

Votre équilibre passe par vos intestins

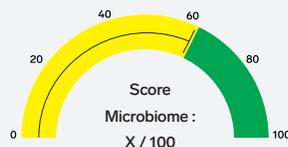
Le test microbiome essentiel identifie toutes les bactéries présentes dans le microbiome d'un individu, jusqu'au niveau de la souche. L'abondance des bactéries est évaluée à l'aide d'indices bien établis tels que la diversité et les entérotypes, et analysée en fonction de leurs effets spécifiquement bénéfiques ou néfastes sur la santé de l'hôte. La présence de bactéries susceptibles d'avoir un impact négatif sur la santé intestinale et systémique — comme certains groupes potentiellement nuisibles tels que Fusobacteria et Proteobacteria — est mise en évidence. Par ailleurs, une section distincte examine l'abondance des bactéries impliquées dans le métabolisme de certains nutriments.



Comment lire ce rapport

Ce rapport du test microbiome essentiel, bien que complet, est conçu pour faciliter la navigation. La première page offre un résumé en un coup d'œil, permettant d'identifier rapidement tout problème lié au microbiome qui pourrait nécessiter une investigation plus approfondie.

Exemple



Résumé : Score microbiome faible. Portez une attention particulière aux sections signalées.

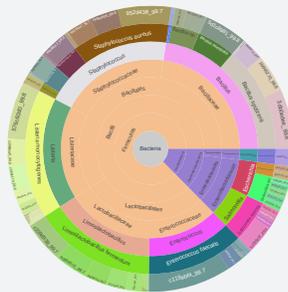
Résistome : Faible. Une charge élevée de bactéries résistantes aux antibiotiques suggère une utilisation récente ou passée d'antibiotiques à des niveaux élevés.

Pathogènes : X.XX% Protéobactéries : X.X%

Fusobactéries : X.X%

Analyse : X/24 paramètres. Déficience : } Diversité Bêta

En savoir plus: Voir la section "Comment utiliser ce rapport" ci-dessous.



Score du microbiome : Un score inférieur à 60 indique des anomalies connues dans la composition bactérienne du microbiome. Le score est calculé sur la base de mesures des paramètres fondamentaux du microbiome, cohérentes d'une population à l'autre, à l'aide de notre algorithme exclusif. Ces mesures incluent la diversité, la richesse, l'équilibre du microbiome, le ratio Firmicutes/Bacteroidetes, les pourcentages totaux de pathogènes, le résistome et les 10 principales espèces bactériennes.

Résistome : Indique la tendance à porter des bactéries porteuses de gènes de résistance aux antibiotiques.

Pathogènes, Protéobactéries, Fusobacterium : Les pourcentages doivent être aussi bas que possible. Certaines fusobacterium sont associées à des intoxications alimentaires et à un large éventail de cancers.

Analyse : Indique le nombre de paramètres, parmi les 24 évalués, qui diffèrent de manière significative par rapport à la population de référence.

Déficience : Met en évidence le paramètre ayant l'impact négatif le plus important sur le score global.

Cible de espèce : Une visualisation de l'ensemble des bactéries détectées dans le microbiome, jusqu'au niveau des souches. Une diversité de couleurs dans le graphique reflète un microbiome en meilleure santé. Une surabondance d'une seule bactérie, ou d'un petit nombre de bactéries, indique qu'il y a des possibilités d'amélioration.

Dans les sections plus détaillées, certaines zones spécifiques sont signalées pour attirer votre attention, accompagnées de commentaires et de conseils.

Comprendre les indicateurs dans votre rapport :



Point d'exclamation (côté gauche) : Indiquent que votre microbiome présente des schémas inhabituels dans cette analyse spécifique. Ils soulignent les aspects les plus importants de votre rapport.



Indicateurs dans les tableaux des espèces ("Élevé" ou "Faible") : Indiquent les espèces ou groupes spécifiques de votre microbiome qui se situent en dehors de la valeur de référence. Même si l'analyse globale d'une section semble normale, les espèces individuelles hors norme sont signalées par précaution. Ces détails peuvent néanmoins être importants et pertinents.

- Facteurs de notation du microbiome :** Représentent la santé intestinale globale.
- Bactéries bénéfiques :** Représentent la santé intestinale globale.
- Groupes bactériens liés aux fonctions intestinales :** Informations sur les bactéries associées à certaines maladies et syndromes. Cette section offre un aperçu du contenu microbien qui peut être associées à certaines affections gastro-intestinales*. La production d'acides biliaires, de triméthylamine (TMA) et de lipopolysaccharides (LPS) peut avoir des répercussions sur divers aspects de la santé, notamment l'inflammation, le syndrome métabolique, le métabolisme du cholestérol, les maladies cardiovasculaires, l'athérosclérose et la réponse auto-immune. Les niveaux de ces bactéries peuvent être influencés par l'alimentation.
- Métabolisme des nutriments et des composants alimentaires :** Ces informations peuvent offrir un aperçu des sensibilités alimentaires et de l'impact de l'alimentation sur la santé globale.

Section d'informations supplémentaires : Fournit des explications détaillées pour mieux comprendre chaque résultat de test et chaque recommandation.

*Syndrome du colon irritable (SCI), Prolifération bactérienne de l'intestin grêle (SIBO), maladie inflammatoire chronique de l'intestin (MICI)

Test Microbiome Essentiel

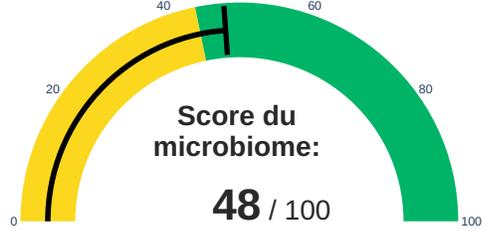
Résumé: Score du microbiome faible. Porter une attention particulière aux sections signalées.

Résistome: Bon. Faible charge en bactéries résistantes aux antibiotiques, suggérant une utilisation récente limitée d'antibiotiques.

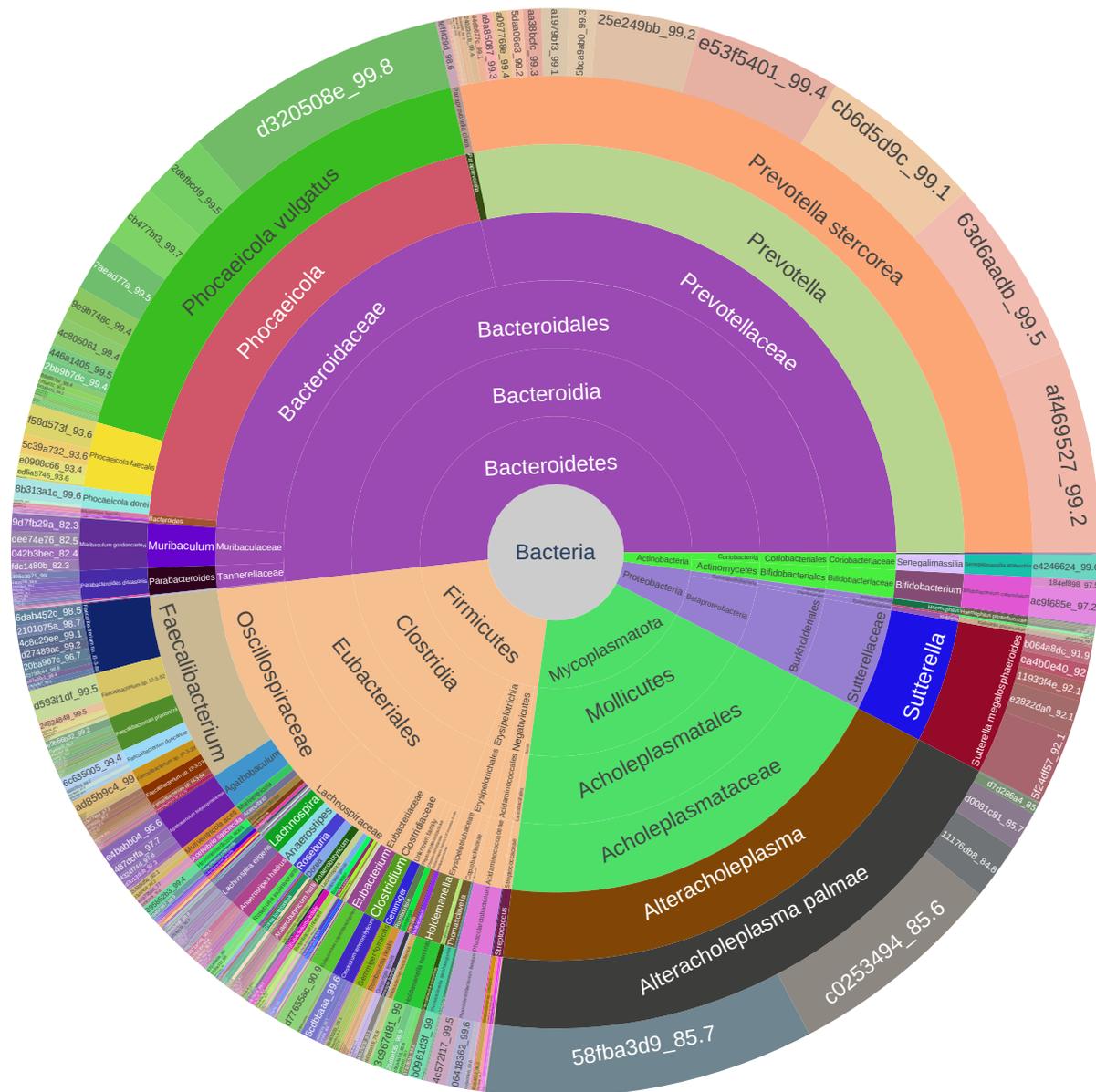
Agents pathogènes: 0.31% **Protéobactéries:** 5.46%
Fusobacterium: 0.03%

Analyse: 6 / 27 paramètres. **Déficience:** Mycoplasmata

En savoir plus : Voir « Comment utiliser ce rapport » ci-dessous.



Cible des espèces: Cible des espèces : visualisation des données du microbiome. Une plus grande variété de couleurs est généralement associée à une meilleure diversité et à un microbiome en meilleure santé.



Facteurs contribuant au score du microbiome

- Résilience
- Richesse
- Uniformité
- Diversité bêta
- Ratio Firmicutes/Bacteroidetes (F/B)
- Fusobacterium
- Score du résistome aux antibiotiques
- Entérotype
- Agents pathogènes
- Protéobactéries
- 10 espèces les plus abondantes

Résumé:

Déséquilibre dans la distribution bactérienne. Protéobactéries, fusobacterium ou agents pathogènes en dehors de l'intervalle de référence. Entérotype 2 – Prevotella.

Recommandations:

- Biodiversité : augmenter la consommation de fibres alimentaires, d'aliments fermentés, de polyphénols (antioxydants puissants présents dans les fruits, légumes et grains entiers), de noix et de graines. Réduire les sucres, les graisses saturées d'origine animale et les édulcorants artificiels. Maintenir un poids santé (indice de masse corporelle).
- Agents pathogènes : augmenter les aliments anti-inflammatoires et riches en polyphénols. Réduire les sucres, les graisses saturées et l'alcool. Voir les tableaux des agents pathogènes, des fusobactéries et des protéobactéries pour vérifier leur abondance globale et les espèces individuelles hors norme.

Bactéries bénéfiques

- Probiotiques
- Protection de la muqueuse
- Production d'acide gras à chaîne courte (AGCC)

Résumé:

Dans l'intervalle de référence. Lactobacillus spp faible. Akkermansia muciniphila faible.

Recommandations:

- Lactobacillus : envisager une supplémentation ciblée en Lactobacillus.
- Akkermansia : augmenter l'apport en FOS et en polyphénols. Réduire les graisses saturées d'origine animale et l'alcool. Envisager une supplémentation en Akkermansia en cas de trouble(s) métabolique(s).

Groupes bactériens des systèmes digestifs

- Syndrome de l'intestin irritable (SII)
- Prolifération bactérienne de l'intestin grêle (SIBO)
- Maladie inflammatoire chronique de l'intestin (MICI)
- Métabolisme des acides biliaires (AB)
- Production de triméthylamine (TMA)
- Production de lipopolysaccharides (LPS)

Résumé:

Déséquilibres détectés des bactéries associées à : SII.

Recommandations:

- SII : Rééquilibrer l'abondance des bactéries associées au SII . Porter une attention particulière aux pathobiontes et aux 10 espèces les plus abondantes. Les bactéries associées au métabolisme des AB ou au SIBO peuvent également être hors norme. Il est aussi important de tenir compte des bactéries liées à la production et au métabolisme de la sérotonine et de l'histamine. Vérifier la sensibilité aux FODMAP. Si nécessaire, envisager l'utilisation de probiotiques (voir le tableau d'abondance des probiotiques pour un choix personnalisé). Le SII avec diarrhée peut être soulagé par Clostridium butyricum, Bacillus coagulans ou Saccharomyces boulardii, alors que le SII avec constipation peut l'être par Bifidobacterium lactis. Lactobacillus plantarum peut améliorer les gaz et ballonnements. Sélectionner les suppléments en fonction de la catégorie la plus touchée (métabolisme des AB, SIBO, etc.).

Métabolisme des nutriments et des composants alimentaires

- Score de sensibilité aux FODMAP
- Fermentation des FODMAP
- Production d'indole
- Production de vitamines B

Résumé:

Dans l'intervalle de référence.

Facteurs contribuant au score du microbiome



Résilience

Indice de résilience et de diversité du microbiome, aussi connu sous le nom d'indice de Shannon. Des valeurs plus élevées sont généralement associées à un meilleur potentiel de résilience.

Valeur:
13.73

Intervalle de référence:
6.22 - 12.44



Richesse

Indice représentant le nombre d'espèces uniques présentes dans un échantillon.

Valeur:
90.00

Intervalle de référence:
32.00 - 64.00



Uniformité

Indice représentant la distribution des espèces identifiées dans un échantillon de microbiome. Des valeurs proches de 1 indiquent une distribution plus homogène et souhaitable.

Valeur:
0.58

Intervalle de référence:
0.51 - 1.00



Diversité bêta

Indice quantifiant à quel point une communauté microbienne diffère de la population de référence, les valeurs proches de 0 indiquant une plus grande similarité.

Valeur:
0.85

Intervalle de référence:
0.77 - 0.88

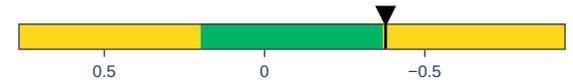


Ratio Firmicutes/Bacteroidetes (F/B)

Des scores négatifs indiquent une dominance des Bacteroidetes, tandis que des scores positifs indiquent une dominance des Firmicutes. Un ratio F/B équilibré est associé à l'homéostasie intestinale.

Valeur:
-0.38

Intervalle de référence:
-0.37 - 0.20



Fusobacterium

Espèces bactériennes pouvant devenir pathogènes opportunistes, le plus souvent présentes dans la bouche. Lorsqu'elles sont détectées dans l'intestin, elles peuvent être associées à une inflammation intestinale, au SII, à la MICI et à des maladies chroniques.

Valeur:
0.03

Intervalle de référence:
0.00 - 0.02



Score du résistome aux antibiotiques

Ce score inclut le nombre et les types de bactéries susceptibles de contenir des gènes de résistance aux antibiotiques, qui peuvent contribuer à la propagation de la résistance. Il est important de noter que cet indicateur se base sur l'abondance relative des espèces associées à ces gènes, mais ne séquence pas directement les gènes.

Valeur:
1.55

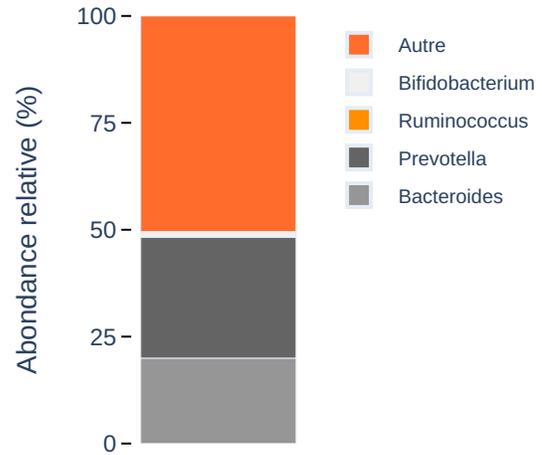
Intervalle de référence:
0.00 - 3.92



✓ Entérotypes

Dans la recherche sur le microbiome, les entérotypes servent de méthode de classification pour identifier les espèces microbiennes métaboliquement significatives qui tendent à être plus prévalentes. Bacteroides (type 1) est le plus courant dans les régimes riches en protéines et en graisses animales, tandis que Prevotella (type 2) est généralement associé à des régimes à base de plantes contenant moins de fibres végétales mais davantage de glucides simples et de sucres. Ruminococcus (type 3) est plus fréquent dans les régimes végétariens riches en fibres et en glucides complexes, incluant fruits et légumes. Bifidobacterium (type 4) est plus courant chez les enfants, bien que sa signification métabolique reste incertaine. L'entérotipe reflète généralement l'alimentation à long terme, mais peut ne pas correspondre à un régime récemment modifié.

Valeur:
Prevotella



✓ Agents pathogènes

Espèces bactériennes susceptibles de causer des symptômes gastro-intestinaux sévères et d'être associées à des maladies chroniques intestinales ou systémiques.

Catégorie	Espèce	Abondance relative (%)	Intervalle de référence (%)	Indicateur
Espèce nuisible		0.31	0.0 - 9.92	
	Klebsiella pneumoniae	0.21	0 - 0.01	élevée
	Escherichia coli	0.07	0 - 3.26	
	Streptococcus parasanguinis	0.02	0	élevée

✓ Protéobactéries

Espèces bactériennes pouvant exprimer des mécanismes d'action toxiques et pathogènes, incluant la synthèse de lipopolysaccharides (LPS) et d'endotoxines, et favoriser une inflammation gastro-intestinale et systémique. Elles sont fortement associées au SII, SIBO, MICI et à des dysfonctionnements immunitaires.

Catégorie	Espèce	Abondance relative (%)	Intervalle de référence (%)	Indicateur
Espèce nuisible		5.46	0.26 - 15.74	
	Sutterella megalosphaeroides	4.87	0 - 0.22	élevée
	Haemophilus parainfluenzae	0.28	0	élevée
	Klebsiella pneumoniae	0.21	0 - 0.01	élevée
	Escherichia coli	0.07	0 - 3.26	
	Cohaesibacter haloalkalitolerans	0.03	0	élevée

✓ 10 espèces les plus abondantes

Un aperçu de la composition globale du microbiome peut être obtenu à partir de la liste des dix espèces les plus abondantes. Le ratio F/B, l'entérotipe et l'indice de diversité alpha ne permettent pas à eux seuls d'identifier quelles espèces sont en surabondance. L'examen des 10 principales espèces peut rapidement révéler la présence de pathobiontes ou une dominance excessive de certaines espèces.

Espèce	Abondance relative (%)	Intervalle de référence (%)	Indicateur
Prevotella stercorea	28.23	0.07 - 6.48	élevée
Alteracholeplasma palmae	19.48	0.19 - 16.51	élevée
Phocaeicola vulgatus	17.05	1.52 - 51.3	
Sutterella megalosphaeroides	4.87	0 - 0.22	élevée
Faecalibacterium sp. I3-3-89	2.37	0.06 - 2.12	élevée
Phocaeicola faecalis	2.20	0.3 - 12.07	
Muribaculum gordoncarteri	1.77	0.11 - 5.44	
Faecalibacterium sp. I2-3-92	1.56	0.07 - 2.47	
Agathobaculum butyriciproducens	1.42	0.02 - 0.57	élevée
Phascolarctobacterium faecium	1.34	0.54 - 8.91	

Bactéries bénéfiques



Probiotiques

Espèces et souches bactériennes bien caractérisées pouvant être consommées sous forme de suppléments ou par l'alimentation, ou naturellement présentes dans le microbiote intestinal humain.

Probiotique	Espèce	Abondance relative (%)	Intervalle de référence (%)	Indicateur
Autre	Global	0.0	0.01 - 8.09	faible
Akkermansia	Global	0.0	0.11 - 25.68	faible
Lactobacillus	Global	0.0	0.02 - 2.6	faible
Bifidobacterium	Global	1.31	0.27 - 52.27	
Bifidobacterium	Bifidobacterium catenulatum	1.31	0.07 - 5.02	
Akkermansia, Lactobacillus, Autre	Aucune détectée			



Protection de la muqueuse

Espèces bactériennes qui soutiennent le bon fonctionnement de la barrière intestinale. Des niveaux anormalement faibles ou élevés peuvent altérer la muqueuse intestinale et être associés à de l'inflammation ou à un déséquilibre immunitaire.

Catégorie	Espèce	Abondance relative (%)	Intervalle de référence (%)	Indicateur
Espèce bénéfique		1.17	0.35 - 15.77	
	Faecalibacterium prausnitzii	1.17	0.21 - 6.49	



Production d'acide gras à chaîne courte (AGCC)

Bactéries intestinales anaérobies produisant des AGCC comme l'acétate, le propionate et le butyrate, qui jouent un rôle crucial dans le maintien de la santé intestinale et systémique. Une présence équilibrée de ces bactéries est fortement associée à une diminution de l'inflammation, un risque réduit de maladies et une amélioration des fonctions immunitaires et métaboliques.

Catégorie	Espèce	Abondance relative (%)	Intervalle de référence (%)	Indicateur
Espèce bénéfique		2.90	1.56 - 50.15	
	Faecalibacterium prausnitzii	1.17	0.21 - 6.49	
	Anaerostipes hadrus	0.76	0.04 - 1.25	
	Anaerobutyricum hallii	0.38	0.03 - 0.88	
	Roseburia inulinivorans	0.38	0.06 - 3.16	
	Roseburia intestinalis	0.11	0.05 - 1.42	
	Ruminococcus bromii	0.07	0.1 - 4.71	faible
	Roseburia hominis	0.04	0.03 - 0.51	

Groupes bactériens des systèmes digestifs



Syndrome de l'intestin irritable (SII)

Différents types de bactéries et leurs métabolites peuvent modifier la motilité intestinale et influencer la perception de la douleur viscérale. Il est possible d'atténuer les symptômes du SII en ajustant l'abondance et la distribution de ces bactéries. La composition du microbiote est particulièrement importante dans le cas du SII post-infectieux. Il est à noter que le SII n'est pas toujours causé par une infection gastro-intestinale ou systémique ; les symptômes peuvent survenir même en l'absence d'anomalies du microbiome.

Catégorie	Espèce	Abondance relative (%)	Intervalle de référence (%)	Indicateur
Espèce bénéfique		45.17	6.71 - 61.16	
	<i>Prevotella stercorea</i>	28.23	0.07 - 6.48	élevée
	<i>Sutterella megalosphaeroides</i>	4.87	0 - 0.22	élevée
	<i>Faecalibacterium sp. I3-3-89</i>	2.37	0.06 - 2.12	élevée
	<i>Faecalibacterium sp. I2-3-92</i>	1.56	0.07 - 2.47	
	<i>Bifidobacterium catenulatum</i>	1.31	0.07 - 5.02	
	<i>Faecalibacterium prausnitzii</i>	1.17	0.21 - 6.49	
	<i>Holdemanella hominis</i>	0.99	0.3 - 18.4	
	<i>Anaerostipes hadrus</i>	0.76	0.04 - 1.25	
	<i>Faecalibacterium duncaniae</i>	0.75	0.06 - 1.47	
	<i>Faecalibacterium sp. IP-3-29</i>	0.65	0.09 - 2.32	
	<i>Faecalibacterium sp. I3-3-33</i>	0.63	0.07 - 3.07	
	<i>Anaerobutyricum hallii</i>	0.38	0.03 - 0.88	
	<i>Paraprevotella clara</i>	0.32	0.12 - 3.56	
	<i>Dorea longicatena</i>	0.23	0.02 - 0.48	
	<i>Faecalibacterium sp. I4-3-84</i>	0.22	0.1 - 3.95	
	<i>Faecalibacillus intestinalis</i>	0.17	0.04 - 5.17	
	<i>Subdoligranulum variable</i>	0.14	0.08 - 2.46	
	<i>Faecalibacterium sp. I4-1-79</i>	0.13	0.06 - 2.78	
	<i>Dorea phocaeensis</i>	0.10	0.03 - 1.53	
	<i>Ruminococcus bromii</i>	0.07	0.1 - 4.71	faible
	<i>Dorea formicigenerans</i>	0.06	0.02 - 0.32	
	<i>Blautia obeum</i>	0.03	0.02 - 0.57	
	<i>Faecalibacterium sp. IP-1-18</i>	0.03	0.06 - 2.69	faible
	<i>Faecalibacterium sp. HTF-F</i>	0.02	0.04 - 1.32	faible
Espèce nuisible		0.07	0.03 - 11.92	
	<i>Escherichia coli</i>	0.07	0 - 3.26	
Équilibre global des espèces		45.09	5.05 - 59.0	



Prolifération bactérienne de l'intestin grêle (SIBO)

Ce test identifie des bactéries spécifiques généralement observées dans les prélèvements duodénaux ou jéjunaux de patients atteints de SIBO. Il est important de noter que ce test ne permet pas de diagnostiquer le SIBO. Une abondance anormale de ces bactéries dans le côlon ou les selles peut suggérer un SIBO et justifier des tests complémentaires pour confirmation. Les archées responsables de la prolifération méthanogène intestinale (IMO) ne sont pas incluses.

Catégorie	Espèce	Abondance relative (%)	Intervalle de référence (%)	Indicateur
Espèce nuisible		1.03	0.38 - 16.63	
	<i>Klebsiella pneumoniae</i>	0.21	0 - 0.01	élevée
	<i>Bacteroides stercoris</i>	0.19	0.05 - 2.35	
	<i>Streptococcus sp. LPB0220</i>	0.16	0.02 - 1.22	
	<i>Streptococcus thermophilus</i>	0.10	0.02 - 2.0	
	<i>Bacteroides uniformis</i>	0.10	0.07 - 2.19	
	<i>Streptococcus salivarius</i>	0.08	0.03 - 4.54	
	<i>Escherichia coli</i>	0.07	0 - 3.26	
	<i>Streptococcus viridans</i>	0.05	0.03 - 0.32	
	<i>Streptococcus parasanguinis</i>	0.02	0	élevée
	<i>Bacteroides ovatus</i>	0.02	0.03 - 1.15	
	<i>Bacteroides xylanisolvens</i>	0.02	0.03 - 0.87	



Maladie inflammatoire chronique de l'intestin (MICI)

Des données indiquent que des modifications du microbiote intestinal peuvent survenir avant le début d'une poussée de MICI, et qu'elles peuvent être corrélées à la sévérité et à la durée des symptômes à toutes les phases de la maladie. Les bactéries intestinales et leurs métabolites peuvent affecter la barrière épithéliale intestinale et la santé de la muqueuse, induisant une activation immunitaire et une inflammation. L'augmentation subséquente de la perméabilité intestinale (IP) entretient la réponse inflammatoire et favorise l'invasion des pathogènes.

Catégorie	Espèce	Abondance relative (%)	Intervalle de référence (%)	Indicateur
Espèce bénéfique		21.13	6.67 - 58.11	
	<i>Sutterella megalosphaeroides</i>	4.87	0 - 0.22	élevée
	<i>Faecalibacterium</i> sp. I3-3-89	2.37	0.06 - 2.12	élevée
	<i>Faecalibacterium</i> sp. I2-3-92	1.56	0.07 - 2.47	
	<i>Agathobaculum butyriciproducens</i>	1.42	0.02 - 0.57	élevée
	<i>Bifidobacterium catenulatum</i>	1.31	0.07 - 5.02	
	<i>Faecalibacterium prausnitzii</i>	1.17	0.21 - 6.49	
	<i>Lachnospira eligens</i>	0.84	0.04 - 0.88	
	<i>Anaerostipes hadrus</i>	0.76	0.04 - 1.25	
	<i>Faecalibacterium duncaniae</i>	0.75	0.06 - 1.47	
	<i>Faecalibacterium</i> sp. IP-3-29	0.65	0.09 - 2.32	
	<i>Faecalibacterium</i> sp. I3-3-33	0.63	0.07 - 3.07	
	<i>Anaerobutyricum hallii</i>	0.38	0.03 - 0.88	
	<i>Roseburia inulinivorans</i>	0.38	0.06 - 3.16	
	<i>Muriventricola acetii</i>	0.35	0.02 - 0.18	élevée
	<i>Acetivibrio saccincola</i>	0.31	0.04 - 2.88	
	<i>Hominimerdicola acetii</i>	0.28	0.06 - 9.02	
	<i>Butyrivibrio intestini</i>	0.23	0.02 - 0.19	élevée
	<i>Dorea longicatena</i>	0.23	0.02 - 0.48	
	[<i>Eubacterium</i>] rectale	0.23	0.03 - 0.56	
	<i>Faecalibacterium</i> sp. I4-3-84	0.22	0.1 - 3.95	
	<i>Vescimonas coprocola</i>	0.19	0.06 - 1.46	
	<i>Bacteroides stercoris</i>	0.19	0.05 - 2.35	
	<i>Lacrimispora sphenoides</i>	0.18	0.01 - 0.07	élevée
	<i>Subdoligranulum variable</i>	0.14	0.08 - 2.46	
	[<i>Ruminococcus</i>] lactaris	0.13	0.02 - 0.65	
	<i>Faecalibacterium</i> sp. I4-1-79	0.13	0.06 - 2.78	
	<i>Lachnoclostridium edouardi</i>	0.11	0.01 - 0.05	élevée
	<i>Roseburia intestinalis</i>	0.11	0.05 - 1.42	
	<i>Dorea phocaeensis</i>	0.10	0.03 - 1.53	
	<i>Bacteroides uniformis</i>	0.10	0.07 - 2.19	
	<i>Anaerostipes faecicola</i>	0.09	0.02 - 0.14	
	<i>Dysosmobacter</i> sp. Marseille-Q4140	0.09	0.03 - 0.56	
	<i>Lacrimispora xylanolytica</i>	0.08	0.01 - 0.12	
	<i>Dorea formicigenerans</i>	0.06	0.02 - 0.32	
	<i>Pusillibacter faecalis</i>	0.06	0.02 - 0.65	
	<i>Laedolmicola ammoniilytica</i>	0.05	0.01 - 0.06	
	<i>Neglectibacter timonensis</i>	0.05	0.03 - 0.72	
	<i>Coprococcus comes</i>	0.04	0.02 - 0.18	
	<i>Roseburia hominis</i>	0.04	0.03 - 0.51	
	<i>Blautia obeum</i>	0.03	0.02 - 0.57	
	[<i>Clostridium</i>] symbiosum	0.03	0.01 - 0.13	
	<i>Faecalibacterium</i> sp. IP-1-18	0.03	0.06 - 2.69	faible
	<i>Fournierella massiliensis</i>	0.03	0.05 - 0.55	faible
	[<i>Eubacterium</i>] siraeum	0.03	0.04 - 2.23	faible
<i>Anaerocolumna cellulolytica</i>	0.02	0.03 - 2.99	faible	
<i>Anaeromicropila herbilytica</i>	0.02	0.02 - 0.27		
<i>Faecalibacterium</i> sp. HTF-F	0.02	0.04 - 1.32	faible	
<i>Oscillibacter acetigenes</i>	0.02	0.03 - 0.66	faible	
<i>Bacteroides ovatus</i>	0.02	0.03 - 1.15	faible	
<i>Bacteroides xylanisolvens</i>	0.02	0.03 - 0.87	faible	
Espèce nuisible		0.72	0.89 - 26.73	
	<i>Haemophilus parainfluenzae</i>	0.28	0	élevée
	<i>Klebsiella pneumoniae</i>	0.21	0 - 0.01	élevée
	<i>Ruminococcus bromii</i>	0.07	0.1 - 4.71	

Catégorie	Espèce	Abondance relative (%)	Intervalle de référence (%)	Indicateur
	Escherichia coli	0.07	0 - 3.26	
	Veillonella nakazawae	0.04	0.02 - 0.52	
	Fusobacterium pseudoperiodonticum	0.03	0	élevée
	Cohaesibacter haloalkaliterans	0.03	0	élevée
Équilibre global des espèces		20.41	-11.85 - 49.18	

✓ Métabolisme des acides biliaires (AB)

L'abondance des bactéries métabolisant les acides biliaires (AB) peut aggraver les symptômes du SII et des MICI, particulièrement en augmentant la motilité intestinale chez les patients atteints de SII de type diarrhéique (SII-MICI). Les espèces de Clostridium et leurs métabolites peuvent stimuler la sécrétion d'AB. Les AB secondaires ont toutefois un effet généralement anti-inflammatoire. Il est donc pertinent de rééquilibrer l'abondance et le type de bactéries métabolisant les AB afin de soutenir la motilité, la santé de la muqueuse et la réponse inflammatoire. Note : l'abondance de ces bactéries devrait également être considérée dans d'autres conditions comme l'obésité, le syndrome métabolique et les troubles neurodégénératifs.

Catégorie	Espèce	Abondance relative (%)	Intervalle de référence (%)	Indicateur
Global		21.89	6.33 - 66.16	
	Phocaeicola vulgatus	17.05	1.52 - 51.3	
	Faecalibacterium prausnitzii	1.17	0.21 - 6.49	
	Parabacteroides distasonis	0.99	0.08 - 3.17	
	Lachnospira eligens	0.84	0.04 - 0.88	
	Phocaeicola dorei	0.72	0.08 - 42.48	
	Dorea longicatena	0.23	0.02 - 0.48	
	Bacteroides stercoris	0.19	0.05 - 2.35	
	Subdoligranulum variable	0.14	0.08 - 2.46	
	[Ruminococcus] lactaris	0.13	0.02 - 0.65	
	Roseburia intestinalis	0.11	0.05 - 1.42	
	Bacteroides uniformis	0.10	0.07 - 2.19	
	Dorea formicigenerans	0.06	0.02 - 0.32	
	Parabacteroides merdae	0.06	0.05 - 0.7	
	Coprococcus comes	0.04	0.02 - 0.18	
	[Clostridium] symbiosum	0.03	0.01 - 0.13	
	Bacteroides ovatus	0.02	0.03 - 1.15	faible
	Bacteroides xylanisolvens	0.02	0.03 - 0.87	faible

✓ Production de triméthylamine (TMA)

La triméthylamine (TMA) est synthétisée par des bactéries intestinales telles que Desulfovibrio, les Protéobactéries, Clostridium, etc. Cette molécule est produite par la transformation bactérienne intestinale de la choline alimentaire, de la L-carnitine et de la bétaïne. Une fois formée, la TMA est transportée vers le foie via la veine porte et oxydée en TMAO. Le niveau de TMAO est considéré comme un facteur de risque indépendant et un marqueur prédictif des maladies cardiovasculaires. Le TMAO peut perturber le métabolisme du cholestérol et induire de l'inflammation, une activation plaquettaire et une dysfonction endothéliale.

Catégorie	Espèce	Abondance relative (%)	Intervalle de référence (%)	Indicateur
Espèce nuisible		1.01	0.08 - 9.76	
	Clostridium ammoniolyticum	0.77	0.08 - 8.99	
	Klebsiella pneumoniae	0.21	0 - 0.01	élevée
	Clostridium nigeriense	0.03	0.03 - 1.22	

✓ Production de lipopolysaccharides (LPS)

La surface cellulaire de la plupart des bactéries à Gram négatif, comme les Protéobactéries, contient des LPS. Dans certains cas, ce glycolipide peut provoquer une réaction toxique de l'hôte en raison de sa forte capacité à déclencher une réponse immunitaire. Le LPS est donc aussi appelé « endotoxine ». Bien que le système immunitaire doive reconnaître le LPS et répondre rapidement, une activation chronique ou excessive de l'immunité est néfaste pour l'hôte. L'inflammation induite par le LPS peut augmenter la perméabilité intestinale et celle de la barrière hémato-encéphalique, et déclencher des réactions inflammatoires et pro-oxydantes importantes.

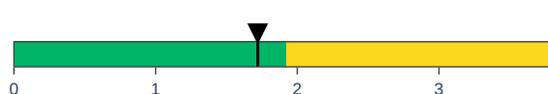
Catégorie	Espèce	Abondance relative (%)	Intervalle de référence (%)	Indicateur
Espèce nuisible		5.15	0.11 - 15.33	
	Sutterella megalosphaeroides	4.87	0 - 0.22	élevée
	Klebsiella pneumoniae	0.21	0 - 0.01	élevée
	Escherichia coli	0.07	0 - 3.26	

Métabolisme des nutriments et des composants alimentaires

✓ Score de sensibilité aux FODMAP

Ce score évalue la réponse potentielle aux aliments riches en FODMAP (oligosaccharides, disaccharides, monosaccharides et polyols fermentescibles) comme le sirop de maïs riche en fructose, les jus de fruits et certains produits laitiers. Une représentation excessive de certains groupes bactériens et une dynamique microbienne altérée peuvent entraîner une sensibilité accrue à ces aliments, comparativement à la population générale.

Valeur: **1.72** Intervalle de référence: **0.00 - 1.93**



✓ Fermentation des FODMAP

Cette liste regroupe les bactéries qui fermentent les FODMAP et qui sont associées à des symptômes courants indésirables. Une même espèce peut fermenter plus d'un type de FODMAP. Cette liste permet d'identifier les aliments potentiellement problématiques, mais ne doit pas servir à exclure des catégories entières d'aliments.

Type de FODMAP	Espèce	Abondance relative (%)	Intervalle de référence (%)	Indicateur
FOS	Global	3.21	1.81 - 50.61	
GOS	Global	1.39	0.21 - 49.61	
Inuline	Global	4.09	1.58 - 47.51	
Isomalt	Global	1.79	0.22 - 49.88	
Lactose	Global	1.31	0.25 - 50.59	
Xylitol	Global	0.0	0.02 - 0.1	
Fructose	Global	2.47	0.69 - 47.38	
Maltitol	Global	1.31	0.25 - 50.59	
Mannitol	Global	0.42	0.04 - 5.47	
Sorbitol	Global	0.07	0.04 - 11.91	
FOS	Bacteroides stercoris	0.19	0.05 - 2.35	
	Bacteroides xylanisolvens	0.02	0.03 - 0.87	faible
	Bacteroides ovatus	0.02	0.03 - 1.15	faible
Inuline	Anaerostipes hadrus	0.76	0.04 - 1.25	
	Roseburia inulinivorans	0.38	0.06 - 3.16	
	Roseburia hominis	0.04	0.03 - 0.51	
FOS, Inuline	Dorea longicatena	0.23	0.02 - 0.48	
	Roseburia intestinalis	0.11	0.05 - 1.42	
	Bacteroides uniformis	0.1	0.07 - 2.19	
Isomalt, Mannitol	Streptococcus sp. LPB0220	0.16	0.02 - 1.22	
	Streptococcus thermophilus	0.1	0.02 - 2.0	
	Streptococcus viridans	0.05	0.03 - 0.32	
	Streptococcus parasanguinis	0.02	0	élevée
FOS, Fructose, Inuline	Faecalibacterium prausnitzii	1.17	0.21 - 6.49	
FOS, Isomalt, Sorbitol	Escherichia coli	0.07	0 - 3.26	
GOS, Isomalt, Mannitol	Streptococcus salivarius	0.08	0.03 - 4.54	
FOS, Fructose, GOS, Inuline, Isomalt, Lactose, Maltitol	Bifidobacterium catenulatum	1.31	0.07 - 5.02	
Xylitol	Aucune détectée			

✓ Production d'indole

L'indole, produit du métabolisme bactérien du tryptophane alimentaire, peut avoir des effets bénéfiques sur la muqueuse intestinale et la fonction barrière. Toutefois, un excès de certains composés dérivés de l'indole (en particulier le sulfate d'indoxyle) peut avoir des effets délétères sur les cellules rénales et intestinales. Par ailleurs, l'indole et ses métabolites peuvent avoir un effet négatif sur le comportement et la fonction cérébrale.

Catégorie	Espèce	Abondance relative (%)	Intervalle de référence (%)	Indicateur
Espèce bénéfique		2.24	0.6 - 46.15	
	Parabacteroides distasonis	0.99	0.08 - 3.17	
	Clostridium ammoniolyticum	0.77	0.08 - 8.99	
	Anaerobutyricum hallii	0.38	0.03 - 0.88	
	Escherichia coli	0.07	0 - 3.26	
	Clostridium nigeriense	0.03	0.03 - 1.22	



Production de vitamines B

Bien que les vitamines produites dans l'intestin ne représentent pas une source nutritionnelle majeure pour l'hôte, elles peuvent influencer la santé du côlon et la fonction immunitaire. Cette liste n'a pas pour but d'identifier une carence ou un apport inadéquat en vitamines, mais de guider un rééquilibrage des bactéries impliquées dans leur métabolisme.

Type de vitamine B	Espèce	Abondance relative (%)	Intervalle de référence (%)	Indicateur
1	Global	0.13	0.04 - 26.9	
2	Global	0.13	0.04 - 24.74	
3	Global	0.13	0.04 - 28.1	
5	Global	0.13	0.04 - 24.64	
6	Global	0.0	0.21 - 57.14	faible
7	Global	0.0	0.04 - 14.38	faible
9	Global	0.1	0.07 - 24.42	
12	Global	1.29	0.58 - 51.99	
9	<i>Streptococcus thermophilus</i>	0.1	0.02 - 2.0	
12	<i>Faecalibacterium prausnitzii</i>	1.17	0.21 - 6.49	
1, 2, 3, 5, 12	[<i>Ruminococcus</i>] <i>lactaris</i>	0.13	0.02 - 0.65	
6, 7	Aucune détectée			

Critères de qualité



Contrôle de qualité du séquençage

Cet échantillon dépasse le seuil minimal de qualité de 10 000 lectures de séquençage par échantillon.

Directeur de laboratoire responsable

Rapport autorisé par :

Kelly Lloyd, Lab Director, AveroDX
CLIA# 50D2158817
3548 MERIDIAN ST STE 101, BELLINGHAM, WA 98225

Information additionnelle

Tableau d'impact des médicaments et des suppléments

Médicament/ supplément	Principaux effets
Metformine	Modulation du microbiote intestinal : augmentation de l'abondance d' <i>Akkermansia</i> , de <i>Bacteroides</i> (en particulier <i>B. intestinalis</i> , <i>B. vulgatus</i> et <i>B. acidifaciens</i>), de <i>Parabacteroides</i> , d' <i>Escherichia coli</i> , de <i>Bifidobacterium adolescentis</i> , de <i>Subdoligranulum</i> .
Inhibiteurs de pompe à protons	Microbiote modifié : abondance accrue de <i>Bifidobacterium dentium</i> , <i>Streptococcus</i> (en particulier <i>S. mutans</i> , <i>S. salivarius</i> , <i>S. parasanguinis</i> , <i>S. vestibularis</i>), <i>Veillonella parvula</i> . Risque accru de SIBO (abondance accrue de <i>Streptococcus</i> , <i>Clostridium</i> , <i>Escherichia</i> , <i>Klebsiella</i> dans l'intestin grêle). Risque accru d'infection à <i>C. difficile</i> , <i>Salmonella</i> , <i>Shigella</i> et <i>Campylobacter</i> . Augmentation de l'abondance des bactéries buccales dans les selles (par exemple, <i>Fusobacterium nucleatum</i>).
Rifaximine	Modulation du microbiote intestinal : effet eubiotique global, augmentation de l'abondance de <i>Bifidobacterium</i> , <i>Faecalibacterium prausnitzii</i> et <i>Lactobacillus</i> , diminution de <i>C. difficile</i> .
Statines	Microbiote modifié : diminution probable de la diversité. Elles peuvent entraîner une augmentation de l'abondance d' <i>Akkermansia</i> et de <i>F. prausnitzii</i> . Perturbations possibles des bactéries productrices d'acides gras à courte chaîne (AGCC) et des bactéries métabolisant les acides biliaires. D'autres études humaines sont nécessaires.
L-thyroxine	Modification du microbiote : facteur probable de SIBO. Modifications possibles de l'abondance des espèces <i>Odoribacter</i> et <i>Enterococcus</i> (effet dose-dépendant : abondance plus élevée avec une dose moyenne, abondance plus faible avec une dose élevée de médicament). Les espèces <i>Alistipes</i> , <i>Ruminococcus</i> et <i>Anaerotruncus</i> peuvent se situer en dehors des intervalles habituelles.
Métronidazole	Microbiote modifié : augmentation probable de l'abondance de <i>Bifidobacterium</i> (en particulier <i>B. pseudolongum</i>) et d'Enterobactérie.
Inhibiteurs sélectifs de la recapture de la sérotonine	Microbiote modifié : abondance accrue d' <i>Eubacterium ramulus</i> . Les ISRS en général ont un effet antimicrobien. Leur utilisation à long terme peut entraîner une dysbiose.
Fructo-oligosaccharides	Modulation du microbiote intestinal : augmentation de l'abondance de <i>Bifidobacterium</i> et de <i>F. prausnitzii</i> , diminution des protéobactéries.
Resvératrol	Modulation du microbiote intestinal : inhibition de la croissance d' <i>E. coli</i> et d' <i>Enterococcus faecalis</i> . Augmentation de l'abondance de <i>Bifidobacterium</i> et de <i>Lactobacillus</i> .
Berbérine	Modulation du microbiote intestinal : augmentation possible de l'abondance d' <i>Akkermansia</i> et des bactéries productrices de AGCC en général. Diminution de <i>Clostridium</i> spp, inhibition de la croissance d' <i>E. coli</i> . Conversion du microbiote en dihydroberbérine.

Tableau d'impact des aliments et des nutriments

Aliments, nutriments, régimes	Principaux effets
Fibres	Modulation du microbiote intestinal : En général, les glucides accessibles au microbiote peuvent augmenter la diversité et la distribution microbiennes et améliorer la production d'acides gras à chaîne courte (AGCC) par fermentation bactérienne. Une faible abondance d'espèces bénéfiques telles que <i>Akkermansia</i> et/ou <i>Bifidobacterium</i> peut indiquer un apport insuffisant en fibres. Cependant, un apport excessif en fibres, en particulier celles qui sont riches en FODMAPs, peut entraîner un déséquilibre du microbiote et exacerber les symptômes gastro-intestinaux tels que les gaz, les ballonnements et les douleurs abdominales. Une consommation extrêmement élevée de fibres peut diminuer l'absorption de nutriments clés. En outre, les différents types de fibres peuvent favoriser des modifications spécifiques de la composition bactérienne intestinale : - L'inuline (p. ex. : feuilles de pissenlit, asperges, oignons, poireaux, bananes, blé entier) peut augmenter le nombre de <i>Bifidobacterium</i> spp, en particulier <i>B. bifidum</i> et <i>F. prausnitzii</i> . - Les bêta-glucanes (p. ex. : avoine, orge) peuvent augmenter le nombre de <i>Bifidobacterium</i> , <i>Ruminococcus</i> , <i>Prevotella</i> , <i>Roseburia hominis</i> et d'autres bactéries productrices de butyrate et diminuer le nombre de <i>Fusobacteria</i> et de <i>Clostridium</i> spp. - L'amidon résistant (p. ex. : banane verte, légumineuses, pommes de terre, riz et pâtes cuits puis refroidis) peut augmenter le nombre de <i>Bifidobacterium</i> spp, <i>Ruminococcus bromii</i> et <i>F. prausnitzii</i> .
Polyphénols	Modulation du microbiote intestinal : Les polyphénols sont métabolisés par les bactéries intestinales et influencent positivement la composition, la diversité et la distribution du microbiote. Les sources de polyphénols comprennent les baies, le chocolat noir et la poudre de cacao pure, les olives, l'huile d'olive extra vierge, le thé vert, le café noir, les noix, les cacahuètes, les graines et le vin rouge. Un apport adéquat en polyphénols peut diminuer l'abondance de pathogènes potentiels tels que <i>Clostridium</i> spp et <i>E. coli</i> , favoriser l'inflammation induite par les lipopolysaccharides (LPS), restaurer la population de <i>Lactobacillus</i> et de <i>Bifidobacterium</i> , rééquilibrer le rapport F/B et augmenter les bactéries protectrices de la muqueuse telles que <i>Akkermansia</i> et <i>F. prausnitzii</i> .
Noix et graines	Modulation du microbiote intestinal : Les noix contiennent des fibres, des polyphénols et des acides gras monoinsaturés sains et agissent comme un prébiotique qui peut favoriser une population bactérienne bénéfique. Une consommation suffisante de noix et de graines est associée à une meilleure diversité bactérienne, à une réduction de l'inflammation et à une augmentation de la production de butyrate. Il a été démontré que les amandes en particulier augmentent la diversité alpha.
Aliments fermentés	Modulation du microbiote intestinal : La consommation d'aliments fermentés peut entraîner une augmentation de la diversité du microbiote et avoir un effet plus important que les fibres seules. En outre, une consommation adéquate d'aliments fermentés est associée à une plus grande abondance de probiotiques, à une réduction de l'inflammation et à une amélioration de la fonction immunitaire liée au microbiote. Voici quelques exemples d'aliments fermentés et de modifications spécifiques de la composition bactérienne et de la fonction gastro-intestinale : - Le kéfir peut augmenter le nombre de <i>Lactobacillus</i> spp et aider à réduire la constipation. - Le kombucha peut réduire l'abondance de pathogènes tels que <i>E. coli</i> et <i>H. pylori</i> .

Aliments, nutriments, régimes	Principaux effets
	<p>La choucroute peut améliorer les symptômes de tous les sous-types du syndrome de l'intestin irritable.</p> <p>-Le kimchi peut augmenter le nombre de <i>Lactobacillus</i>.</p> <p>-Le Natto et le Miso peuvent augmenter le <i>Bifidobacterium</i> et diminuer les <i>Enterobacteriaceae</i>.</p>
Oméga 3 et acides gras monoinsaturés	<p>Modulation du microbiote intestinal : Les acides gras oméga-3, présents dans les poissons gras, les noix et les graines, peuvent augmenter l'abondance des bactéries productrices de butyrate et des probiotiques tels que <i>Lactobacillus</i> et <i>Bifidobacterium</i> spp. Les acides gras monoinsaturés, que l'on trouve dans l'huile d'olive, l'avocat, les noix et les graines, peuvent augmenter le nombre de <i>Bifidobacterium</i> spp et favoriser les <i>Bacteroidetes</i> par rapport aux <i>Firmicutes</i>.</p>
Suppléments de vitamines et des minéraux	<p>Modulation du microbiote intestinal : L'effet des différents types de suppléments dépend du dosage, de la durée de l'intervention, de la combinaison des nutriments et des facteurs génétiques et épigénétiques :</p> <p>-La vitamine D peut augmenter la diversité, favoriser <i>Akkermansia</i> et <i>Bifidobacterium</i> spp, et diminuer l'abondance des protéobactéries.</p> <p>-Le fer peut augmenter le nombre de <i>Lactobacillus</i> spp, qui dépendent de la disponibilité du fer. Cependant, comme un apport excessif en fer peut favoriser l'inflammation, le stress oxydatif et l'augmentation de l'abondance des bactéries pathogènes, il est recommandé de ne prendre des suppléments que lorsqu'une carence a été identifiée.</p>
Régime méditerranéen (RM)	<p>Modulation du microbiote intestinal : Le RM est riche en fibres, en polyphénols, en noix et en graines, en acides gras oméga-3 et en acides gras monoinsaturés. Le RM peut diminuer le rapport F/B et l'abondance des protéobactéries et augmenter l'abondance des bactéries bénéfiques telles que les probiotiques, les bactéries productrices d'acides gras saturés et les bactéries protectrices des muqueuses (comme l'a démontré l'étude PREDIMED).</p>
Régime cétogène (RC)	<p>Modulation du microbiote intestinal / altération du microbiote : Les effets du RC dépendent de l'état de santé de l'hôte. Le RC peut augmenter l'abondance d'<i>Akkermansia</i> et diminuer rapport F/B. Compte tenu de l'apport très faible en glucides et en fibres, le RC peut également diminuer les espèces probiotiques, en particulier <i>Bifidobacterium</i>. Le RC peut augmenter l'abondance des protéobactéries pro-inflammatoires comme <i>Bilophila wadsworthia</i>. Bien que les effets bénéfiques spécifiques d'un RC sur l'épilepsie réfractaire et l'obésité puissent être médiés par des changements positifs dans la composition du microbiome, des tests réguliers peuvent être nécessaires pour éviter les déséquilibres bactériens intestinaux négatifs.</p>
Régimes végétariens et végétaliens	<p>Modulation du microbiote intestinal / altérations possibles du microbiote : Une consommation élevée d'aliments d'origine végétale et de fibres, caractéristique des régimes végétariens et végétaliens, peut augmenter l'abondance des bactéries productrices d'acides gras à courte chaîne, améliorer la diversité bactérienne et diminuer l'abondance des agents pathogènes potentiels. Cependant, un apport sous-optimal en nutriments essentiels tels que le fer, les oméga-3, la vitamine B12 et les protéines, associé à des régimes végétariens et végétaliens déséquilibrés et stricts, peut avoir un effet négatif sur la distribution bactérienne et entraîner une surabondance de certaines espèces, et doit être surveillé.</p>
Édulcorants artificiels	<p>Microbiote modifié : En général, les édulcorants artificiels peuvent affecter la diversité du microbiome. La consommation d'acésulfame K, de saccharine et de sucralose a été liée à une diminution de l'abondance d'<i>Akkermansia</i>, bien que ces résultats soient controversés. Étant donné que la recherche dans ce domaine en est encore à ses débuts, il n'est pas encore possible de tirer des conclusions sur les effets individuels des édulcorants artificiels sur la composition du microbiome, qui sont probablement dépendants de la dose et liés à la durée de la consommation.</p>
Excès de sucres, de graisses saturées, de sel et d'aliments ultra-transformés	<p>Altération du microbiote : Le régime alimentaire occidental typique se caractérise par une consommation élevée en gras saturés, de sel et de sucre et par une teneur insuffisante en fibres. Le régime occidental peut avoir un effet négatif sur la composition du microbiome et peut diminuer la diversité microbienne, augmenter l'abondance des protéobactéries et des agents pathogènes, et favoriser la biosynthèse des LPS. Plus précisément, un apport excessif en gras saturés peut diminuer l'abondance de <i>F. prausnitzii</i> et augmenter l'abondance d'espèces exprimant des hydrolases d'acide biliaire telles que <i>Clostridium</i>, <i>Alistipes</i>, <i>Bifidobacterium</i> et <i>Lactobacillus</i> spp.</p>
Alcool	<p>Altération du microbiote : Une consommation excessive et chronique d'alcool peut avoir un effet négatif sur la diversité et la distribution des bactéries, augmenter l'abondance des protéobactéries et favoriser l'inflammation intestinale et les symptômes liés au syndrome du côlon irritable. Toutefois, il a été démontré qu'une consommation modérée de bière, en particulier lorsqu'elle n'est pas pasteurisée, exerce certains effets prébiotiques grâce aux composés polyphénoliques et aux mélanoidines, qui peuvent accroître la présence de <i>Bifidobacterium</i> spp et d'<i>Akkermansia</i>. La consommation modérée de vin rouge, également riche en polyphénols, peut augmenter la diversité du microbiote. Toutefois, l'alcool ayant plusieurs effets néfastes connus, il est préférable de consommer des versions non alcoolisées de la bière et du vin rouge.</p>

Aliments riches en FODMAPs spécifiques

Type de FODMAP	Principales sources de nourriture
Fructose	Monosaccharide présent en grande quantité dans le miel, les fruits secs (par exemple les raisins secs, les dattes et les figues), le sirop de maïs à haute teneur en fructose, la mangue, la pastèque, la pomme, la poire, les pruneaux, le raisin, le litchi, le sirop d'agave, la compote de pommes et les jus de fruits.
Lactose	Disaccharide composé de galactose et de glucose présent en grande quantité dans le lait animal, la crème et certains fromages. Les réactions au lactose sont individuelles et certaines personnes peuvent consommer sans problème des quantités modérées de yaourt. Le kéfir est naturellement très pauvre en lactose. En raison de leur transformation, certains fromages à pâte dure peuvent être mieux tolérés car leur teneur en lactose diminue (par exemple, le parmesan, le gouda, le provolone, le brie, le camembert). Les fromages frais comme la ricotta, la feta, le mascarpone et les fromages à tartiner ont tendance à être riches en lactose.
FOS	Fructo-oligosaccharides présents en grande quantité dans l'artichaut et le topinambour, la chicorée, les bananes vertes, le poireau, l'oignon, l'ail, l'échalote, l'asperge, le yacon.
GOS	Galacto-oligosaccharides présents en grande quantité dans les légumineuses telles que les haricots, les lentilles, le soja et les pois chiches, les pistaches et les noix de cajou. Les produits laitiers peuvent contenir des GOS.
Inuline	Mélange d'oligo et de polysaccharides, similaire aux FOS mais avec une structure plus longue et plus polymérisée (c'est-à-dire avec des liaisons croisées) que l'on trouve en grande quantité dans le topinambour, le pissenlit, la chicorée, l'orge, la bardane, la stévia, l'ail, l'agave.
Xylitol	Alcool de sucre normalement utilisé comme édulcorant dans les chewing-gums et les produits sans sucre. Il est également présent à l'état naturel dans les champignons, le chou-fleur, les baies, les épis de maïs, les enveloppes et les tiges de plantes. Cependant, il tend à devenir problématique lorsqu'il est utilisé seul comme édulcorant.
Sorbitol	Alcool de sucre utilisé comme édulcorant dans les produits sans sucre. Il est naturellement présent dans les pommes, les dattes, les poires, les abricots, les pruneaux, les raisins secs, les pêches, les nectarines, le brocoli, le fenouil, le chou rouge et les aubergines.
Mannitol	L'alcool de sucre est utilisé comme édulcorant dans les produits sans sucre. Il est également présent à l'état naturel dans les champignons, l'ananas, les patates douces, les carottes, les olives, les asperges, le céleri, les pois mange-tout et la courge musquée.

Maltitol	Alcool de sucre utilisé comme édulcorant dans les produits sans sucre. Il est également présent à l'état naturel dans les feuilles de chicorée et le malt torréfié.
----------	---

Isomalt	Alcool de sucre utilisé comme édulcorant et dérivé de la betterave sucrière. Il n'est pas présent naturellement dans les aliments.
---------	--

FAQ sur le test microbiome essentiel

Qu'est-ce que le test microbiome essentiel ?

Le test microbiome essentiel de Biron est un test qui identifie toutes les bactéries présentes dans le microbiome d'un individu, jusqu'au niveau de la souche. Il est divisé en sections qui examinent comment des bactéries spécifiques et leur abondance sont susceptibles d'influencer les symptômes intestinaux et la prédisposition aux troubles intestinaux. Pour faciliter l'interprétation et la mise en œuvre d'actions concrètes, les abondances bactériennes sont analysées sur la base d'indices établis tels que la diversité et les entérotypes, et en fonction de leurs effets bénéfiques ou néfastes spécifiques. La présence de bactéries susceptibles d'avoir un impact négatif sur la santé intestinale et systémique, telles que les fusobacterium et les protéobactéries, est mise en évidence. En outre, une section distincte examine l'abondance des bactéries impliquées dans le métabolisme de certains nutriments.

À qui le test s'adresse-t-il ?

Ce test est conçu pour aider un utilisateur, seul ou en collaboration avec un professionnel de la santé, à mieux comprendre l'équilibre de leur microbiome intestinal et son influence potentielle sur leur bien-être digestif. Il ne s'agit pas d'un outil de diagnostic, mais d'un moyen d'identifier d'éventuels déséquilibres bactériens pouvant être associés à certains symptômes ou à un risque accru de troubles intestinaux chroniques. Ces informations peuvent guider les utilisateurs et les professionnels de santé dans l'adoption de stratégies personnalisées pour optimiser la santé intestinale.

Comment le score du microbiome est-il calculé ?

Le score du microbiome est calculé à l'aide d'algorithmes propriétaires qui prennent en compte à la fois les caractéristiques générales de la population microbienne – notamment la diversité bactérienne, l'homogénéité de la distribution et les phylums présents dans l'échantillon – ainsi que l'abondance des bactéries potentiellement pathogènes et bénéfiques. Toutes les mesures d'un échantillon individuel sont comparées à une population de référence afin de produire une comparaison quantitative. Ainsi, les scores sont conçus pour indiquer en quoi un échantillon diffère de la population générale, offrant des indications pour d'éventuelles actions à entreprendre, plutôt que pour établir un diagnostic médical.

Quelle est la population de référence ?

La population de référence est constituée d'un nombre significatif et croissant d'individus ayant été analysés à l'aide du test. Elle comprend tous les échantillons testés par Intus Biosciences (sous-traitant du test). L'inclusion de tous les individus dans la population de référence, quel que soit leur état de santé autodéclaré et leurs symptômes, vise à mieux observer les tendances associées à la santé. De plus, comme les échantillons sont prélevés par les individus eux-mêmes et que les informations sur leur état de santé sont autodéclarées, l'intégration de toutes les données permet de tenir compte des erreurs et d'éliminer les biais liés aux hypothèses scientifiques. À mesure que de nouvelles données d'échantillons sont collectées, les normes de la population de référence seront ajustées afin de refléter les informations les plus récentes, ce qui peut entraîner de légères modifications des fourchettes incluses dans le rapport. Les percentiles les plus élevés et les plus bas sont signalés comme des valeurs anormales.

Que signifient les termes "nuisible", "bénéfique" et "équilibre global des espèces" ?

Certaines bactéries du microbiome peuvent influencer positivement ou négativement une condition de santé. C'est pourquoi, dans ce rapport, elles sont généralement classées en trois catégories : bénéfiques, potentiellement nuisibles et équilibre global des espèces.

Les bactéries bénéfiques peuvent avoir un effet positif lorsqu'elles sont présentes en quantité adéquate et équilibrée. Une abondance insuffisante pourrait limiter leurs bienfaits. À l'inverse, certaines bactéries peuvent être associées à un risque accru de troubles lorsqu'elles sont en excès. L'objectif est donc de maintenir ces bactéries dans des niveaux considérés comme normaux.

Toutefois, certaines sections du rapport ne font pas cette distinction. Par exemple, si une bactérie est connue pour être problématique, comme un pathogène, ou si son impact est uniquement négatif, elle sera uniquement répertoriée dans la catégorie nuisible. À l'inverse, si un groupe de bactéries est largement reconnu pour ses bienfaits, comme les probiotiques, seule la catégorie bénéfique sera affichée.

Lorsqu'une bactérie peut avoir des effets à la fois positifs et négatifs selon les circonstances, son abondance globale et son équilibre sont pris en compte. Les sections du rapport sont signalées en fonction de cet équilibre ou du niveau global des bactéries dites « bénéfiques » et « nuisibles ».

Enfin, afin de faciliter l'interprétation et d'orienter les actions à entreprendre, même si une section est considérée comme globalement normale (indiquée par un crochet vert), une bactérie particulière dont l'abondance serait anormalement basse ou élevée sera signalée par un indicateur.

Qu'est-ce qui est le plus important : le score ou les différentes sections du rapport ?

Le score donne une idée générale de l'équilibre du microbiome et peut être très informatif d'un point de vue de santé globale et de bien-être. Si une condition spécifique est une préoccupation ou par mesure préventive, il peut être pertinent de porter une attention particulière aux les sections contenant un indicateur.

Qu'entend-on par "intervalle de référence" et peut-il changer ?

Les intervalles de références représentent les résultats observés chez la majorité de la population de référence. À mesure que cette population s'élargit, ces plages peuvent évoluer pour devenir plus précises et affinées.

Qui effectue l'analyse ?

L'analyse est effectuée par AveroDX, qui utilise une technologie sous licence d'Intus Biosciences, LLC. Le rapport et son contenu a été généré par Intus Biosciences, LLC. La traduction du rapport en français a été produit par Biron.

Quelle technologie génère les résultats ?

Le test est alimenté par la plateforme brevetée Intus Bio Titan-1™, à haute résolution et à haut débit. Titan-1™ utilise la dernière technologie de séquençage de nouvelle génération (NGS), avec une séquence cible " longue " de 16S-ITS et 23S partielle. Visitez le site intusbio.com pour plus d'informations.

Qu'est-ce qui rend le test unique ?

L'analyse des différentes approches a démontré que la technologie Intus Bio Titan-1™ est la méthode la plus efficace et la plus précise pour l'identification des bactéries au niveau de la souche - voir <https://doi.org/10.1099/mgen.0.000794>. Il s'agit du seul test de ce type bénéficiant de la puissance de la technologie.

Existe-t-il des médicaments, des compléments alimentaires ou des aliments susceptibles d'interférer avec les résultats du test ?

Les antibiotiques et les probiotiques peuvent modifier de manière significative la composition du microbiome intestinal, mais pas nécessairement à long terme. Nous suggérons d'attendre quelques semaines après la fin d'un traitement antibiotique avant d'effectuer ce test. Si vous souhaitez surveiller les effets d'une intervention probiotique, le test peut être effectué pendant la prise du supplément ou après la fin du traitement. Nous recommandons également aux utilisateurs de suivre leur régime alimentaire habituel au cours des semaines précédant le test afin que les résultats reflètent une consommation alimentaire moyenne et normale (aucun changement radical du régime alimentaire ni aucun nouvel aliment ne doivent être introduits avant le test).

Combien de fois doit-on passer ce test ?

Il est fortement recommandé d'effectuer un test avant et après toute intervention alimentaire, médicale ou liée au mode de vie. Des tests réguliers permettent de surveiller l'évolution des maladies intestinales chroniques et d'évaluer l'efficacité des traitements au fil du temps.

Définitions des catégories de tests

Résilience et biodiversité

Diversité Alpha

La diversité alpha est calculée à l'aide de l'indice de Shannon. Elle intègre des mesures de richesse et d'uniformité et constitue un indicateur de la résilience du microbiome. La résilience peut être définie comme la capacité de la communauté bactérienne à résister aux changements susceptibles de la déstabiliser, tels qu'une infection, un traitement antibiotique, une période prolongée de mauvaise santé ou tout autre facteur de stress. Un microbiote intestinal sain et équilibré doit présenter une grande diversité d'espèces bien réparties, de sorte qu'aucune espèce ne soit dominante. Ainsi, la résilience maximale est atteinte lorsque richesse et uniformité sont en équilibre.

Richesse

Le nombre total d'espèces bactériennes détectées dans l'échantillon. Une richesse élevée est généralement associée à un microbiome plus sain. Cependant, dans de rares cas, la présence de plusieurs espèces pathogènes peut entraîner un score de richesse plus élevé, d'où l'importance d'évaluer les types et l'abondance des espèces présentes.

Uniformité

Une mesure de la distribution des différentes espèces bactériennes au sein du microbiome. Un score proche de 1 indique une distribution homogène et souhaitable, tandis qu'un score proche de 0 suggère une dominance de certaines espèces.

Diversité bêta

Calculée à l'aide de la dissimilarité de Bray-Curtis, la diversité beta compare la similarité de l'échantillon par rapport à une population de référence. En général, une composition bactérienne proche de la population de référence est préférable. Un score élevé peut indiquer un profil microbien inhabituel, souvent dominé par une seule espèce. Bien que la différence puisse être due à une forte présence de bactéries bénéfiques, une diversité beta élevée est fréquemment associée à des symptômes gastro-intestinaux.

Rapport Firmicutes/Bacteroidetes (F/B)

Les phylums Firmicutes et Bacteroidetes sont les bactéries dominantes du microbiote intestinal humain adulte sain, représentant généralement plus de 90 % de la communauté bactérienne. Un ratio F/B atypique peut indiquer une prédisposition à certaines maladies. Par exemple, une abondance élevée de Firmicutes est souvent associée à l'obésité, tandis qu'une prédominance de Bacteroidetes est plus fréquente chez les patients souffrant de maladies inflammatoires de l'intestin (MII). Cependant, ce résultat doit être interprété dans le contexte de la santé globale.

Fusobacterium

Naturellement présentes en faible abondance ou absentes du système digestif inférieur, les *Fusobacterium* colonisent principalement les surfaces muqueuses, notamment la cavité buccale, où elles sont associées aux maladies parodontales et à la formation de biofilms. Lorsqu'elles sont détectées dans l'intestin, elles peuvent signaler une surveillance immunitaire insuffisante, une acidité gastrique réduite ou un environnement intestinal perturbé favorisant leur prolifération. Une abondance élevée de *Fusobacterium* peut être un indicateur d'inflammation chronique et d'un risque accru de certaines pathologies, notamment de cancers (p. ex. : *Fusobacterium nucleatum*).

Résistome

Le concept de résistome a été introduit récemment et fait référence à la présence de gènes de résistance aux antibiotiques (GRA) dans le microbiome, jouant un rôle clé dans la propagation de la résistance aux antibiotiques, une menace majeure pour la santé publique. La résistance aux antibiotiques limite les options thérapeutiques disponibles, compliquant le traitement des infections et augmentant la morbidité, la mortalité et la charge sur les systèmes de soin de santé. Les bactéries résistantes peuvent se transmettre entre individus et les gènes de résistance peuvent être échangés entre bactéries, y compris entre espèces différentes. Ce transfert horizontal de gènes permet la propagation rapide de la résistance au sein des populations bactériennes. Cela signifie que la résistance peut émerger en un seul endroit et devenir rapidement un problème global. Le "score de résistome" mesure le nombre et les types de bactéries susceptibles d'héberger des GRA dans cet échantillon par rapport aux échantillons de la base de données de référence. Les genres *Escherichia*, *Klebsiella* et *Enterococcus* hébergent un grand nombre de GRA, tout comme certaines espèces des genres *Bacteroides*, *Prevotella* et *Streptococcus*.

Entérotype

L'identification des entérotypes intestinaux qui peuvent refléter le régime alimentaire typique d'un individu a été proposée pour la première fois par Arumugam *et al.* en 2011. Même si ce concept a évolué, beaucoup reconnaissent et stratifient encore le microbiome humain sur la base des entérotypes, notamment *Bacteroides* et *Prevotella*. L'équipe de recherche d'Intus Bio a également identifié un quatrième entérotype potentiel dominé par *Bifidobacterium* spp. Nous continuons de recueillir des données pour déterminer si cet entérotype est lié à un régime alimentaire particulier, à l'utilisation de médicaments et de suppléments ou à une prédisposition à une condition particulière.

Protéobactéries

Les protéobactéries sont des bactéries Gram-négatives caractérisées par la présence de lipopolysaccharides (LPS) sur leur membrane externe, pouvant activer la réponse immunitaire et provoquer une inflammation systémique. Parmi les protéobactéries courantes figurent *Shigella*, *Escherichia coli*, *Salmonella*, *Enterobacter* et *Klebsiella*. Les recherches récentes suggèrent que toutes les protéobactéries ne sont pas néfastes pour la santé. Ainsi, l'analyse prend en compte à la fois l'abondance globale des protéobactéries et la présence d'espèces hautement pathogènes.

Pathogènes

Bien que de nombreuses bactéries pathogènes humaines appartiennent au phylum des protéobactéries, certaines proviennent d'autres phylums, comme *Streptococcus*, *Staphylococcus* et *Clostridium* (Firmicutes). Ces dernières, bien que dépourvues de LPS, sont souvent associées à des pathologies gastro-intestinales et systémiques. Il est important de noter qu'un test du microbiome ne constitue pas un diagnostic d'infection bactérienne. La détection de petites quantités de bactéries pathogènes en l'absence de symptômes n'est pas forcément alarmante, mais une présence chronique et abondante pourrait refléter un environnement favorable à leur prolifération. L'abondance de ces pathogènes peut augmenter après la prise d'antibiotiques, une chirurgie, une maladie grave ou un stress prolongé. De plus, un régime alimentaire riche en graisses saturées et en sucres peut

favoriser leur croissance. Le terme "pathobiontes" est parfois employé : les pathogènes sont des bactéries connues pour causer des infections, tandis que les pathobiontes sont des bactéries potentiellement pathogènes dans des conditions particulières, telles qu'une défaillance du système immunitaire.

Les 10 principales espèces

Aucune étude scientifique n'a démontré l'utilité clinique de lister les 10 espèces les plus abondantes du microbiome d'un individu. Toutefois, connaître les espèces dominantes peut constituer un point de départ utile pour déterminer si une intervention est nécessaire. Une surabondance de certaines bactéries, qu'elles soient commensales ou probiotiques, peut nécessiter une investigation plus approfondie afin d'évaluer l'impact du régime alimentaire, des médicaments et des compléments sur l'équilibre microbien. De plus, le suivi évolutif des 10 espèces les plus prédominantes peut aider à évaluer l'efficacité d'une intervention.

Bactéries bénéfiques

Certaines espèces et souches de bactéries intestinales apportent des bienfaits pour la santé en renforçant la perméabilité et la fonction de barrière de la muqueuse intestinale, en produisant des molécules antimicrobiennes telles que les bactériocines, en régulant le mouvement gastro-intestinal, en optimisant la santé métabolique, en métabolisant les xénobiotiques et en modulant le système immunitaire local et systémique. Contrairement à l'idée reçue, les bactéries probiotiques ne sont pas les seules à offrir des bénéfices. Certaines bactéries commensales jouent également un rôle protecteur contre les pathogènes opportunistes et contribuent à la santé globale. Toutefois, une surabondance de ces bactéries, même dites "bénéfiques", peut altérer la diversité microbienne et poser problème. Ce rapport analyse la présence et l'abondance de trois catégories distinctes de bactéries bénéfiques : probiotiques, bactéries protectrices de la muqueuse, bactéries productrices d'acide gras à chaîne courte (AGCC).

Probiotiques

Selon la définition fournie par l'Association scientifique internationale pour les probiotiques et les prébiotiques (ISAPP), le terme probiotique ne s'applique qu'aux « micro-organismes vivants qui, lorsqu'ils sont administrés en quantités adéquates, confèrent un bénéfice pour la santé de l'hôte ». Bien que certains commensaux intestinaux puissent être considérés comme des souches probiotiques, ceux-ci doivent être bien caractérisés et clairement démontrés comme bénéfiques. Si des espèces probiotiques bien reconnues telles que *Lactobacillus* et *Bifidobacterium* sont détectées dans l'échantillon, leur abondance relative est indiquée dans le tableau des probiotiques. *Akkermansia muciniphila* est un probiotique susceptible d'apporter des bénéfices métaboliques et dont l'équilibre peut être perturbé chez les personnes atteintes de diabète de type 2, d'obésité et/ou de syndrome métabolique. Toutefois, des niveaux anormalement élevés d'*Akkermansia muciniphila* ont été observés chez des individus souffrant de troubles auto-immuns et neurodégénératifs, ce qui souligne l'importance d'une évaluation précise de l'abondance des probiotiques.

Supplémentation en probiotiques

Les suppléments contenant des souches spécifiques de probiotiques sont de plus en plus utilisés en contexte clinique. Comme le choix des souches probiotiques, leur dosage et la durée de la supplémentation sont personnalisés, celle-ci doit être supervisée par un spécialiste qualifié. Si des niveaux anormalement élevés de *Lactobacilli*, *Bifidobacterium* et/ou *Akkermansia* sont détectés, il peut être nécessaire de réévaluer les suppléments pré- et probiotiques actuels. L'abondance des probiotiques peut également être influencée par certains médicaments, comme la Metformine, qui peut favoriser la fonction de la barrière intestinale et la production de bactéries productrices d'acides gras à chaîne courte (AGCC) bénéfiques.

Bactéries protectrices de la muqueuse

Les bactéries protectrices de la muqueuse, notamment *Akkermansia muciniphila* et *Faecalibacterium prausnitzii*, ont démontré leur capacité à soutenir le bon fonctionnement de la barrière intestinale, à réguler l'inflammation de la muqueuse et à agir comme des « sentinelles de l'intestin ». Bien que plusieurs maladies chroniques puissent être associées à une faible abondance de ces espèces, des niveaux anormalement élevés peuvent également être nuisibles. Une forte abondance d'*Akkermansia muciniphila*, par exemple, a été observée dans certains troubles neurodégénératifs et auto-immuns. Il est possible que les conditions inflammatoires augmentent l'abondance des bactéries protectrices de la muqueuse en tant que réponse défensive.

Bactéries productrices d'acides gras à chaîne courte (AGCC)

Les fibres alimentaires sont métabolisées par les bactéries productrices d'AGCC pour générer de l'acétate, du propionate et du butyrate, qui jouent un rôle essentiel dans la santé métabolique et la régulation du système immunitaire. Par exemple, le butyrate constitue la principale source d'énergie des colonocytes, et a été largement étudié pour son importance dans le contrôle du cycle cellulaire de l'hôte. De plus, les AGCC peuvent influencer l'expression génique des bactéries et réduire la virulence des pathogènes intestinaux. Une présence très élevée d'une seule espèce, bien que pas nécessairement alarmante, devrait faire l'objet d'une évaluation, car les habitudes alimentaires, les médicaments et les suppléments peuvent entraîner des modifications dans la distribution bactérienne.

Groupes bactériens du système digestif

Cette section a pour but d'aider à identifier plus rapidement les zones de préoccupation potentielles. Trois troubles intestinaux majeurs sont inclus dans cette section : le syndrome de l'intestin irritable (SII), la maladie inflammatoire de l'intestin (MII) et la prolifération bactérienne de l'intestin grêle (SIBO), ainsi que la production de deux métabolites bactériens essentiels : TMA et LPS. Il peut être nécessaire de rééquilibrer l'abondance et la distribution des espèces liées à chaque trouble ou molécule afin d'éviter l'aggravation des symptômes ou le déclenchement de réponses pathogènes potentielles.

Syndrome de l'intestin irritable (SII)

Le syndrome de l'intestin irritable est un trouble intestinal chronique de nature fonctionnelle. Ainsi, malgré la présence constante de symptômes gênants et récurrents tels que la constipation, la diarrhée, les ballonnements et les douleurs abdominales, aucune cause organique précise n'a été identifiée. Les patients atteints du syndrome de l'intestin irritable souffrent de symptômes permanents qui ont un impact significatif sur leur vie quotidienne. Bien que les médecins assurent aux patients que cette affection ne présente pas de risque de cancer ou de MII (maladie inflammatoire de l'intestin), nombreux sont ceux qui souffrent en silence, faute de comprendre et d'apprécier leur détresse.

On sait que le syndrome de l'intestin irritable est exacerbé par des perturbations du microbiome intestinal. Bien qu'il ne soit pas possible d'établir un lien direct avec une bactérie en particulier, certaines espèces bactériennes et/ou leurs associations aggravent les symptômes et provoquent des poussées. Le test du microbiome essentiel identifie les bactéries fortement liées au syndrome de l'intestin irritable ou à d'autres troubles fonctionnels intestinaux sur la base de recherches scientifiques. Les troubles fonctionnels intestinaux tels que le SII sont des maladies chroniques qui peuvent apparaître et disparaître, mais le fait de savoir si la composition de votre microbiome intestinal contribue à vos symptômes maximise vos chances de les contrôler.

Croissance bactérienne de l'intestin grêle (SIBO)

Le SIBO est une forme spécifique de dysbiose causée par des niveaux élevés de bactéries spécifiques dans l'intestin grêle. Ses symptômes varient selon les bactéries impliquées et peuvent inclure des ballonnements excessifs, des diarrhées, une malabsorption des macronutriments et, plus rarement, une constipation. Les groupes bactériens associés au SIBO comprennent les Protéobactéries, les bactéries productrices d'hydrogène et les bactéries productrices de sulfure d'hydrogène. Les Protéobactéries et les bactéries productrices d'hydrogène peuvent causer ou exacerber la diarrhée dans le SII et le SIBO, tandis que les bactéries productrices de sulfure d'hydrogène sont associées à la constipation et/ou à la diarrhée, aux selles malodorantes, à une production excessive de gaz (ballonnements), à une dysfonction de la barrière intestinale et à l'inflammation. Ce test mesure l'abondance des espèces communément présentes dans les aspirats duodénaux et/ou jéjunaux des patients atteints de SIBO (comme l'a démontré l'étude REIMAGINE, 2019) et indique si l'abondance relative de ces espèces est plus élevée que dans la population de référence. Ce test ne pose pas un diagnostic de SIBO ; la détection de bactéries associées au SIBO peut nécessiter des tests diagnostiques complémentaires, selon le portrait clinique.

Maladies inflammatoires chroniques de l'intestin (MICI)

La pathogénie des MICI est largement inconnue, mais il semble qu'elle soit liée à l'activation immunitaire, aux facteurs environnementaux, à la génétique et à la composition du microbiome. Des études suggèrent qu'un état dysbiotique peut précéder ou accompagner l'apparition de la maladie et influencer sur la gravité des poussées inflammatoires (épisodes aigus). Par conséquent, tout déséquilibre dans l'abondance des espèces potentiellement

pathogènes doit être surveillé et contrôlé. Pour favoriser la rémission et espacer les rechutes, il faut assurer une présence équilibrée d'espèces protectrices, notamment de probiotiques et d'espèces protégeant la muqueuse. L'abondance des bactéries productrices de AGCC et d'acide biliaire doit également être surveillée afin de réguler l'immunité mucoale et de favoriser les mécanismes de réparation épithéliale.

Bactéries métabolisant les acides biliaires (AB)

Les AB sont synthétisés à partir du cholestérol dans le foie avant d'entrer dans l'intestin sous forme conjuguée, où des bactéries intestinales les transforment en acides biliaires secondaires. Plusieurs types de bactéries expriment des enzymes métabolisant les AB, notamment les espèces *Clostridium*, *Bacteroides* et *Listeria*, ainsi que certains *Lactobacilli* et *Bifidobacterium*. Les AB secondaires influencent les cellules entérochromaffines (EC) et les niveaux de sérotonine (5-HT), augmentant la sensibilité viscérale et la motilité intestinale. Une augmentation de la sérotonine intestinale peut entraîner une accélération du péristaltisme intestinal et causer la diarrhée chez les patients prédisposés aux SII ou MICI. De plus, certaines espèces de *Clostridium* stimulent la biosynthèse hépatique des AB et leur sécrétion. Environ 70 % des patients atteints du syndrome de l'intestin irritable présentent un taux élevé d'AB dans les selles ou une forme de malabsorption des AB. L'association entre certaines espèces bactériennes métabolisant les AB et les symptômes du SII est plus marquée pour le sous-type diarrhéique, avec une augmentation de la production et de la sécrétion des AB et une élévation correspondante de la sérotonine intestinale. En revanche, une diminution de l'abondance ou une altération de la distribution des bactéries métabolisant les AB peut entraîner une constipation. La détection d'une abondance anormale des principales bactéries impliquées dans le métabolisme des AB peut aider à personnaliser le traitement en s'attaquant à la dysbiose sous-jacente ainsi qu'en évaluant d'autres facteurs affectant la production et l'absorption des AB. Les AB secondaires peuvent être associées à des troubles neurodégénératifs, des perturbations métaboliques et aux cancers colorectaux. Il est donc essentiel de surveiller toute abondance anormale des bactéries métabolisant les AB.

Production de triméthylamine (TMA)

Certaines bactéries intestinales produisent la TMA en métabolisant ses précurseurs, comme la choline et la L-carnitine. Une fois absorbée par le foie, la TMA est oxydée par les monooxygénases à flavine (FMO) en TMAO. Des concentrations élevées de TMAO dans le sang sont directement et indirectement liées aux maladies cardiovasculaires et à l'athérosclérose. Réguler et contrôler l'abondance des bactéries productrices de TMA peut contribuer à diminuer les taux circulants de TMAO et réduire le risque cardiovasculaire. Les fibres, en particulier l'amidon résistant, les aliments fermentés et *Lactobacillus rhamnosus* GG peuvent réduire les niveaux de TMAO.

Production de lipopolysaccharides (LPS)

Une concentration élevée de LPS est associée à des réponses inflammatoires et immunitaires dans divers systèmes biologiques et est impliquée dans plusieurs pathologies, allant des maladies neurodégénératives (p. ex. : la maladie d'Alzheimer ou de Parkinson) aux maladies auto-immunes. Il est recommandé de contrôler l'abondance des bactéries contenant des LPS, en particulier si des conditions inflammatoires (y compris intestinales) sont déjà présentes.

Métabolisme des nutriments et des composants alimentaires.

Cette section vise à aider le clinicien à déterminer l'abondance des bactéries impliquées dans la production et/ou le métabolisme des nutriments et des composants alimentaires, y compris les FODMAP, les vitamines B et les indoles.

Indice de sensibilité aux FODMAP et bactéries fermentaires.

Les FODMAP sont des glucides à chaîne courte qui sont mal absorbés dans l'intestin grêle et fermentés dans le côlon par des bactéries. Une surabondance de bactéries fermentant les FODMAP peut provoquer des symptômes gastro-intestinaux tels que des gaz, des ballonnements, des douleurs abdominales, de la diarrhée et/ou de la constipation. Les personnes souffrant de SII et/ou de SIBO peuvent être particulièrement sensibles aux aliments contenant des FODMAP. Le fait d'être conscient d'une éventuelle sensibilité aux FODMAP peut aider à personnaliser un essai de régime pauvre en FODMAP. Toutefois, ce régime étant très restrictif, il ne doit être suivi que sur une courte période et sous la supervision d'un professionnel de la santé compétent, capable d'identifier les intolérances spécifiques et d'assouplir progressivement le régime en fonction de la tolérance du patient.

L'indice de sensibilité aux FODMAP évalue la réponse potentiellement négative aux aliments riches en FODMAP. En complément, le tableau des FODMAP permet d'identifier les bactéries connues pour fermenter chaque type de FODMAP spécifique, ainsi que leur abondance relative. Toutefois, comme ces bactéries fermentent souvent plusieurs types de FODMAP, un régime basé uniquement sur leur abondance pourrait être inadapté. Une approche globale visant à rééquilibrer la distribution et la diversité microbienne est à préconiser.

Production d'indole.

De nombreuses études indiquent que les indoles microbiens dérivés du tryptophane jouent un rôle essentiel dans le maintien de l'intégrité et de la santé de la muqueuse intestinale, car ils modulent les réponses inflammatoires et immunologiques. Un effet positif des indoles est leur capacité à augmenter l'abondance de souches bénéfiques tout en réduisant celle des pathogènes, régulant ainsi leurs facteurs de virulence et l'expression de leurs gènes. Toutefois, il est important de s'assurer que l'abondance des bactéries productrices d'indoles ne soit pas excessive afin d'éviter d'éventuels effets secondaires, notamment au niveau rénal et neurologique.

Références

Tableau d'impact des médicaments et des suppléments

1. Bruno et al. (2019) **Proton pump inhibitors and dysbiosis: Current knowledge and aspects to be clarified.** *World Journal of Gastroenterology*, 25(22), 2706-2719.
2. Caparrós-Martín et al. (2017) **Statin therapy causes gut dysbiosis in mice through a PXR-dependent mechanism.** *Microbiome*, 5(1), 1-15.
3. Cheng et al. (2022) **Interactions between gut microbiota and berberine, a necessary procedure to understand the mechanisms of berberine.** *Journal of Pharmaceutical Analysis*, 12(4), 541-555.
4. Dias et al. (2020) **Gut bacterial microbiome composition and statin intake—A systematic review.** *Pharmacology Research & Perspectives*, 8(3), e00601.
5. Dou et al. (2022) **Effect of Fructooligosaccharides Supplementation on the Gut Microbiota in Humans: A Systematic Review and Meta-Analysis.** *Nutrients*, 14(16), 3298.
6. Ermolenko et al. (2022) **Metformin Influence on the Intestinal Microbiota and Organism of Rats with Metabolic Syndrome.** *International Journal of Molecular Sciences*, 23(12), 6837.
7. Li et al. (2020) **RapidAIM: A culture-and metaproteomics-based Rapid Assay of Individual Microbiome responses to drugs.** *Microbiome*, 8(1), 1-16.
8. Mahalak et al. (2023) **Fructooligosaccharides (FOS) differentially modify the in vitro gut microbiota in an age-dependent manner.** *Frontiers in Nutrition*, 9, 3212.
9. Nathwani et al. (2021) **Review of Rifaximin: A Summary of the Current Evidence and Benefits Beyond Licensed Use.** *EMJ*, 6(3), 94-99.
10. Ng et al. (2019) **A systematic review of the use of rifaximin for Clostridium difficile infections.** *Anaerobe*, 55, 35-39.
11. Pélissier et al. (2010) **Metronidazole effects on microbiota and mucus layer thickness in the rat gut.** *FEMS Microbiology Ecology*, 73(3), 601-610.
12. Ponziani et al. (2017) **Eubiotic properties of rifaximin: Disruption of the traditional concepts in gut microbiota modulation.** *World Journal of Gastroenterology*, 23(25), 4491-4499.

13. Silamikele et al. (2021) **Metformin strongly affects gut microbiome composition in high-fat diet-induced type 2 diabetes mouse model of both sexes.** *Frontiers in Endocrinology*, 12, 626359.
14. Sjöstedt et al. (2021) **Serotonin Reuptake Inhibitors and the Gut Microbiome: Significance of the Gut Microbiome in Relation to Mechanism of Action, Treatment Response, Side Effects, and Tachyphylaxis.** *Frontiers in Psychiatry*, 12, 682868.
15. Vich Vila et al. (2020) **Impact of commonly used drugs on the composition and metabolic function of the gut microbiota.** *Nature Communications*, 11(1), 362.
16. Wang et al. (2022) **Resveratrol in Intestinal Health and Disease: Focusing on Intestinal Barrier.** *Frontiers in Nutrition*, 9, 848400.
17. Zhang et al. (2021) **Effects of Berberine on the Gastrointestinal Microbiota.** *Frontiers in Cellular and Infection Microbiology*, 10, 588517.
18. Zhang & Hu (2020) **Effects of Metformin on the Gut Microbiota in Obesity and Type 2 Diabetes Mellitus.** *Diabetes, Metabolic Syndrome and Obesity: Targets and Therapy*, 13, 5003–5014.

Tableau de l'impact des aliments, des nutriments et du régime alimentaire

19. Attaye et al. (2021) **The Role of the Gut Microbiota on the Beneficial Effects of Ketogenic Diets.** *Nutrients*, 14(1), 191.
20. Beane et al. (2021) **Effects of dietary fibers, micronutrients, and phytonutrients on gut microbiome: a review.** *Applied Biological Chemistry*, 64(1), 36.
21. Carlson et al. (2018) **Health Effects and Sources of Prebiotic Dietary Fiber.** *Current Developments in Nutrition*, 2(3).
22. Conz et al. (2023) **Effect of Non-Nutritive Sweeteners on the Gut Microbiota.** *Nutrients*, 15(8), 1869.
23. Creedon et al. (2020) **Nuts and their Effect on Gut Microbiota, Gut Function and Symptoms in Adults: A Systematic Review and Meta-Analysis of Randomised Controlled Trials.** *Nutrients*, 12(8), 2347.
24. Cronin et al. (2021) **Dietary Fiber Modulates the Gut Microbiota.** *Nutrients*, 13(5), 1655.
25. Dimidi et al. (2019) **Fermented Foods: Definitions and Characteristics, Impact on the Gut Microbiota and Effects on Gastrointestinal Health and Disease.** *Nutrients*, 11(8), 1806.
26. Dobranowski & Stintzi (2021) **Resistant starch, microbiome, and precision modulation.** *Gut Microbes*, 13(1), 1926842.
27. García-Montero et al. (2021) **Nutritional Components in Western Diet Versus Mediterranean Diet at the Gut Microbiota-Immune System Interplay. Implications for Health and Disease.** *Nutrients*, 13(2), 699.
28. Hanes et al. (2022) **The gastrointestinal and microbiome impact of a resistant starch blend from potato, banana, and apple fibers: A randomized clinical trial using smart caps.** *Frontiers in Nutrition*, 9.
29. Kok et al. (2022) **Predicting Personalized Responses to Dietary Fiber Interventions: Opportunities for Modulation of the Gut Microbiome to Improve Health.** *Annual Review of Food Science and Technology*, 14, 157-182.
30. Kumar Singh et al. (2019) **Beneficial Effects of Dietary Polyphenols on Gut Microbiota and Strategies to Improve Delivery Efficiency.** *Nutrients*, 11(9), 2216.
31. Leeuwendaal et al. (2022) **Fermented Foods, Health and the Gut Microbiome.** *Nutrients*, 14(7), 1527.
32. Machate et al. (2020) **Fatty Acid Diets: Regulation of Gut Microbiota Composition and Obesity and Its Related Metabolic Dysbiosis.** *International Journal of Molecular Sciences*, 21(11), 4093.
33. Muralidharan et al. (2021) **Effect on gut microbiota of a 1-y lifestyle intervention with Mediterranean diet compared with energy-reduced Mediterranean diet and physical activity promotion: PREDIMED-Plus Study.** *The American Journal of Clinical Nutrition*, 114(3), 1148-1158.
34. Newsome et al. (2023) **Western diet influences on microbiome and carcinogenesis.** *Seminars in Immunology*, 67, 101756.
35. Pham et al. (2021) **Vitamins, the gut microbiome and gastrointestinal health in humans.** *Nutrition Research*, 95, 35-53.
36. Ravindra Pal Singh & Bhardwaj (2023) **β-glucans: a potential source for maintaining gut microbiota and the immune system.** *Frontiers in Nutrition*, 10, 1143682.
37. Richardson & Frese (2022) **Non-nutritive sweeteners and their impacts on the gut microbiome and host physiology.** *Frontiers in Nutrition*, 9, 988144.
38. Rusu et al. (2020) **Iron Supplementation Influence on the Gut Microbiota and Probiotic Intake Effect in Iron Deficiency—A Literature-Based Review.** *Nutrients*, 12(7), 1993.
39. Singh et al. (2020) **The potential role of vitamin D supplementation as a gut microbiota modifier in healthy individuals.** *Scientific Reports*, 10, 21641.
40. Smiljanec & Lennon (2019) **Sodium, hypertension, and the gut: does the gut microbiota go salty?** *American Journal of Physiology. Heart and Circulatory Physiology*, 317(6), H1173–H1182.
41. Sugizaki & Naves (2018) **Potential Prebiotic Properties of Nuts and Edible Seeds and Their Relationship to Obesity.** *Nutrients*, 10(11), 1645.
42. Tomova et al. (2019) **The Effects of Vegetarian and Vegan Diets on Gut Microbiota.** *Frontiers in Nutrition*, 6(47).
43. Wang et al. (2022) **Dietary Polyphenol, Gut Microbiota, and Health Benefits.** *Antioxidants*, 11(6), 1212.
44. Wastyk et al. (2021) **Gut-microbiota-targeted diets modulate human immune status.** *Cell*, 184(16), 4137–4153.
45. Zugravu et al. (2023) **Beer and Microbiota: Pathways for a Positive and Healthy Interaction.** *Nutrients*, 15(4), 844.

Autres références

46. Ahmad Al Samarraie et al. (2023) **Role of the Gut Microbiome in the Development of Atherosclerotic Cardiovascular Disease.** *International Journal of Molecular Sciences*, 24(6), 5420-5420.
47. Avery et al. (2021) **The Gut Microbiome in Hypertension.** *Circulation Research*, 128(7), 934-950.
48. Bardacke et al. (2023) **The Long-Term Effects of a Low-Fermentable Oligosaccharides, Disaccharides, Monosaccharides, and Polyols Diet for Irritable Bowel Syndrome Management.** *Current Developments in Nutrition*, 7(10), 101997.
49. Barlow & Mathur (2022) **Type 2 Diabetes and the Microbiome.** *Journal of the Endocrine Society*, 7(2), bvac184.
50. Bartolomeaus et al. (2019) **Short-Chain Fatty Acid Propionate Protects From Hypertensive Cardiovascular Damage.** *Circulation*, 139(11), 1407-1421.
51. Bleibel et al. (2023) **Deciphering psychobiotics' mechanism of action: bacterial extracellular vesicles in the spotlight.** *Frontiers in Microbiology*, 14.
52. Cantero et al. (2022) **Trimethylamine N-oxide reduction is related to probiotic strain specificity: A systematic review.** *Nutrition Research*, 104, 29-35.
53. Dior et al. (2016) **Interplay between bile acid metabolism and microbiota in irritable bowel syndrome.** *Neurogastroenterology and Motility: The Official Journal of the European Gastrointestinal Motility Society*, 28(9), 1330-1340.
54. Duranti et al. (2020) **Bifidobacterium adolescentis as a key member of the human gut microbiota in the production of GABA.** *Scientific Reports*, 10.
55. Evans et al. (2023) **The dietary source of trimethylamine N-oxide and clinical outcomes: an unexpected liaison.** *Ndt Plus*, 16(11), 1804-1812.
56. Gehrig et al. (2022) **Finding the right fit: evaluation of short-read and long-read sequencing approaches to maximize the utility of clinical microbiome data.** *Microbial Genomics*, 8(3).
57. Grabrucker et al. (2023) **Microbiota from Alzheimer's patients induce deficits in cognition and hippocampal neurogenesis.** *Brain*, 146(12).

58. Hamamah et al. (2022) **Role of Microbiota-Gut-Brain Axis in Regulating Dopaminergic Signaling.** *Biomedicines*, 10(2), 436.
59. Hill et al. (2014) **Expert consensus document. The International Scientific Association for Probiotics and Prebiotics consensus statement on the scope and appropriate use of the term probiotic.** *Nature Reviews. Gastroenterology & Hepatology*, 11(8), 506-514.
60. Hossain et al. (2022) **B Vitamins and Their Roles in Gut Health.** *Microorganisms*, 10(6), 1168.
61. Koponen et al. (2021) **Associations of healthy food choices with gut microbiota profiles.** *The American Journal of Clinical Nutrition*, 114(2), 605-616.
62. Leite et al. (2019) **Optimizing microbiome sequencing for small intestinal aspirates: validation of novel techniques through the REIMAGINE study.** *BMC Microbiology*, 19(1).
63. Li et al. (2019) **Effects of regulating gut microbiota on the serotonin metabolism in the chronic unpredictable mild stress rat model.** *Neurogastroenterology and Motility: The Official Journal of the European Gastrointestinal Motility Society*, 31(10), e13677.
64. Li et al. (2023) **Gut Barrier Dysfunction and Bacterial Lipopolysaccharides in Colorectal Cancer.** *Journal of Gastrointestinal Surgery*, 27(7), 1466-1472.
65. Li et al. (2021) **New Insights Into Gut-Bacteria-Derived Indole and Its Derivatives in Intestinal and Liver Diseases.** *Frontiers in Pharmacology*, 12.
66. Li et al. (2022) **Gut bacterial profiles in Parkinson's disease: A systematic review.** *World Journal of Psychiatry*, 29(1), 140-157.
67. Liccardo et al. (2020) **Potential Bidirectional Relationship Between Periodontitis and Alzheimer's Disease.** *Frontiers in Physiology*, 11(11).
68. Liu & Dai (2020) **Trimethylamine N-Oxide Generated by the Gut Microbiota Is Associated with Vascular Inflammation: New Insights into Atherosclerosis.** *Mediators of Inflammation*, 2020, 1-15.
69. Magne et al. (2020) **The Firmicutes/Bacteroidetes Ratio: A Relevant Marker of Gut Dysbiosis in Obese Patients?** *Nutrients*, 12(5), 1474.
70. Maini Rekdal et al. (2019) **Discovery and inhibition of an interspecies gut bacterial pathway for Levodopa metabolism.** *Science*, 364(6445), eaau6323.
71. Martín et al. (2013) **Role of commensal and probiotic bacteria in human health: a focus on inflammatory bowel disease.** *Microbial Cell Factories*, 12(1), 71.
72. Mazur et al. (2023) **The Intestinal and Skin Microbiome in Patients with Atopic Dermatitis and Their Influence on the Course of the Disease: A Literature Review.** *Healthcare*, 11(5), 766.
73. Mittal et al. (2017) **Neurotransmitters: The Critical Modulators Regulating Gut-Brain Axis.** *Journal of Cellular Physiology*, 232(9), 2359-2372.
74. Monteagudo-Mera et al. (2022) **Gamma aminobutyric acid production by commercially available probiotic strains.** *Journal of Applied Microbiology*, 134(2).
75. Naomi et al. (2021) **Probiotics for Alzheimer's Disease: A Systematic Review.** *Nutrients*, 14(1), 20.
76. Nikolaki et al. (2023) **The Low-FODMAP Diet, IBS, and BCFAs: Exploring the Positive, Negative, and Less Desirable Aspects—A Literature Review.** *Microorganisms*, 11(10), 2387-2387.
77. O'Donnell et al. (2023) **The gut microbiome and hypertension.** *Nature Reviews Nephrology*, 19.
78. Obrenovich et al. (2023) **Natural Product Co-Metabolism and the Microbiota-Gut-Brain Axis in Age-Related Diseases.** *Life*, 13(1), 41.
79. Onalapo & Onalapo (2021) **Glutamate and depression: Reflecting a deepening knowledge of the gut and brain effects of a ubiquitous molecule.** *World Journal of Psychiatry*, 11(7), 297-315.
80. Pferschy-Wenzig et al. (2022) **Medicinal Plants and Their Impact on the Gut Microbiome in Mental Health: A Systematic Review.** *Nutrients*, 14(10), 2111.
81. Pimentel et al. (2020) **ACG Clinical Guideline.** *The American Journal of Gastroenterology*, 115(2), 165-178.
82. Qiu et al. (2022) **The Gut Microbiota in Inflammatory Bowel Disease.** *Frontiers in Pharmacology*.
83. Romano et al. (2021) **Meta-analysis of the Parkinson's disease gut microbiome suggests alterations linked to intestinal inflammation.** *npj Parkinson's Disease*, 7(1).
84. Sánchez-Pérez et al. (2022) **The dietary treatment of histamine intolerance reduces the abundance of some histamine-secreting bacteria of the gut microbiota in histamine intolerant women: A pilot study.** *Frontiers in Nutrition*, 9.
85. Sarmiento-Andrade et al. (2022) **Gut microbiota and obesity: New insights.** *Frontiers in Nutrition*, 9.
86. Satish Kumar et al. (2022) **Probiotics in Irritable Bowel Syndrome: a Review of Their Therapeutic Role.** *Cureus*, 14(4).
87. Singh et al. (2023) **Desulfovibrio in the Gut: The Enemy within?** *Microorganisms*, 11(7), 1772.
88. Strandwitz (2018) **Neurotransmitter modulation by the gut microbiota.** *Brain Research*, 1693(Pt B), 128-133.
89. Varesi et al. (2022) **The Potential Role of Gut Microbiota in Alzheimer's Disease: From Diagnosis to Treatment.** *Nutrients*, 14(3), 668.
90. Vijayvargiya et al. (2018) **Bile Acid Deficiency in a Subgroup of Patients With Irritable Bowel Syndrome With Constipation Based on Biomarkers in Serum and Fecal Samples.** *Clinical Gastroenterology and Hepatology*, 16(4), 522-527.
91. Wallen et al. (2022) **Metagenomics of Parkinson's disease implicates the gut microbiome in multiple disease mechanisms.** *Nature Communications*, 13(1).
92. Yu et al. (2021) **Lactobacillus lactis and Pediococcus pentosaceus-driven reprogramming of gut microbiome and metabolome ameliorates the progression of non-alcoholic fatty liver disease.** *Clinical and Translational Medicine*, 11(12).
93. Zhai et al. (2022) **Probiotics Bring New Hope for Atherosclerosis Prevention and Treatment.** *Oxidative Medicine and Cellular Longevity*, 2022, 1-13.
94. Zhang et al. (2023) **Vitamin D alleviates non-alcoholic fatty liver disease via restoring gut microbiota and metabolism.** *Frontiers in Microbiology*, 14.

Clause de non-responsabilité

Ce test n'est pas destiné à diagnostiquer, traiter ou guérir une condition médicale. Il est fourni à titre informatif uniquement et ses résultats doivent être interprétés avec discernement. Aucun traitement médical, supplément ou changement majeur du mode de vie ne devrait être initié, modifié ou interrompu sans avoir préalablement consulté un professionnel de la santé qualifié (médecin, nutritionniste, diététicien, etc.).

Ce rapport ne remplace ni un test de culture ni un test PCR pour le diagnostic d'infections gastro-intestinales, et ne constitue pas non plus une alternative aux tests cliniques spécifiques tels que le test du SIBO. Il présente les bactéries détectées par séquençage et exprimées en abondance relative, qu'elles soient potentiellement pathogènes, commensales ou bénéfiques.

L'analyse se concentre uniquement sur les espèces associées aux troubles gastro-intestinaux fonctionnels selon la littérature scientifique. Les espèces sélectionnées dans ce rapport sont basées sur les données les plus probantes actuellement disponibles. Toutefois, le domaine du microbiome intestinal est en constante évolution et demeure considéré comme émergent d'un point de vue médical. Les interprétations doivent donc être mises en contexte avec les connaissances les plus récentes et ne remplacent pas un jugement clinique. L'absence d'anomalie dans les résultats n'exclut pas la présence de symptômes, et inversement. L'impact de la dysbiose peut varier selon les individus.

Le microbiome intestinal est influencé par plusieurs facteurs (alimentation, médicaments, suppléments), et des interventions récentes peuvent modifier les résultats. Il est recommandé de répéter le test avant et après toute intervention significative. Ni le fournisseur du test ni ses affiliés ne peuvent être tenus responsables des décisions prises à partir des résultats.

Les méthodes d'analyse, les scores et les espèces évaluées peuvent évoluer selon les avancées scientifiques. En utilisant ce test, l'utilisateur consent à ce que ses données soient anonymisées et utilisées à des fins de recherche, sans usage commercial ni partage à des tiers sans consentement explicite. L'utilisateur reconnaît les limites du test et dégage le fournisseur de toute responsabilité liée à son interprétation ou à l'utilisation de ses données.