

Rapport Microbiote Intestinal — Humain

Patient : Homo sapiens · M6 Âge : 37 ans Sexe : F Date de prélèvement : 2026-05-08 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 (37 ans, F)

Surveillance de l'activité dans la rectocolite hémorragique : profil microbiomique avec dysbiose légère. Aucun pathogène bactérien ni eucaryote de priorité clinique élevée détecté. Malgré la dysbiose légère, les marqueurs d'activité inflammatoire documentée (calprotectine 580 µg/g, Mayo 2, PCR 22 mg/L, diarrhée avec sang, ténésme, perte de poids significative) indiquent une maladie active ; la clinique prévaut.

2. Données cliniques du patient

Champ	Valeur
Espèce	human
Âge	37
Sexe	F
Poids (kg)	68.0
Régime	omnivore (occidental)
Antibiotiques (30 derniers j)	False
Antibiotique (médicament)	—

Champ	Valeur
Probiotiques	False
Date de prélèvement	2026-05-08
Stockage	—
Géographie (ISO)	US

2.1 Contexte clinique

Motif du test : Surveillance de l'activité inflammatoire dans une rectocolite hémorragique gauche diagnostiquée il y a 4 ans. Poussées alternant avec des périodes de rémission partielle sous mésalazine orale + topique.

Symptômes principaux : - Diarrhée avec sang et glaires (5-6 selles/jour lors de la poussée actuelle, Bristol 6) - Urgence fécale et ténésme - Douleur abdominale colique en fosse iliaque gauche - Perte de 4 kg en 8 semaines

Antécédents pertinents : - Rectocolite hémorragique gauche (E2 Montréal) diagnostiquée en 2015 par coloscopie avec biopsies - Dernière coloscopie (2023) : activité modérée Mayo 2 jusqu'à l'angle splénique - Calprotectine fécale 580 µg/g (juin 2025) - PCR 22 mg/L, anémie ferriprive légère (Hb 11.2 g/dL) - Réfractaire à la mésalazine orale 4.8 g/jour + mousse rectale lors de la dernière poussée

Médication actuelle : - Mésalazine orale 4.8 g/jour - Mésalazine mousse rectale 1 g le soir - Fer oral 100 mg/jour

Antécédents familiaux : - Mère : rectocolite hémorragique (pancolite, colectomie à 52 ans)

3. Qualité de l'échantillon (QC)

Métrique	Valeur	État
Lectures totales	13,777,944	—
Lectures de l'hôte	0.1%	OK
Lectures post-filtrage	13,771,055	—
Lectures classées	3,929,272	—
NTC	—	—

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

4. Composition taxonomique

4.1 Top 5 phyla

Phylum	Abondance %
Bacillota (Firmicutes)	65.34
Bacteroidota (Bacteroidetes)	32.79
Actinomycetota (Actinobacteria)	1.49
Pseudomonadota (Proteobacteria)	0.38

4.2 Top 10 genres

Genre	Abondance %
Bacteroides	30.63
Phocaeicola (reclassification GTDB de Bacteroides (vulgatus, distasonis, etc.))	22.19
Alistipes	0.81
Parabacteroides	0.12
Barnesiella	0.01
Copro bacter	0.01
Prevotella	0.01
Paraprevotella	0.00
Segatella (reclassification GTDB de Prevotella copri)	0.00
Butyricimonas	0.01

4.3 Genres d'intérêt clinique

- Phocaeicola (22.19 %) : Reclassifié depuis Bacteroides (GTDB). Impliqué dans le métabolisme des acides biliaires. Genre courant du microbiote intestinal humain.
- Mediterraneibacter (1.68 %) : Reclassifié depuis Ruminococcus (GTDB). Producteur d'acétate. Fait partie du groupe Lachnospiraceae, courant dans le microbiote sain.

4.4 Diversité alpha

Indice	ValeurPlage saine	
Shannon	2.219	2.5 - 4.5 (sain)
Simpson	0.826	0.8 - 0.98 (sain)
Chao1	533.8	—
ASVs observés	—	—
Équitabilité de Pielou	0.406	—

5. Indice de dysbiose (proxy iHMP HMP2)

- Indice de dysbiose (somme des z-scores) : 0.757 (légèrement altéré)
- Ratio Bacillota / Bacteroidota : 1.993 (normal)
- Distance β (Bray-Curtis vs centroïde sain) : 0.8205
- Distance β (euclidienne, log10) : 0.6917
- 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	7.83	-0.30	santé	+0.30
Roseburia	8.92	0.50	santé	-0.50
Alistipes	0.81	-0.25	santé	+0.25
Prevotella	0.005	0.28	santé	-0.28

Taxon	Abondance %	z-score	Direction	Contribution
Ruminococcus	3.20	0.63	santé	-0.63
Coprococcus	11.74	1.12	santé	-1.12
Subdoligranulum	0.05	-2.45	santé	+2.45
Akkermansia	0.02	0.35	santé	-0.35
Escherichia coli	0.21	0.62	dysbiose	+0.62
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.
- Δ 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	7.83	—	normal
Roseburia	8.92	—	normal
Alistipes	0.81	—	normal
Prevotella	0.005	—	normal
Ruminococcus	3.20	—	normal
Coprococcus	11.74	—	normal
Subdoligranulum	0.05	—	faible
Akkermansia	0.02	—	normal
Escherichia coli	0.21	—	normal

Genre	Déecté %	Plage saine	État
Clostridium (sensu stricto)	0.00 (non détecté)	—	faible

Total producteurs de SCFA : 68.77 % (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=57%, ES-P=0%, ES-F=41%, ES-Bf=2%, ES-Ec=0%
- EDS (Enterotype Dysbiosis Score) : 0.43 (entérotipe mixte)
- GMHI (Gut Microbiome Health Index) : 0.07 (sain (prédit))
- GMWI2 (Chang/Gupta 2024) : -0.774 (fortement non sain) [42S/31NS taxons détectés]
- ICB = 14.0 % (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=-4.11 | 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

- Akkermansia modifié (0.02 %) — Spécialiste de la mucine, santé métabolique (A. muciniphila)
- Agathobacter modifié (0.69 %) — Producteur de butyrate (A. rectalis = ex-E. rectale), fermentation des fibres
- 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
- Alistipes modifié (0.81 %) — Producteur d'AGCC — DOUBLE RÔLE (associations avec la dépression, le CCR)
- Alertes pathogènes (1) :
 - [MODÉRÉ] Clostridioides élevé (0.10 % > 0.1 %) — C. difficile détecté — signification clinique selon les toxines (tcdA/tcdB), non selon l'abondance ; toxino-typage requis

ALERTES MODÉRÉES (5 alertes)

- Diversité alpha basse (Shannon=2.22, 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=0.8 — légèrement altéré
- Akkermansia 0.02 % — spécialiste de la mucine bas
- [MODÉRÉ] Clostridioides élevé (0.10 % > 0.1 %) — C. difficile détecté — signification clinique selon les toxines (tcdA/tcdB), non selon l'abondance ; toxino-typage requis
- DI légèrement altéré

INFORMATIF (1 alertes)

- Microbiote associé à l'âge : sujet âgé (65-85 ans) (Mancabelli 2024)
- Âge estimé : 37 ans (déclaré) (selon les données du patient)

Interprétation clinique

Entérotype ES-B (Bacteroides-dominant) avec une appartenance forte (0.57). 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.
- Confondants pharmacologiques détectés dans la médication du patient : 5-ASA (mésalazine) : anti-inflammatoire intestinal qui modifie la composition du microbiote (réduit *Faecalibacterium*, augmente *Enterobacteriaceae*). Effet confondant dans la rectocolite hémorragique et la MC. Réf. : Becker 2023 Front Microbiol 14:1107976, PMID 36910207.; Supplément de fer oral : modifie la composition du microbiote intestinal (réduit *Bifidobacterium*, augmente *Enterobacteriaceae* — pullulation de pathobiontes). Effet dose-dépendant. Réf. : Yilmaz 2018 Pharmaceuticals 11(4):98.

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)

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 (HUMAnN 3 + dbCAN 3)

Voies métaboliques les plus représentées (top 10)

Voie métabolique	Abondance (RPKM)	Interprétation clinique
PWY-7238: sucrose biosynthesis II	9,682	Métabolisme des glucides — Biosynthèse du

Voie métabolique	Abondance (RPKM)	Interprétation clinique
		saccharose. Indique une activité glycolytique bactérienne active.
VALSYN-PWY: L-valine biosynthesis	8,343	Synthèse des acides aminés — Biosynthèse de la valine. Activité métabolique basale.
PWY-1042: glycolysis IV	8,240	Glycolyse — Glycolyse (glycolyse EMP). Voie centrale du métabolisme énergétique bactérien.
GLYCOGENSYNTH-PWY: glycogen biosynthesis I (from ADP-D-Glucose)	7,956	Métabolisme du glycogène — Biosynthèse du glycogène bactérien. Réserve énergétique.
PWY-5941: glycogen degradation II	7,907	Métabolisme du glycogène — Dégradation du glycogène bactérien. Réserve énergétique.
PWY-6163: chorismate biosynthesis from 3-dehydroquinate	7,188	Synthèse des acides aminés — Biosynthèse du chorismate (précurseur des acides aminés aromatiques).
ANAGLYCOLYSIS-PWY: glycolysis III (from glucose)	6,981	Activité métabolique bactérienne — Voie métabolique bactérienne — partie du métabolisme basal du microbiote intestinal.
PWY-5686: UMP biosynthesis I	6,950	Synthèse des nucléotides — Biosynthèse de l'UMP (uridine). Activité proliférative bactérienne basale.
PWY-7790: UMP biosynthesis II	6,950	Synthèse des nucléotides — Biosynthèse de l'UMP (voie alternative). Activité proliférative bactérienne.
PWY-7791: UMP biosynthesis III	3,475	Synthèse des nucléotides — Biosynthèse de l'UMP (voie alternative). Activité proliférative bactérienne.

527 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, 7 sont des voies housekeeping (métabolisme basal : glycolyse, acides aminés, nucléotides, paroi cellulaire) et 3 sont des voies de métabolisme spécialisé (fermentation, réserve énergétique, isoprénoides).

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 : 1,047 -

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 : 1,814 - 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.

[FORTUIT] *Toxoplasma gondii* — FORTUIT - Abondance : 0.00 % | Reads : 369 - Signification clinique : Observation sans action clinique dans cet échantillon. *Toxoplasma gondii* se diagnostique par sérologie (IgG/IgM) et/ou PCR dans le sang/LCR/liquide amniotique, PAS dans les selles. Aucun suivi supplémentaire n'est nécessaire en l'absence de symptômes ou de facteurs de risque (grossesse, immunodépression).

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*... ; 506 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

- Phage : uncultured phage cr110_1: 0.0067%
- Phage : uncultured phage cr11_1: 0.0045%
- Phage : Faecalibacterium phage FP_Taranis: 0.0027%
- Phage : uncultured phage cr19_1: 0.0023%

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
PRIORITAIRE	Corrélation clinique prioritaire : l'anamnèse documente une activité de la maladie (calprotectine 580 µg/g, Mayo 2, PCR 22 mg/L, diarrhée avec sang, ténesme, perte de poids significative) DISCORDANTE avec la	Sévérité microbiomique basse mais activité clinique documentée — la	Calprotectine fécale + évaluation digestive (endoscopie si	Selon le critère clinique (ne pas différer)

Priorité	Action	Justification	Gold standard	Délai
	faible sévérité microbiomique. Le microbiote n'écarte PAS une maladie active ; la conduite thérapeutique doit être guidée par la calprotectine/l'endoscopie et le jugement du spécialiste, non par le re-test du microbiote.	clinique prévaut	nécessaire)	
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 : 0.757 (bande légèrement altérée).
- Enterotype Dysbiosis Score : 0.43 (entérotipe mixte).
- 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
- 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 (bioinformatique)	_____	OmicaLabs SL — Pipeline GenePortal Microbiote 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), MlXS-Human v6.3.0 et ISO/TS 24420:2023 pour le traitement des données métagénomiques shotgun.