



iBioteTM

ANALYSE DU MICROBIOTE PAR MÉTAGÉNOMIQUE

Dossier Modele
NOM PRENOM

Date de prélèvement : 01/04/2019

Rapport patient

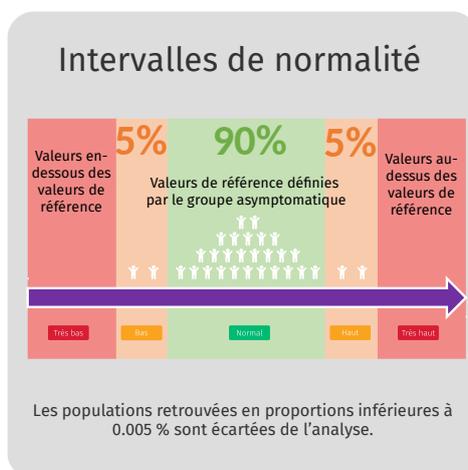
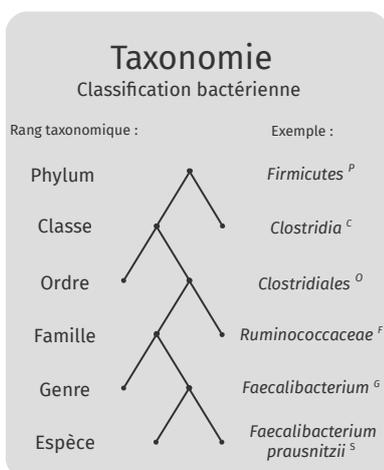
LABORATOIRE EUROPEEN
1 rue Melchior Guinot,
13003 Marseille
04 13 42 81 00 – contact@ibiote.com
N° d'autorisation : 130042252

Avant-Propos

Le **microbiote** représente l'ensemble des micro-organismes vivants qui évoluent dans un environnement spécifique. Parmi les microbiotes humains, le microbiote intestinal est le mieux caractérisé à ce jour. Notre intestin abrite des centaines d'espèces bactériennes différentes formant une communauté vivant en symbiose avec notre organisme. Ces bactéries sont nécessaires à l'équilibre et au bon fonctionnement de l'intestin et contribuent à la digestion de nombreuses substances alimentaires, à la synthèse de vitamines et acides aminés essentiels, ainsi qu'à l'éducation/maturation de notre système immunitaire. Des perturbations du microbiote ont été associées à des pathologies telles que les maladies métaboliques, les colopathies fonctionnelles, les maladies inflammatoires de l'intestin, certains cancers et maladies auto-immunes.

Le **test iBiote** est basé sur une analyse métagénomique d'échantillons de selles. Cette méthode d'étude du microbiote repose sur l'analyse de l'ADN contenu dans l'échantillon. Un gène marqueur est étudié par séquençage haut débit et traitement bioinformatique des données obtenues. Dans un premier temps, les séquences d'ADN obtenues sont analysées afin d'obtenir la composition du microbiote, à savoir les populations présentes dans le milieu et leur abondance relative. Dans un deuxième temps, les séquences d'ADN sont comparées aux valeurs mesurées dans une population constituée de 100 témoins asymptomatiques (**population de référence**), et réparties suivant des **intervalles de normalité**. Les populations bactériennes sont classées selon une **taxonomie** avec différents embranchements depuis le phylum jusqu'à l'espèce. L'interprétation des données issues de cette analyse cible les bactéries ayant un intérêt biomédical avéré, et permet ainsi de caractériser le microbiote et de l'utiliser à des fins médicales dans la limite des connaissances actuelles.

L'ensemble des étapes nécessaires à l'étude du microbiote (allant du prélèvement à l'analyse bioinformatique) a fait l'objet de **nombreux travaux de standardisation** afin d'assurer la fiabilité et reproductibilité des résultats.

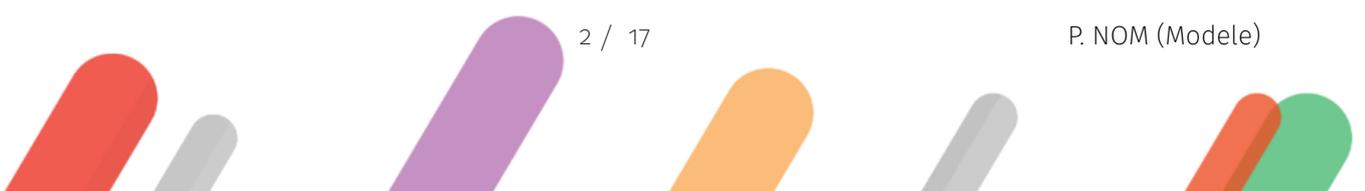


- ### Population de référence
- utilisée pour l'évaluation des déséquilibres
- 
- 100 témoins asymptomatiques
 - Hommes et femmes
 - Non-fumeurs
 - De 20 à 65 ans
 - Aucune pathologie chronique diagnostiquée
 - Aucun trouble digestif
 - Aucun traitement récent



Table des matières

Avant-Propos	1
Informations sur le patient	3
Synthèse du profil	4
Resultats d'analyse	5
Les phyla majoritaires	5
Entérotypes	6
Biodiversité	7
Bactéries d'intérêt et pathogènes	7
Bactéries pathogènes strictes	7
Bactéries d'intérêt et pathogènes opportunistes	7
Bactéries et fonctions	9
Bactéries productrices de lactate	9
Bactéries productrices de butyrate	10
Bactéries productrices d'autres acides gras à chaîne courte	11
Bactéries qui dégradent la mucine	11
Bactéries probiotiques	12
Interprétation du profil microbiotique	13
Méthodes et limitations	17

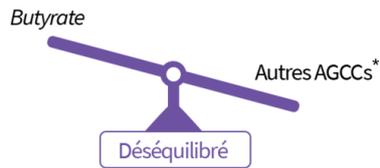


Synthèse du profil

Probiotiques

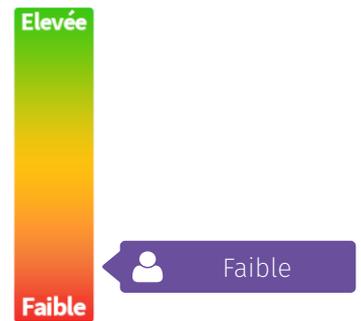


Bactéries productrices de



* acides gras à chaîne courte

Biodiversité



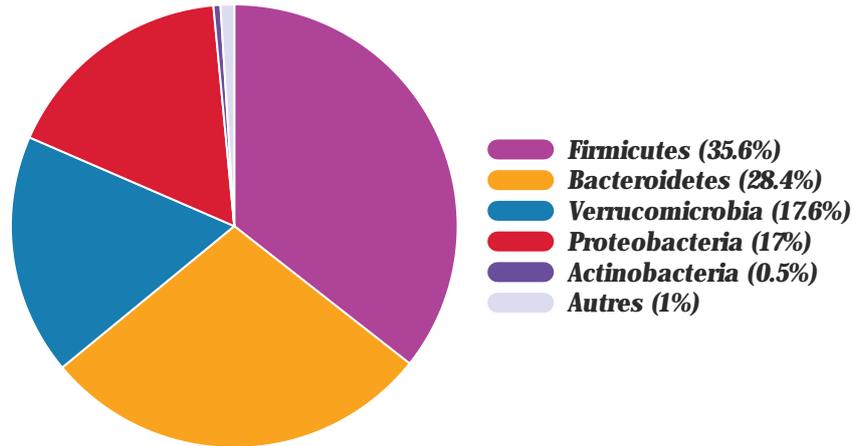
Déséquilibres notables

- **Phyla majoritaires** en proportions anormales par rapport au groupe de témoins asymptomatiques : *Firmicutes* ↘, *Verrucomicrobia* ↗, *Proteobacteria* ↗, *Actinobacteria* ↘, *Synergistetes* ↗, *Fusobacteria* ↗ (cf p. 5).
- La **somme des deux phyla majoritaires** (*Firmicutes* et *Bacteroidetes*) est plus basse que la moyenne observée dans le groupe asymptotique (cf p. 5).
- Le **ratio *Firmicutes/Bacteroidetes*** est normal (cf p. 5).
- La **biodiversité** observée est faible (cf p. 7).
- **Bactéries d'intérêt et/ou pathogènes** en proportions anormales par rapport au groupe de témoins asymptomatiques : *Akkermansia muciniphila* ↗, *Clostridium* ↗, *Clostridium perfringens* ↗, *Bacteroides fragilis* ↗, *Enterobacteriaceae* ↗, *Fusobacterium* ↗, *Veillonella* ↗, *Bifidobacterium* ↘, *Ruminococcus albus* ↘ (cf p. REF :patho_strictes).
- **Bactéries productrices de lactate** en proportions normales (cf p. 9).
- **Bactéries productrices de butyrate** en proportions faibles (cf p. 10).
- **Bactéries productrices d'autres acides gras à chaîne courte** en proportions normales (cf p. 11).
- **Bactéries dégradant la mucine** en proportions normales (cf p. 11).
- **Bactéries probiotiques** en proportions normales (cf p. 12).

Resultats d'analyse

Les phyla majoritaires

La classification des espèces vivantes connues englobe le règne animal, végétal, les bactéries et fungi (champignons). Un phylum (ou phyla au pluriel) également appelé embranchement constitue le premier niveau de classification de chaque règne. Les phyla présentés dans cette section correspondent à la classification bactérienne.



Bactérie	Résultats du patient (%)	Intervalle de référence	Statut
<i>Firmicutes</i> ^P	35.64	46.91 - 78.72	Très bas
<i>Bacteroidetes</i> ^P	28.35	13.07 - 43.4	Normal
<i>Verrucomicrobia</i> ^P	17.56	0 - 8.4	Très haut
<i>Proteobacteria</i> ^P	16.96	0.89 - 7.01	Très haut
<i>Actinobacteria</i> ^P	0.51	0.64 - 8.67	Bas
<i>Synergistetes</i> ^P	0.50	0 - 0.32	Haut
<i>Fusobacteria</i> ^P	0.45	0 - 0.02	Haut
<i>Lentisphaerae</i> ^P	0.04	0 - 0.69	Normal

Interprétation du profil microbiotique



Marqueurs et populations bactériennes dans les intervalles de référence

- Le ratio *Firmicutes/Bacteroidetes* est normal.
- Bactéries productrices de lactate en proportions normales.
- Bactéries productrices d'autres acides gras à chaîne courte en proportions normales.
- Bactéries dégradant la mucine en proportions normales.
- Bactéries probiotiques en proportions normales.



Marqueurs et populations bactériennes en dehors des intervalles de référence

A savoir : Un déséquilibre isolé ne permet pas d'affirmer la présence et/ou le risque de symptômes ou pathologies. Il est généralement nécessaire d'avoir plusieurs populations déséquilibrées pour définir une condition particulière ou un risque de symptômes associés.

Phyla majoritaires :

Présence de phyla en proportions anormales par rapport au groupe de témoins asymptomatiques :

- **Firmicutes** ↘ : Les *Firmicutes* constituent le phylum prédominant du microbiote intestinal humain. Ils sont impliqués dans plusieurs fonctions telles que la digestion des graisses et la production d'AGCCs (acides gras à chaîne courte), principalement le butyrate qui est considéré comme source d'énergie pour l'hôte possédant des propriétés anti-inflammatoires. L'altération de ce phylum est retrouvée dans certaines pathologies inflammatoires digestives.
- **Verrucomicrobia** ↗ : Les *Verrucomicrobia* constituent un phylum minoritaire dans le microbiote intestinal humain et ne contient pas de pathogènes connus. Le genre le plus souvent retrouvé est *Akkermansia* qui est considéré comme un bio-marqueur de bonne santé et est bénéfique pour l'homme.
- **Proteobacteria** ↗ : Les *Proteobacteria* font partie des phyla les plus abondants du microbiote digestif. Bien que de nombreuses *Proteobacteria* sont retrouvées naturellement dans le tractus digestif de l'homme, ce phylum comporte malgré tout de nombreux pathogènes et genres bactériens riches en LPS (Lipopolysaccharide), substance pro-inflammatoire.
- **Actinobacteria** ↘ : Les *Actinobacteria* constituent un des phyla le plus souvent retrouvés dans le microbiote digestif de l'homme. Certaines *Actinobacteria* sont dites commensales et bénéfiques pour l'homme incluant notamment les *Bifidobacterium*. Les *Actinobacteria* semblent participer à la modulation de la perméabilité intestinale, du système immunitaire, du métabolisme (synthèse d'acide gras à chaîne courte, en particulier l'acétate) et de l'axe intestin-cerveau.

Méthodes et limitations

La **métagénomique** est une méthode d'étude du microbiote permettant l'étude des génomes des différentes populations de micro-organismes vivants dans un milieu donné. Dans le cadre de l'analyse iBiote, l'ADN bactérien est extrait de l'échantillon et amplifié en ciblant un gène marqueur, puis séquencé à l'aide d'un séquenceur haut-débit MiSeq (Illumina). Un minimum de 30000 séquences générées est nécessaire pour valider le séquençage d'un échantillon.

Les bactéries sont identifiées selon la taxonomie officielle du *National Center for Biotechnology Information* (NCBI), en comparant les séquences obtenues à une base de données de plus de 20 000 références. La technique utilisée ici ne permet pas d'explorer toutes les bactéries jusqu'au rang de l'espèce. Les populations identifiées sont définies au rang taxonomique le plus fiable afin d'optimiser la précision des résultats. Les métagénomiques virales et fongiques ne sont pas ciblées par notre technique.

Le rapport détaille l'abondance relative d'organismes ayant un intérêt biomédical avéré, en comparant les valeurs mesurées chez le patient à celles d'une population constituée de 100 témoins asymptomatiques.

Ce rapport contient des informations concernant l'intérêt clinique des bactéries détectées. Ces informations proviennent de travaux de recherche et de bases de données publiques. Ils peuvent inclure des associations entre les bactéries identifiées et certaines pathologies humaines. Les résultats figurant dans ce rapport doivent être interprétés en tenant compte de l'état actuel des connaissances sur le microbiote.

Certaines bactéries détectées ne sont pas considérées comme des pathogènes, mais leur présence est rapportée car elles reflètent l'état global du microbiote du patient. La détection de pathogènes spécifiques par ce test n'a pas de valeur diagnostic. De même, l'absence de détection n'exclut pas la présence de pathogènes ou le diagnostic d'une maladie.

Les résultats contenus dans ce rapport nécessitent d'être interprétés par un médecin ou professionnel de santé. Ce rapport doit être interprété en tenant compte de l'état clinique global du patient et des autres examens d'orientation clinique réalisés (antécédents médicaux, auscultation clinique, analyses biologiques et histopathologiques, imagerie...). Les résultats doivent être utilisés avec circonspection par le professionnel de santé, seul juge de leur pertinence pour la prise en charge du patient.

Dr Lucie Molet (PharmD, PhD, Biologiste médical)
Le 25/10/2019

