

Rapport Microbiote Intestinal — Humain

Patient : Homo sapiens · M4 Âge : 12 ans Sexe : M Date de prélèvement : 2026-05-20 Date du rapport : 2026-07-05 Lab : OmicaLabs SL — Pipeline : GenePortal Microbiote Humain v2.1 (métagénomique shotgun)

Avertissement : Rapport de support clinique. Ne constitue pas un diagnostic médical.
L'interprétation clinique nécessite une corrélation avec le tableau clinique complet et des examens complémentaires.

1. Tableau clinique principal (12 ans, M)

Évaluation avant intervention dans un contexte métabolique : profil microbiomique avec dysbiose légère ; à interpréter avec les paramètres métaboliques et un antécédent d'antibiothérapie récente le cas échéant. Aucun pathogène bactérien ni eucaryote de priorité clinique élevée détecté. Profil avec dysbiose légère (bande légèrement altérée).

2. Données cliniques du patient

Champ	Valeur
Espèce	human
Âge	12
Sexe	M
Poids (kg)	87.0
Régime	omnivore (régime familial kazakh, riche en viande/grasses, pauvre en fibres)
Antibiotiques (30 derniers j)	True
Antibiotique (médicament)	amoxicilline-clavulanate (7 jours, terminé 10 jours avant le prélèvement)
Probiotiques	False

Champ	Valeur
Date de prélèvement	2026-05-20
Stockage	—
Géographie (ISO)	KZ

2.1 Contexte clinique

Motif du test : Évaluation de la dysbiose intestinale dans une obésité infantile sévère dans le cadre d'une étude métabolique globale. Évaluation avant une intervention diététique structurée et possible orientation vers une unité d'obésité infantile.

Symptômes principaux : - Obésité progressive depuis l'âge de 6 ans (IMC actuel 37.7, >p99 pour l'âge et le sexe) - Acanthosis nigricans cervical (marqueur d'insulinorésistance) - Ronflement nocturne (suspicion d'apnée obstructive du sommeil) - Douleur abdominale récurrente aspécifique - Constipation chronique (Bristol 1-2, 3 selles/semaine)

Antécédents pertinents : - Obésité infantile d'apparition précoce (6 ans), accélération après le confinement COVID - Prise de 12 kg au cours des 12 derniers mois - Insulinorésistance confirmée (HOMA-IR 5.2, glycémie à jeun 102 mg/dL) - ALT élevées 68 U/L (stéatose hépatique à l'échographie, grade I-II) - TSH normale (hypothyroïdie écartée) - Test d'apnée du sommeil : IAH 6.2/heure (apnée obstructive légère) - Antibiothérapie récente : amoxicilline-clavulanate pour pharyngo-amygdalite streptococcique (il y a 10 jours) - Activité physique faible (<2 h/semaine d'exercice)

Médication actuelle : - Aucune en chronique

Comorbidités : - Obésité infantile sévère (IMC >p99) - Insulinorésistance (pré-diabète) - Stéatose hépatique non alcoolique (NAFLD pédiatrique) - Apnée obstructive du sommeil légère - Constipation fonctionnelle chronique

Antécédents familiaux : - Mère : obésité (IMC 34), diabète gestationnel lors de la grossesse du patient - Père : surpoids (IMC 28), hypercholestérolémie - Grand-mère maternelle : diabète de type 2

3. Qualité de l'échantillon (QC)

Métrique	Valeur	État
Lectures totales	12,320,442	—
Lectures de l'hôte	0.2%	OK

Métrique	Valeur	État
Lectures post-filtrage	12,289,640	—
Lectures classées	2,991,829	—
NTC	—	—
Mock community	—	—
Batch QC	Non évalué	—

4. Composition taxonomique

4.1 Top 5 phyla

Phylum	Abondance %
Bacillota (Firmicutes)	43.47
Bacteroidota (Bacteroidetes)	36.35
Candidatus Melainabacteria	8.26
Pseudomonadota (Proteobacteria)	6.05
Actinomycetota (Actinobacteria)	5.17

4.2 Top 10 genres

Genre	Abondance %
Bacteroides	35.36
Phocaeicola (reclassification GTDB de Bacteroides (vulgatus, distasonis, etc.))	4.66
Parabacteroides	12.78
Alistipes	4.32
Butyricimonas	0.61

Genre	Abondance %
Odoribacter	0.45
Segatella (reclassification GTDB de Prevotella copri)	0.29
Prevotella	0.11
Paraprevotella	0.03
Hoylesella (Bacteroidaceae)	0.01

4.3 Genres d'intérêt clinique

- Phocaeicola (4.66 %) : Reclassifié depuis Bacteroides (GTDB). Impliqué dans le métabolisme des acides biliaires. Genre courant du microbiote intestinal humain.
- Mediterraneibacter (0.36 %) : Reclassifié depuis Ruminococcus (GTDB). Producteur d'acétate. Fait partie du groupe Lachnospiraceae, courant dans le microbiote sain.

4.4 Diversité alpha

Indice	Valeur	Plage saine
Shannon	2.499	2.5 - 4.5 (sain)
Simpson	0.835	0.8 - 0.98 (sain)
Chao1	1449.1	—
ASVs observés	—	—
Équitabilité de Pielou	0.404	—

5. Indice de dysbiose (proxy iHMP HMP2)

- Indice de dysbiose (somme des z-scores) : 1.281 (légèrement altéré)
- Ratio Bacillota / Bacteroidota : 1.196 (normal)
- Distance β (Bray-Curtis vs centroïde sain) : 0.8726
- Distance β (euclidienne, log10) : 0.6965
- Méthode : iHMP_HMP2_zscore_proxy_human_v2
- Référence : iHMP_HMP2_2019 + Gevers2014_CellHostMicrobe + Gupta2020_NatureComms + Toto2024_PedIBD

| Avertissement : ne correspond pas au DI clinique par qPCR.

5.1 Contribution par taxon

Taxon	Abondance %	z-score	Direction	Contribution
Faecalibacterium	7.13	-0.34	santé	+0.34
Roseburia	0.74	-0.53	santé	+0.53
Alistipes	4.32	0.07	santé	-0.07
Prevotella	0.11	0.69	santé	-0.69
Ruminococcus	0.11	0.07	santé	-0.07
Coprococcus	0.16	0.44	santé	-0.44
Subdoligranulum	0.38	-1.36	santé	+1.36
Akkermansia	1.08	0.87	santé	-0.87
Escherichia coli	7.43	1.19	dysbiose	+1.19
Clostridium (sensu stricto)	0.00 (non détecté)	0.00	dysbiose	0.00

- 1/10 taxons du panel non détectés — le DI doit être interprété avec prudence.
- ⚠ Centroïde calibré contre la référence populationnelle européenne (DMP européen (Gacesa 2022, n=8.208)) ; cohorte espagnole locale en attente. La distance β et le DI dérivé ont une précision réduite pour les populations non européennes ; interpréter comme indicatif.

6. Espèces indicatrices (producteurs de SCFA)

Genre	Détecté %	Plage saine	État
Faecalibacterium	7.13	—	normal
Roseburia	0.74	—	normal
Alistipes	4.32	—	normal
Prevotella	0.11	—	normal
Ruminococcus	0.11	—	normal

Genre	Détecté %	Plage saine	État
Coprococcus	0.16	—	normal
Subdoligranulum	0.38	—	normal
Akkermansia	1.08	—	normal
Escherichia coli	7.43	—	normal
Clostridium (sensu stricto)	0.00 (non détecté)	—	faible

Total producteurs de SCFA : 57.35 % (sain > 12 %)

7. Biomarqueurs spécifiques d'espèce (enrichissement clinique)

Biomarqueurs cliniques humains (SoTA 2020-2025 — Gupta 2020 + Frioux 2023 + Zheng 2024)

- Enterosignatures (NMF soft): ES-B=71%, ES-P=0%, ES-F=10%, ES-Bf=9%, ES-Ec=10%
- EDS (Enterotype Dysbiosis Score) : 0.29 (entérotipe défini)
- GMHI (Gut Microbiome Health Index) : -0.46 (non sain (prédit))
- GMW12 (Chang/Gupta 2024) : -0.123 (non sain) [43S/29NS taxons détectés]
- ICB = 7.5 % (optimal). Dérivé d'une somme pondérée de genres producteurs (Faecalibacterium, Agathobacter, Roseburia, Eubacterium, Anaerobutyricum, Anaerostipes, Coprococcus, Butyricicoccus, Subdoligranulum). N'est PAS une concentration fécale de SCFA ; corrélation qualitative avec la production butyrogénique.
- Risque de C. difficile : modéré
- Signatures de maladie :
 - Rectocolite hémorragique (panel Zheng 2024) : 1 spp enrichies, AUC=0.9 — 2 appauvries détectées. DÉPISTAGE UNIQUEMENT — PAS un diagnostic.

CRC / MICI — Dépistage (PAS un diagnostic)

- Panel MICI Zheng 2024 : score RCH=-4.28 | score MC=N/D | Score continu, sans seuil diagnostique validé.
 - Panel RCH : 1 spp enrichie + 2 spp appauvries détectées
 - Panel MC : 0 spp enrichie + 0 spp appauvrie détectée

- Note : 2 espèces du panel non détectables avec MetaPhlAn 4
- Réf. : Zheng et al. 2024, Nature Medicine 30:3555-3567, PMID: 39367251
- LIMITATION : panel m-ddPCR validé (AUC=0.88 RCH, 0.87 MC). L'approche métagénomique n'est PAS validée en externe pour le diagnostic clinique.

Contrôle Qualité

- État QC du lot : Non évalué
- Genres bénéfiques : détectés
 - Roseburia modifié (0.74 %) — Producteur de butyrate (*R. intestinalis*), appauvri dans la MICI
 - Ruminococcus modifié (0.11 %) — Dégradateur d'amidon résistant (*R. bromii*), clé pour les fibres
 - Prevotella modifié (0.11 %) — Fermenteur de fibres, sain dans les régimes non occidentaux (*P. copri*)
 - Lactobacillus modifié (0.00 %) — Probiotique, producteur de lactate ; soutien de la barrière intestinale
- Alertes pathogènes (2) :
 - [MODÉRÉ] Clostridioides élevé (0.10 % > 0.1 %) — *C. difficile* détecté — signification clinique selon les toxines (*tcdA/tcdB*), non selon l'abondance ; toxino-typage requis
 - [MODÉRÉ] Escherichia coli élevé (7.43 % > 3.0 %) — Pullulation commensale sans gènes de virulence détectés (pathotypes STEC/EPEC/EIEC uniquement si *stx1/stx2/eae/ipaH* présents dans VFDB)
 - ⚠ Shigella détecté (0.33 %) est probablement un cross-mapping d'*E. coli* entéro-invasive (EIEC, *ipaH*+). *E. coli* est 22.7x plus abondant. Confirmer par PCR spécifique *ipaH* + MLST en cas de clinique compatible.

ALERTES MODÉRÉES (5 alertes)

- Diversité alpha basse (Shannon=2.50, limite inférieure de la plage saine 2.5) — corrélérer avec le régime, une antibiothérapie récente ou une inflammation chronique de bas grade
- Indice de dysbiose=1.3 — légèrement altéré
- [MODÉRÉ] Clostridioides élevé (0.10 % > 0.1 %) — *C. difficile* détecté — signification clinique selon les toxines (*tcdA/tcdB*), non selon l'abondance ; toxino-typage requis
- [MODÉRÉ] Escherichia coli élevé (7.43 % > 3.0 %) — Pullulation commensale sans gènes de virulence détectés (pathotypes STEC/EPEC/EIEC uniquement si *stx1/stx2/eae/ipaH*)

présents dans VFDB)

- DI légèrement altéré
- Âge estimé : 12 ans (déclaré) (selon les données du patient)

Interprétation clinique

Entérotype ES-B (Bacteroides-dominant) avec une appartenance forte (0.71). Profil compatible avec Bacteroides-dominant. Les entérotypes représentent des tendances continues, et non des catégories discrètes (Bulygin 2023). Risque modéré de C. difficile. Surveiller l'évolution clinique.

Limitations (12)

- Il n'existe PAS d'équivalent ACMG pour l'interprétation du microbiote. Ces métriques sont indicatives et doivent être intégrées au tableau clinique complet.
- Entérotypes : ce ne sont PAS des catégories discrètes (Costea 2018, Bulygin 2023). Ils représentent des tendances continues sur une variété non linéaire.
- GMHI nécessite des données au niveau de l'espèce. MetaPhlAn 4 utilise la taxonomie GTDB (SGB) tandis que GMHI utilise NCBI. La correspondance SGB→NCBI est approximative.
- Panel DI V2 (10 genres) : asymétrique 8:2, AUC=0.745, validation externe : cohorte indépendante en cours.
- Le ratio F/B n'est PAS un biomarqueur fiable à lui seul (Finucane 2014 PLOS ONE ; Magne 2020 Nutrients). Interpréter avec le DI, la diversité et le contexte clinique.
- La détection d'ARG à partir du métagénome n'équivaut PAS à une résistance phénotypique. EUCAST 2024 : VME < 5 % pour seulement 44 % des antibiotiques.
- Les signatures de maladie (IBD/CRC/T2D/obésité) sont des OUTILS DE DÉPISTAGE — PAS diagnostiques.
- Les plages de référence proviennent principalement du Dutch Microbiome Project (n=8,208, population européenne). Leur applicabilité à d'autres populations nécessite une validation.
- La diversité alpha (Shannon) est une mesure écologique globale qui ne prédit PAS à elle seule les résultats cliniques.
- Q2PD (Zielinska et al. 2025, GigaScience 14:giaf015) est un indice fonctionnel basé sur les voies métaboliques de MetaCyc. Actuellement NON DISPONIBLE.
- Les médicaments qui modifient le transit intestinal (lopéramide, opioïdes) ou le pH gastrique (IPP) peuvent modifier la composition du microbiote par des changements du temps de séjour et de l'acidité luminale. Interpréter avec prudence si le patient les a reçus dans les 2 semaines précédant le prélèvement.
- Ce rapport est destiné à la recherche et au contexte clinique. Il ne constitue pas un

diagnostic médical. ISO/TS 24420:2023 couvre le traitement des données métagénomiques.

Références (25)

- Frioux et al. 2023, Cell Host & Microbe 31:1111-1125 (5 ES, 5,230 métagénomes)
- Keller et al. 2024, bioRxiv 2024.08.13.607711 (entérotypage flou, EDS, 16,772 métagénomes)
- Bulygin et al. 2023, PeerJ 11:e15764 (pas de clusters discrets — apprentissage sur variété)
- Gupta et al. 2020, Nature Comms 11:4635 (GMHI, 50 espèces, AUC=0.73)
- Sun et al. 2024, npj Biofilms 10:96 (validation GMHI, 6,314 métagénomes, AUC=0.825)
- Gevers et al. 2014, Cell Host Microbe 15:382-392 (MD-index)
- Zheng et al. 2024, Nature Medicine 30:3555-3567 (panels IBD, 5,979 métagénomes)
- Piccinno/Segata/Huttenhower 2025, Nature Medicine (CRC poolés 3,741, AUC=0.85)
- Mei/Huttenhower et al. 2024, Nature Medicine 30:2265-2276 (T2D, 8,117 métagénomes)
- Chanda & De 2024, Gut Microbes 16:2304900 (obésité 25 spp, AUC=0.85)
- Gacesa et al. 2022, Nature 604:732-739 (DMP, n=8,208, 9 espèces centrales)
- Asnicar et al. 2021, Nature Medicine 27:321-332 (PREDICT 1, n=1,098)
- Andreu-Sanchez/Segata/Fu et al. 2025, Cell (32,152 métagénomes, 42 pays)
- Mancabelli et al. 2024, mSystems (6,653 échantillons, 5 stades de vie)
- Shao et al. 2024, Nature Microbiology (1,288 nouveau-nés britanniques, 3 états de communauté)
- Vaiserman et al. 2020, BMC Microbiol 20:114 (F/B stratifié par âge, n=1,550)
- Finucane et al. 2014, PLOS ONE 9:e84689 (F/B NON fiable comme biomarqueur isolé)
- Magne et al. 2020, Nutrients 12:1474 (revue critique F/B)
- Vital et al. 2017, mBio 8:e01492-17 (producteurs de butyrate)
- Dong et al. 2024, Nature Comms (VFDB 2.0 + MetaVF, 62,332 VFGs)
- Lessa et al. 2015, NEJM 372:825-834 (épidémiologie de C. difficile)
- EUCAST 2024 : ARG métagénomique ≠ AST phénotypique
- Zielinska et al. 2025, GigaScience 14:giaf015 (Q2PD, PMID: 40117176, dysbiose basée sur les voies, >8,000 échantillons, surpasse GMHI/hiPCA pour l'IBD)
- ISO/TS 24420:2023 — traitement des données métagénomiques shotgun
- STROBE-Metagenomics, Lancet Infect Dis, Oct 2025

8. Profilage fonctionnel (HUMAN 3 + dbCAN 3)

Voies métaboliques les plus représentées (top 10)

Voie métabolique	Abondance (RPKM)	Interprétation clinique
PWY-7238: sucrose biosynthesis II	6,144	Métabolisme des glucides — Biosynthèse du saccharose. Indique une activité glycolytique bactérienne active.
VALSYN-PWY: L-valine biosynthesis	5,506	Synthèse des acides aminés — Biosynthèse de la valine. Activité métabolique basale.
PWY-6386: UDP-N-acetylmuramoyl-pentapeptide biosynthesis II (lysine-containing)	5,450	Synthèse de la paroi cellulaire — Biosynthèse du peptidoglycane (composant de la paroi bactérienne).
PWY-6385: peptidoglycan biosynthesis III (mycobacteria)	5,406	Synthèse de la paroi cellulaire — Biosynthèse du peptidoglycane (mycobactéries).
PWY-6387: UDP-N-acetylmuramoyl-pentapeptide biosynthesis I (meso-diaminopimelate containing)	5,373	Synthèse de la paroi cellulaire — Biosynthèse du peptidoglycane (composant de la paroi bactérienne).
PEPTIDOGLYCANSYN-PWY: peptidoglycan biosynthesis I (meso-diaminopimelate containing)	5,236	Synthèse de la paroi cellulaire — Biosynthèse du peptidoglycane. Structure bactérienne fondamentale.
PWY-7953: UDP-N-acetylmuramoyl-pentapeptide biosynthesis III (meso-diaminopimelate containing)	5,120	Synthèse de la paroi cellulaire — Biosynthèse du peptidoglycane (variante).
DTDPRHAMSYN-PWY: dTDP-β-L-rhamnose biosynthesis	5,103	Synthèse de la paroi cellulaire — Biosynthèse du dTDP-L-rhamnose (composant du LPS et de la paroi).
TRNA-CHARGING-PWY: tRNA charging	5,093	Synthèse protéique — Charge des tRNA. Activité traductionnelle basale ; présente chez toute bactérie active.

Voie métabolique	Abondance (RPKM)	Interprétation clinique
NONMEVIPP-PWY: methylerythritol phosphate pathway I	2,528	Activité métabolique bactérienne — Voie métabolique bactérienne — partie du métabolisme basal du microbiote intestinal.

777 voies détectées au total par HUMAnN 3. Les 10 plus abondantes (RPKM) sont affichées, en excluant les lectures non classées.

Note : les voies les plus représentées correspondent principalement à l'activité métabolique basale (housekeeping) du microbiote commensal — glycolyse, synthèse des acides aminés, des nucléotides et de la paroi cellulaire. La pertinence clinique est globale (elle indique l'activité métabolique du microbiote), non individuelle. Les altérations de l'abondance relative de voies spécifiques (butyrate, acides biliaires, LPS) sont plus informatives que la présence de voies housekeeping.

8.1 Évaluation fonctionnelle globale

Sur les 10 voies les plus abondantes, 9 sont des voies housekeeping (métabolisme basal : glycolyse, acides aminés, nucléotides, paroi cellulaire) et 1 est une voie de métabolisme spécialisé (fermentation, réserve énergétique, isoprénoïdes).

Interprétation : la diversité des voies métaboliques actives indique un microbiote métaboliquement compétent. La présence de multiples voies housekeeping à forte abondance est attendue dans un microbiote métaboliquement actif — cela signifie que les bactéries sont vivantes, se reproduisent et traitent les nutriments.

Pertinence clinique des voies fonctionnelles : la présence de voies housekeeping est nécessaire mais non suffisante pour un microbiote sain. Ce qui est cliniquement pertinent est l'appauvrissement de voies spécifiques de production du butyrate (voie butyryl-CoA acétate CoA-transférase) et l'élévation des voies pro-inflammatoires (synthèse du LPS, flagelles). Ces altérations fonctionnelles se reflètent déjà dans les biomarqueurs de la section 7 (capacité butyrogénique, risque de *C. difficile*) et sont cliniquement plus exploitables que l'abondance individuelle de chaque voie housekeeping.

9. Pathogènes détectés (bactériens + eucaryotes + champignons)

9.1 Pathogènes bactériens

[MODÉRÉ] *Escherichia coli* (pathotypes) — MODÉRÉ - Abondance : 0.00 % | Reads : 28,426 -
Signification clinique : Gènes de virulence d'*E. coli* entéropathogène
(stx1/stx2/eae/ipaH/elt/est/aggR/afa) NON détectés par métagénomique. *E. coli* est un

commensal ubiquitaire de l'intestin humain. La pathogénicité dépend du pathotype déterminé par des gènes de virulence spécifiques : STEC/STEC (stx1/stx2+eae), EPEC (eae), ETEC (elt/est), EIEC (ipaH), EAEC (aggR/afa). Sans ces déterminants, la souche détectée représente probablement une colonisation commensale non pathogène. Interpréter en contexte clinique : en cas de diarrhée aiguë ou de SHU, confirmer par PCR multiplex des pathotypes + toxine de Shiga dans les selles. La déclaration obligatoire (RD 1054/2002) ne s'applique qu'au STEC confirmé par laboratoire.

[MODÉRÉ] Clostridioides difficile — MODÉRÉ - Abondance : 0.00 % | Reads : 2,945 - Signification clinique : tcdA/tcdB NON détectés par métagénomique — souche NON toxigène. Colonisation asymptomatique, ne nécessite pas de traitement par vancomycine orale ni fidaxomicine. Confirmer par PCR des toxines A/B en cas de clinique compatible (diarrhée, fièvre, leucocytose). McDonald 2018 IDSA/SHEA Clin Infect Dis 66:e1.

9.1.x Ambiguïtés taxonomiques (cross-mapping probable)

△ Note : Shigella détecté (0.33 %) est probablement un cross-mapping d'E. coli entéro-invasive (EIEC, ipaH+). E. coli est 22.7x plus abondant. Confirmer par PCR spécifique ipaH + MLST en cas de clinique compatible.

9.3 Champignons (mycobiome)

Note sur la détection fongique par métagénomique shotgun : la biomasse fongique dans les selles est typiquement <0.1 % du métagénome total (Nash et al. 2017, Microbiome). La sensibilité du shotgun pour les champignons est inférieure à celle des bactéries en raison de la faible abondance, d'une paroi cellulaire résistante à la lyse (chitine/glucanes) et de grands génomes à plus faible couverture par profondeur de séquençage. Un résultat négatif n'écarte PAS une infection fongique cliniquement pertinente. Toujours interpréter dans le contexte clinique et diététique du patient.

Méthodologie de classification : les champignons sont classés selon la matrice BugID/BugSeq (2026) : classification clinique de l'espèce (selon les listes de priorité OMS/ECDC) × seuil universel de signal. Le seuil a été calibré par rapport à la distribution naturelle de l'abondance fongique dans le métagénome fécal humain : le point de rupture à 10 RPM sépare le bruit de fond mycobiotique normal du signal élevé, de manière cohérente avec le minimum de reporting de MetaMIC. Un plancher absolu de 30 reads filtre le bruit de cross-mapping. IMPORTANT : il n'existe pas de seuils validés par espèce dans la littérature pour les champignons dans les selles par shotgun — ces seuils sont de dépistage, non diagnostiques. Toute détection au niveau de traces nécessite une confirmation orthogonale (culture + PCR ITS) avant toute décision clinique.

Mycobiome — traces sans signification clinique

- Des traces d'ADN fongique environnemental/diététique (12 espèces : Aspergillus flavus,

Candida albicans, *Candida auris*, *Candida glabrata*, *Candida krusei*... ; 1748 reads au total) ont été détectées chez un patient ambulatoire immunocompétent. Sans signification clinique. Confirmer par culture + PCR ITS uniquement en présence de facteurs de risque (immunodépression, hospitalisation, NPT, antifongiques antérieurs).

Gold standard de confirmation pour les champignons : culture en milieu CHROMagar/Sabouraud + MALDI-TOF + PCR ITS1/ITS2. L'identification taxonomique par shotgun a une valeur de dépistage ; la confirmation de l'espèce et l'antifongigramme nécessitent un isolement en culture.

△ Abondance très faible (<0.01 %). La détection de champignons au niveau de traces en métagénomique shotgun peut refléter : (1) une colonisation subclinique réelle, (2) une contamination environnementale (spores ubiquistes) ou (3) une origine diététique (pain, bière, fromage, probiotiques). La paroi cellulaire fongique (chitine/glucanes) est résistante à la lyse standard de l'extraction d'ADN, ce qui sous-estime l'abondance réelle. Corréler avec la clinique et envisager une culture ciblée en présence de facteurs de risque (immunodépression, hospitalisation prolongée, nutrition parentérale, antibiothérapie à large spectre).

AVERTISSEMENT — Faux positifs diététiques : la détection d'ADN de *Saccharomyces cerevisiae* (levure de boulangerie/bière) est fréquente en shotgun fécal et reflète presque toujours une consommation diététique récente (pain, bière, vin, fromage, probiotiques *S. boulardii*), PAS une infection. TOUJOURS interpréter dans le contexte diététique avant d'attribuer une signification clinique.

9.4 Virus / phages

- Charge totale de phages (325 lectures) : 0.0050 %

Note clinique : les virus détectés sont des bactériophages commensaux, composants normaux du microbiote intestinal sans implication clinique connue. Aucun virus à ADN humain pathogène n'a été détecté au-dessus des seuils de rapport.

9.x Ambiguïtés taxonomiques (cross-mapping probable)

Les observations suivantes sont signalées comme cross-mapping probable avec un taxon plus abondant. Elles ne doivent pas être interprétées comme des pathogènes confirmés ; elles nécessitent une PCR/MLST spécifique avant toute décision clinique.

- △ *Shigella* détecté (0.33 %) est probablement un cross-mapping d'*E. coli* entéro-invasive (EIEC, ipaH+). *E. coli* est 22.7x plus abondant. Confirmer par PCR spécifique ipaH + MLST en cas de clinique compatible.

10. Résistance aux antibiotiques (gènes AMR)

[OK] Aucun gène de résistance acquise n'a été détecté dans les contigs assemblés (AMRfinderPlus + VFDB).

Note : l'absence d'ARG dans le métagénome ne garantit PAS la sensibilité phénotypique. EUCAST 2024 : VME < 5 % pour seulement 44 % des antibiotiques. Nécessite culture + antibiogramme.

11. Recommandations hiérarchisées

Priorité	Action	Justification	Gold standard	Délai
SUIVI	Suivi clinique habituel. Re-test du microbiote uniquement si les symptômes persistent ou si des facteurs changent (antibiothérapie, régime, FMT).	Décidé selon la sévérité Surveillance	Suivi clinique habituel	Uniquement si symptômes

12. Conclusions cliniques

- Indice de dysbiose : 1.281 (bande légèrement altérée).
- Enterotype Dysbiosis Score : 0.29 (entérotipe défini).
- Expansion commensale réactive d'Escherichia coli, Clostridioides difficile sans gènes de virulence (VFDB négatif) — ne suggère pas d'infection aiguë. Aucune action clinique spécifique requise.
- Aucun gène de résistance acquise aux antibiotiques n'a été détecté.
- Avertissement : rapport de. Ne constitue pas un diagnostic médical. L'interprétation nécessite une corrélation clinique complète.

13. Méthodologie et limitations — conformité réglementaire

- STORMS guidelines, Mirzayi et al. Nat Med 2021
- MixS-Human v6.3.0 (Genomic Standards Consortium)
-
- EUCAST 2025 + IDSA/SHEA antimicrobial stewardship
- Pipeline : GenePortal Microbiote Humain v2.1 (métagénomique shotgun)
- Généré : 2026-07-05 22:57

Limitations :

- Le shotgun DNA ne détecte pas les virus à ARN (coronavirus, rotavirus, calicivirus, astrovirus) ; il nécessite un RNA-seq ou une PCR spécifique.
- L'abondance relative n'équivaut ni à la viabilité ni à un comptage absolu d'UFC ; le DI numérique officiel nécessite une qPCR quantitative.
- Le shotgun fournit le génotype AMR mais pas le profil phénotypique (CMI) ; il nécessite une culture ciblée + antibiogramme.
- Les pathogènes critiques eucaryotes (p. ex. Giardia, Cryptosporidium) nécessitent une PCR spécifique comme gold standard — la sensibilité du shotgun à ~3-6M lectures est limitée.
- L'interprétation clinique nécessite une corrélation avec le tableau clinique, le régime, les traitements antérieurs et d'autres examens complémentaires.

14. Validation

Rôle	Nom	N° d'ordre
Responsable de l'analyse (bioinformatique)	_____	OmicaLabs SL — Pipeline GenePortal Microbiote Humain v2.1
Responsable de la validation clinique	Juan Carlos Barba Carretero	N° Col. 002395189P

OmicaLabs SL — Rapport de support à la décision clinique. Traitement, analyse et interprétation réalisés conformément à STORMS (Mirzayi 2021), MixS-Human v6.3.0 et ISO/TS 24420:2023 pour le traitement des données métagénomiques shotgun.