiose sans anomalie particulière notable (valeur de diversité, abondances relatives des phyla bactériens et des bactéries d'intérêt comparables à celles obtenues pour la cohorte de référence). A confronter au reste du bilan biologique et au contexte clinique.

Les résultats figurant dans ce rapport doivent être interprétés en tenant compte des connaissances actuelles sur le microbiote intestinal.

Certaines bactéries détectées ne sont pas considérées comme des agents pathogènes stricts ou opportunistes, mais leur présence a été rapportée car elles peuvent représenter un intérêt pour l'interprétation de l'état général de votre microbiote. La détection de pathogènes gastro-intestinaux spécifiques par ce test n'a pas de valeur diagnostique. De même, l'absence de détection de ces pathogènes n'exclut pas leur présence ou le diagnostic d'une pathologie infectieuse gastro-intestinale.

Les résultats de ce rapport nécessitent d'être interprétés par un médecin ou un professionnel de santé.

Ce rapport doit être interprété en tenant compte de l'état clinico-physiopathologique du patient et des autres examens cliniques et biologiques réalisés. Les données doivent être interprétées avec précaution par le professionnel de santé.

Biologistes médicaux : Dr Anaïs Soares (infectiologie) ; Dr Xavier Vanhoye (séquençage) ; Dr Emmanuelle Cart-Tanneur (biologie préventive).
Contact : contact@juvenalis.com