

Rapport Microbiote Intestinal — Humain

Patient : Homo sapiens · M5 Âge : 32 ans Sexe : M Date de prélèvement : 2026-04-15 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 (32 ans, M)

Verdict principal : Donneur de FMT : NON ÉLIGIBLE — Clostridium perfringens (1607 reads), Clostridioides difficile (7433 reads), Giardia intestinalis (G. duodenalis) (807 reads). Tout pathogène intestinal exclut ou nécessite une clarification préalable au don.

Profil avec dysbiose légère (bande légèrement altérée).

2. Données cliniques du patient

Champ	Valeur
Espèce	human
Âge	32
Sexe	M
Poids (kg)	76.0
Régime	méditerranéen/omni (riche en fibres, fruits, légumes, poisson, légumineuses)
Antibiotiques (30 derniers j)	False
Antibiotique (médicament)	—

Champ	Valeur
Probiotiques	False
Date de prélèvement	2026-04-15
Stockage	—
Géographie (ISO)	AU-QLD

2.1 Contexte clinique

Motif du test : Contrôle sain pour l'établissement d'une ligne de base personnelle du microbiote intestinal. Donneur dépisté pour un programme de transplantation de microbiote fécal (FMT).

Symptômes principaux : - Asymptomatique sur le plan digestif. Selles Bristol 3-4, 1-2/jour, sans gêne abdominale.

Antécédents pertinents : - Aucun antécédent de maladie gastro-intestinale - Coloscopie de dépistage FMT : muqueuse endoscopiquement normale dans tous les segments - Biopsies coliques : aucun résultat histopathologique (sans inflammation, sans dysplasie) - Sérologies négatives : VIH, VHB, VHC, syphilis, Strongyloides, CMV, EBV - Coproculture + parasites : négative (y compris microsporidies, Cyclospora, Cystoisospora) - PCR toxine A/B C. difficile : négative - Toxine A/B C. difficile dans les selles : négative - Calprotectine fécale < 50 µg/g - Aucun voyage en zone tropicale au cours des 12 derniers mois - Aucun tatouage ni piercing au cours des 6 derniers mois - Exercice régulier : course 3-4 fois/semaine + natation

Médication actuelle : - Aucune

Antécédents familiaux : - Aucun antécédent familial de MICI, de cancer colorectal ni de maladie cœliaque

3. Qualité de l'échantillon (QC)

Métrique	Valeur	État
Lectures totales	42,015,912	—
Lectures de l'hôte	0.0%	OK
Lectures post-filtrage	42,011,710	—
Lectures classées	12,633,594	—
NTC	—	—

Métrique	Valeur	État
Mock community	—	—
Batch QC	Non évalué	—

4. Composition taxonomique

4.1 Top 5 phyla

Phylum	Abondance %
Bacillota (Firmicutes)	58.33
Bacteroidota (Bacteroidetes)	36.06
Pseudomonadota (Proteobacteria)	2.29
Actinomycetota (Actinobacteria)	1.97
Thermodesulfobacteriota	0.75

4.2 Top 10 genres

Genre	Abondance %
Bacteroides	29.18
Phocaeicola (reclassification GTDB de Bacteroides (vulgatus, distasonis, etc.))	16.70
Alistipes	5.67
Parabacteroides	3.23
Odoribacter	0.90
Butyricimonas	0.06
Muribaculum (Muribaculaceae)	0.04
Paramuribaculum	0.04
Duncaniella	0.02

Genre	Abondance %
Sodaliphilus	0.00

4.3 Genres d'intérêt clinique

- Phocaeicola (16.70 %) : Reclassifié depuis Bacteroides (GTDB). Impliqué dans le métabolisme des acides biliaires. Genre courant du microbiote intestinal humain.
- Mediterraneibacter (1.83 %) : 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	2.538	2.5 - 4.5 (sain)
Simpson	0.852	0.8 - 0.98 (sain)
Chao1	799.1	—
ASVs observés	—	—
Équitabilité de Pielou	0.436	—

5. Indice de dysbiose (proxy iHMP HMP2)

- Indice de dysbiose (somme des z-scores) : 0.602 (légèrement altéré)
- Ratio Bacillota / Bacteroidota : 1.618 (normal)
- Distance β (Bray-Curtis vs centroïde sain) : 0.7643
- Distance β (euclidienne, log10) : 0.5974
- 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	16.06	0.01	santé	-0.01
Roseburia	1.43	-0.25	santé	+0.25
Alistipes	5.67	0.12	santé	-0.12
Prevotella	0.010	0.37	santé	-0.37
Ruminococcus	1.40	0.49	santé	-0.49
Coprococcus	0.41	0.59	santé	-0.59
Subdoligranulum	0.07	-2.31	santé	+2.31
Akkermansia	0.21	0.65	santé	-0.65
Escherichia coli	0.03	0.28	dysbiose	+0.28
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	16.06	—	normal
Roseburia	1.43	—	normal
Alistipes	5.67	—	normal
Prevotella	0.01	—	normal
Ruminococcus	1.40	—	normal
Coprococcus	0.41	—	normal

Genre	Détecté %	Plage saine	État
Subdoligranulum	0.07	—	faible
Akkermansia	0.21	—	normal
Escherichia coli	0.03	—	normal
Clostridium (sensu stricto)	0.00 (non détecté)	—	faible

Total producteurs de SCFA : 60.96 % (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=66%, ES-P=0%, ES-F=31%, ES-Bf=2%, ES-Ec=0%
- EDS (Enterotype Dysbiosis Score) : 0.34 (entérotipe mixte)
- GMHI (Gut Microbiome Health Index) : 0.36 (sain (prédit))
- GMWI2 (Chang/Gupta 2024) : -0.740 (fortement non sain) [43S/31NS taxons détectés]
- ICB = 12.1 % (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 : bas
- 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=-6.19 | 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
 - Prevotella modifié (0.01 %) — 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 MODÉRÉES (2 alertes)

- Indice de dysbiose=0.6 — légèrement altéré
- DI légèrement altéré
- Âge estimé : 32 ans (déclaré) (selon les données du patient)

Interprétation clinique

Entérotipe ES-B (Bacteroides-dominant) avec une appartenance forte (0.66). Profil compatible avec Bacteroides-dominant. Les entérotypes représentent des tendances continues, et non des catégories discrètes (Bulygin 2023).

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 métagénomiques)
- Keller et al. 2024, bioRxiv 2024.08.13.607711 (entérotypage flou, EDS, 16,772 métagénomiques)
- 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 métagénomiques, 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 métagénomiques)
- 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 métagénomiques)
- 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 métagénomiques, 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 (HUMAnN 3 + dbCAN 3)

Voies métaboliques les plus représentées (top 10)

Voie métabolique	Abondance (RPKM)	Interprétation clinique
PWY-7238: sucrose biosynthesis II	27,840	Métabolisme des glucides — Biosynthèse du saccharose. Indique une activité glycolytique bactérienne active.
PWY-1042: glycolysis IV	23,237	Glycolyse — Glycolyse (glycolyse EMP). Voie centrale du métabolisme énergétique bactérien.
VALSYN-PWY: L-valine biosynthesis	21,461	Synthèse des acides aminés — Biosynthèse de la valine. Activité métabolique basale.
DTDPRHAMSYN-PWY: dTDP-β-L-rhamnose biosynthesis	21,021	Synthèse de la paroi cellulaire — Biosynthèse du dTDP-L-rhamnose (composant du LPS et de la paroi).
PWY-5686: UMP biosynthesis I	20,900	Synthèse des nucléotides — Biosynthèse de l'UMP (uridine). Activité proliférative bactérienne basale.
PWY-7790: UMP biosynthesis II	20,900	Synthèse des nucléotides — Biosynthèse de l'UMP (voie alternative). Activité proliférative bactérienne.
PWY-7791: UMP biosynthesis III	20,900	Synthèse des nucléotides — Biosynthèse de

Voie métabolique	Abondance (RPKM)	Interprétation clinique
		l'UMP (voie alternative). Activité proliférative bactérienne.
PWY66-429: fatty acid biosynthesis initiation (mitochondria)	20,593	Activité métabolique bactérienne — Voie métabolique bactérienne — partie du métabolisme basal du microbiote intestinal.
PWY-6163: chorismate biosynthesis from 3-dehydroquinate	20,541	Synthèse des acides aminés — Biosynthèse du chorismate (précurseur des acides aminés aromatiques).
GLYCOGENSYNTH-PWY: glycogen biosynthesis I (from ADP-D-Glucose)	10,256	Métabolisme du glycogène — Biosynthèse du glycogène bactérien. Réserve énergétique.

601 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, 8 sont des voies housekeeping (métabolisme basal : glycolyse, acides aminés, nucléotides, paroi cellulaire) et 2 sont des voies 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] *Clostridium perfringens* — MODÉRÉ - Abondance : 0.00 % | Reads : 1,607 - Signification clinique : Gènes *cpe/cpa/netE/netF* NON détectés par métagénomique. *cpe* code l'entérotoxine responsable de la toxi-infection alimentaire (type A) et de l'entérite nécrosante (type C). *cpa* (alpha-toxine) est le marqueur de la gangrène gazeuse. Si le patient est asymptomatique, cet isolat représente probablement une colonisation commensale.

[MODÉRÉ] *Clostridioides difficile* — MODÉRÉ - Abondance : 0.00 % | Reads : 7,433 - 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.

[FAIBLE] *Giardia intestinalis* (*G. duodenalis*) — FAIBLE - Abondance : 0.00 % | Reads : 807 - Signification clinique : Giardiose — principale parasitose intestinale à potentiel de notification (assemblages A et B). Diarrhée chronique.

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.

Traces possibles

- **Candida auris (champignon)** — Abondance : 0.0000% | Reads : 209 | 5.0 RPM
 - Signification clinique : Priorité critique 1 de l'OMS. Pathogène nosocomial MDR émergent. Résistant aux azolés, souvent aux échinocandines, occasionnellement à l'amphotéricine B. Colonisation intestinale = réservoir potentiel d'épidémies en réanimation. La détection chez un patient hospitalisé/immunodéprimé nécessite une confirmation urgente et l'évaluation de l'activation d'un protocole de contrôle des infections. Chez un patient ambulatoire immunocompétent, les détections de faible signal (<10 RPM) ont une forte probabilité d'être un cross-mapping de Kraken2 — toujours confirmer par culture avant d'agir.
 - Gold standard de confirmation : Culture CHROMagar + MALDI-TOF (peut être confondu avec *C. haemulonii* sur les systèmes Vitek2) + PCR spécifique *C. auris* + séquençage D1/D2
 - ⚠ PRIORITÉ CRITIQUE 1 DE L'OMS — détection au niveau de traces. Des lectures compatibles avec *Candida auris* sont détectées mais en dessous du seuil de signal clinique (10 RPM). Chez un patient ambulatoire immunocompétent sans hospitalisation récente, la probabilité qu'il s'agisse d'un faux positif par cross-mapping de Kraken2 est élevée. NE PAS activer de protocole de contrôle des infections sans confirmation préalable par culture CHROMagar + MALDI-TOF + PCR spécifique. Si le patient est hospitalisé, en réanimation ou immunodéprimé, envisager une confirmation urgente et activer le protocole si elle est confirmée.
- **Candida krusei (champignon)** — Abondance : 0.0000% | Reads : 69 | 1.6 RPM
 - Signification clinique : Résistant INTRINSÈQUEMENT au fluconazole. Émergent en onco-hématologie avec prophylaxie azolée. Détection dans les selles + neutropénie + prophylaxie au fluconazole = HAUTE valeur clinique (pression sélective). Mortalité 40-60 %.
 - Gold standard de confirmation : Culture CHROMagar + MALDI-TOF + PCR ITS (colonies rose pâle caractéristiques sur CHROMagar)
- **Cryptococcus neoformans (champignon)** — Abondance : 0.0000% | Reads : 235 | 5.6 RPM
 - Signification clinique : Levure encapsulée opportuniste. Méningo-encéphalite dans le SIDA (CD4<100). Colonisation intestinale documentée comme porte d'entrée. Détection fécale + SIDA/immunodépression cellulaire grave → dépistage systémique (CrAg sérique urgent). Chez l'immunocompétent : environnemental (fientes de pigeon/eucalyptus).
 - Gold standard de confirmation : Encre de Chine LCR + culture Sabouraud + test à l'uréase + agglutination au latex (CrAg) + MALDI-TOF

Observations fortuites

- *Aspergillus flavus* (champignon) — Abondance : 0.0000% | Reads : 150 | 3.6 RPM
 - Signification clinique : 2e *Aspergillus* clinique. Producteur d'aflatoxines (cancérogène CIRC Groupe 1). Sinusite fongique invasive + kératite. Détection fécale : possible colonisation pré-invasive chez l'immunodéprimé OU exposition diététique aux aflatoxines (céréales/fruits secs).
 - Gold standard de confirmation : Culture Sabouraud + MALDI-TOF + PCR ITS/calmoduline + galactomannane
- *Candida parapsilosis* (champignon) — Abondance : 0.0000% | Reads : 188 | 4.5 RPM
 - Signification clinique : 3e *Candida* clinique. Associé aux nouveau-nés en USIN, aux cathéters, à la NPT. Forme des biofilms sur les dispositifs. Pertinent en hospitalisation prolongée. Généralement sensible aux azolés.
 - Gold standard de confirmation : Culture + MALDI-TOF + PCR ITS
- *Candida tropicalis* (champignon) — Abondance : 0.0000% | Reads : 106 | 2.5 RPM
 - Signification clinique : 4e *Candida* clinique. Hautement virulent (protéinases, filamentation). Associé à une neutropénie profonde onco-hématologique. Invasion tissulaire plus importante que les autres *Candida* spp. Mortalité de 30-50 % en cas de candidémie.
 - Gold standard de confirmation : Culture CHROMagar + MALDI-TOF + PCR ITS
- *Candida albicans* (champignon) — Abondance : 0.0000% | Reads : 79 | 1.9 RPM
 - Signification clinique : Levure commensale digestive la plus fréquente. Pathogène opportuniste chez les immunodéprimés (neutropénie, transplantation, SIDA). Candidose invasive à partir du tractus digestif. >0.1 % chez un patient à facteurs de risque = pullulation pertinente.
 - Gold standard de confirmation : Culture CHROMagar + MALDI-TOF + PCR ITS1/ITS2
- *Saccharomyces cerevisiae* (champignon) — Abondance : 0.0000% | Reads : 127 | 3.0 RPM
 - Signification clinique : Levure de boulangerie/bière. La majorité des cas = DIÉTÉTIQUE (pain, bière, vin, fromage, probiotiques *S. boulardii*). En réanimation/immunodéprimé grave, peut provoquer une fongémie par translocation. AVERTISSEMENT FP : régime riche en pain/bière/fromage → lectures positives sans infection réelle. TOUJOURS interpréter dans le contexte diététique.
 - Gold standard de confirmation : Culture Sabouraud + MALDI-TOF + PCR ITS
- *Candida glabrata* (champignon) — Abondance : 0.0000% | Reads : 105 | 2.5 RPM
 - Signification clinique : 2e *Candida* clinique. Résistance fréquente au fluconazole

(CMI élevée intrinsèque). Émergent en réanimation/onco-hématologie/transplantation. Détection fécale pertinente si prophylaxie azolée préalable. Candidémie avec une mortalité de 40-50 %.

- Gold standard de confirmation : Culture CHROMagar + MALDI-TOF + PCR ITS
- *Pneumocystis jirovecii* (champignon) — Abondance : 0.0000% | Reads : 33 | 0.8 RPM
 - Signification clinique : Champignon atypique. Pneumonie à PCP chez les immunodéprimés graves (SIDA CD4<200, transplantation, corticoïdes, anti-TNF). La colonisation intestinale documentée chez les VIH+ peut précéder une infection pulmonaire. TOUTE détection fécale + facteurs de risque de PCP + clinique respiratoire → dépistage urgent (bêta-D-glucane + PCR LBA). Chez l'immunocompétent : colonisation subclinique spontanément résolutive.
 - Gold standard de confirmation : PCR spécifique *P. jirovecii* (mtLSU rRNA ou bêta-tubuline) sur LBA/crachat induit + bêta-D-glucane sérique + immunofluorescence directe
- *Malassezia restricta* (champignon) — Abondance : 0.0000% | Reads : 79 | 1.9 RPM
 - Signification clinique : Commensal cutané lipophile. Association émergente avec la maladie de Crohn (Limon 2019 mBio) et la RCH — possible rôle dans l'inflammation intestinale via l'immunité antifongique Th17. Dans la MICI : biomarqueur de dysbiose fongique. Chez le sujet sain : contamination cutanée ou commensalisme sans signification.
 - Gold standard de confirmation : PCR ITS + culture en milieu Dixon (nécessite des lipides ; ne pousse pas sur Sabouraud standard)
- *Malassezia globosa* (champignon) — Abondance : 0.0000% | Reads : 60 | 1.4 RPM
 - Signification clinique : Commensal cutané lipophile. Avec *M. restricta*, associé au microbiote intestinal des MICI (Crohn, RCH). Possible déclencheur d'inflammation via dectine-1/CARD9. Dans la MICI active : marqueur d'un mycobiome pro-inflammatoire. Chez le sujet sain : sans signification clinique.
 - Gold standard de confirmation : PCR ITS + culture en milieu Dixon modifié

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

- Phage : uncultured phage cr2_1: 0.0051%
- Phage : uncultured phage cr13_1: 0.0047%
- Phage : Faecalibacterium phage FP_Brigit: 0.0024%
- Phage : Faecalibacterium phage FP_Taranis: 0.0022%
- Phage : Faecalibacterium phage FP_Epona: 0.0006%

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.

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
COMPLÉMENTAIRE	PCR de confirmation <i>Giardia intestinalis</i> (<i>G. duodenalis</i>)	Détecté à 0.00 %	PCR spécifique	1-2 semaines
URGENT	Écarter le candidat au don de FMT	<i>Clostridium perfringens</i> , <i>Clostridioides difficile</i> , <i>Giardia intestinalis</i> (<i>G. duodenalis</i>) détectés	Protocole d'exclusion de donneur de FMT	Immédiat

12. Conclusions cliniques

- Indice de dysbiose : 0.602 (bande légèrement altérée).
- Enterotype Dysbiosis Score : 0.34 (entérotipe mixte).
- Donneur de FMT : NON ÉLIGIBLE en raison de la détection de *Clostridium perfringens*, *Clostridioides difficile*, *Giardia intestinalis* (*G. duodenalis*). Le don n'est pas indiqué avant confirmation/résolution selon le protocole.
- 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
- MlxS-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		OmicaLabs SL — Pipeline GenePortal Microbiote

Rôle	Nom	Nº d'ordre
(bioinformatique)	—	Humain v2.1
Responsable de la validation clinique	Juan Carlos Barba Carretero	Nº 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.