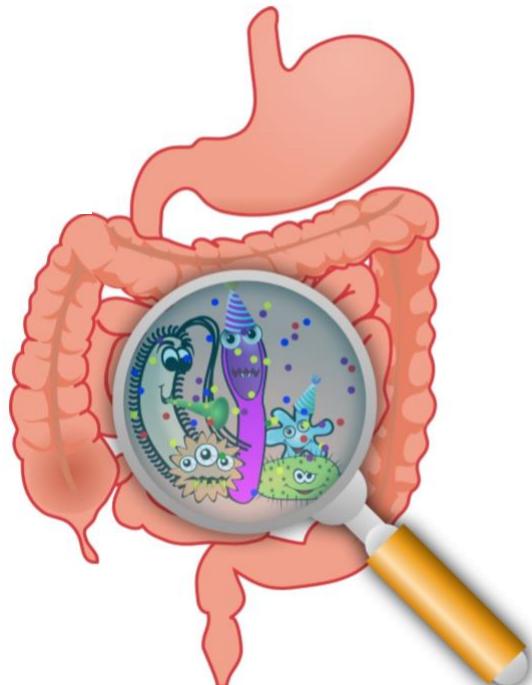


LE MICROBIOTE INTESTINAL

UN NOUVEL ORGANE



2022-2023

Dr Lise CREMET - MCU-PH

Service de Bactériologie - CHU de Nantes

Faculté de Pharmacie de Nantes

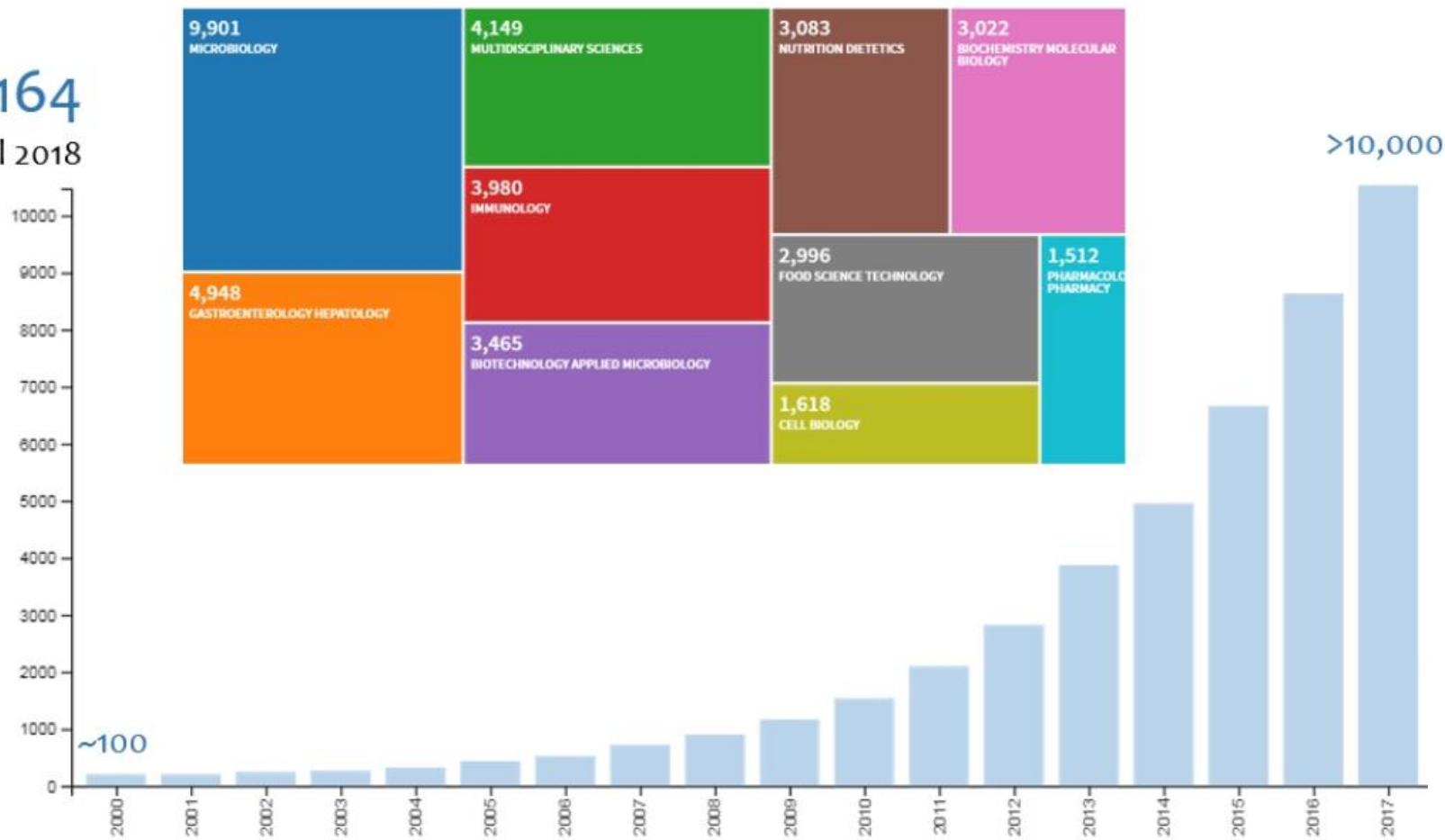
CR2TI Equipe 6, IRS2 Nantes Biotech

lise.cremet@univ-nantes.fr

lise.cremet@chu-nantes.fr

La Science du microbiome est en pleine expansion

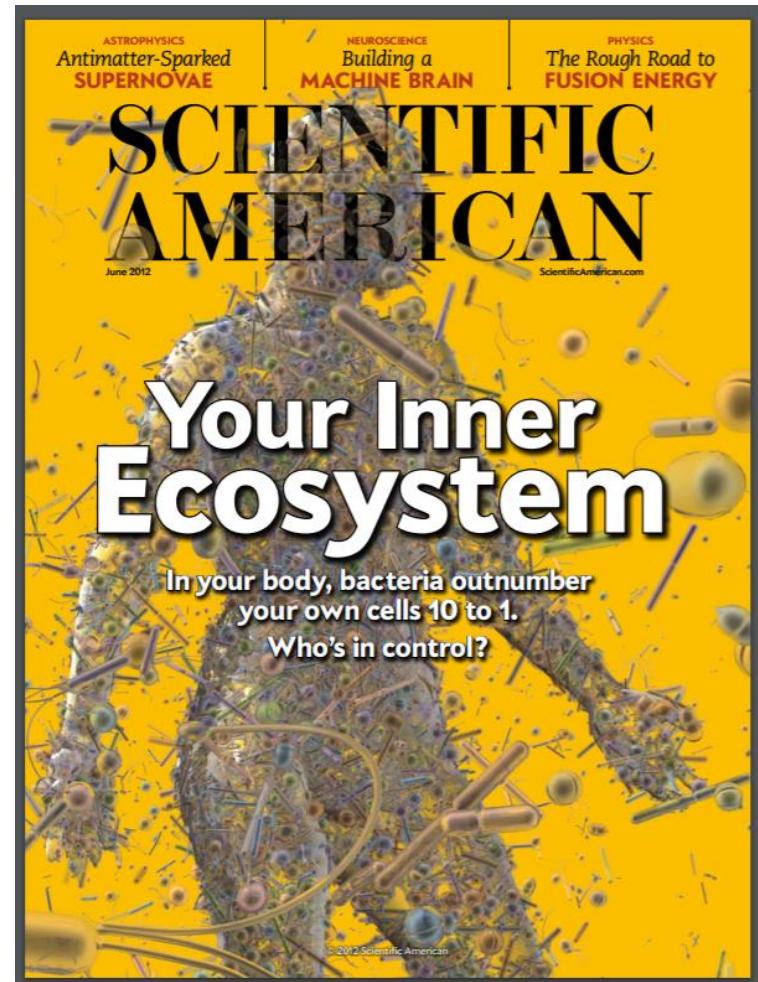
48,164
1 April 2018



Publication de la 1^{ère} métaséquence de microbiomes humains : MetaHit Consortium (Quin et al. 2010. Nature)

Le microbiote intestinal, un nouvel organe au potentiel extraordinaire

- 100 000 milliards de bactéries vivant dans notre intestin
- 1-10 fois plus que le nombre de cellules humaines
- Pèse 2 kg à lui tout seul
- $> 10^{11}$ bactéries/g de selles
- 100 fois plus de gènes que notre propre génome
- Un des écosystèmes microbiens les plus densément peuplés de la planète



Une relation symbiotique

Les bactéries profitent d'un environnement stable :

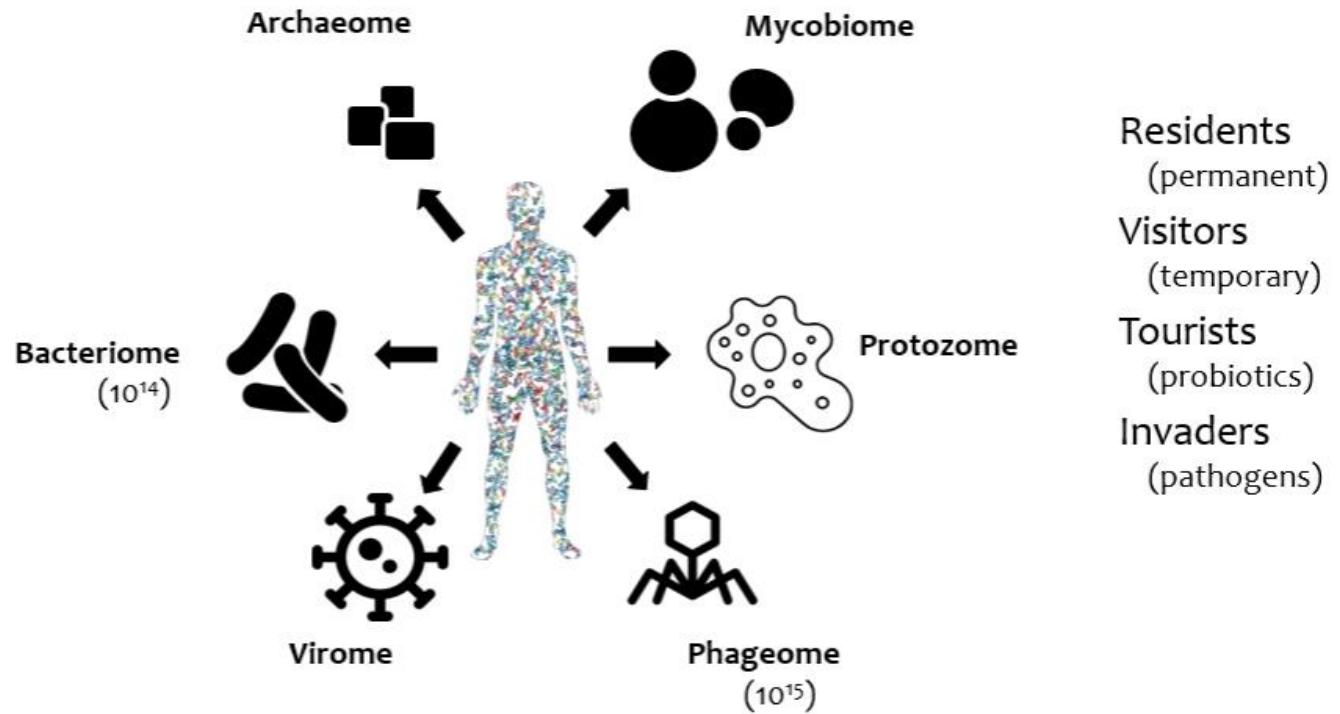
- température
- oxygène
- pH
- nutriments

L'hôte gagne :

- un large spectre de capacités digestives, métabolique et nutritionnelles
- une capacités de protection contre l'intrusion de microorganisme allogènes/pathogènes (effet barrière)
- une stimulation contrôlées de son immunité

- Un déséquilibre dans sa composition = **DYSBIOSE**

Microbiome = Bactériome + ...

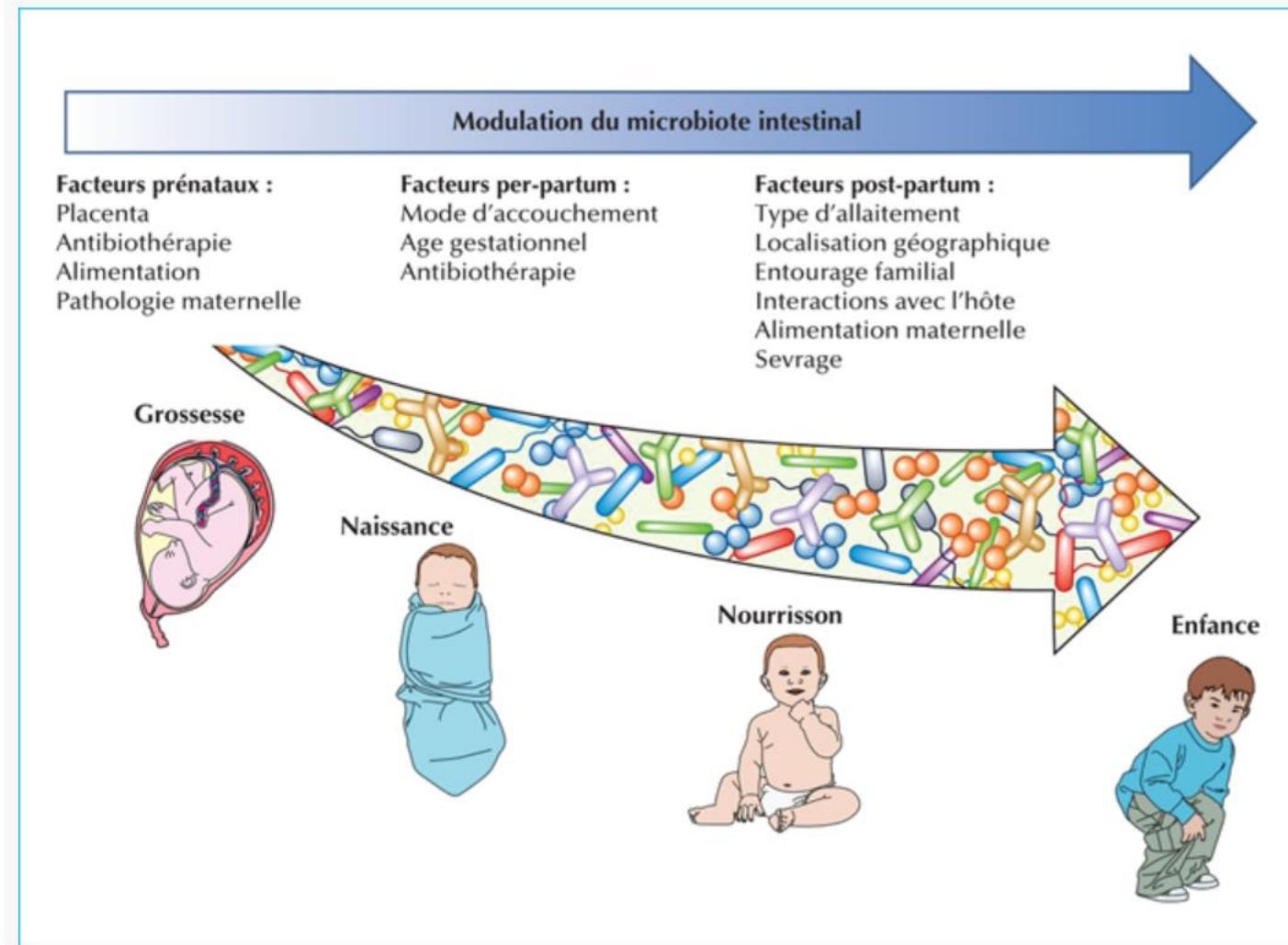


Microbiote = ensemble des micro-organismes (bactéries, levures, champignons, protistes, virus) vivant dans un environnement spécifique.

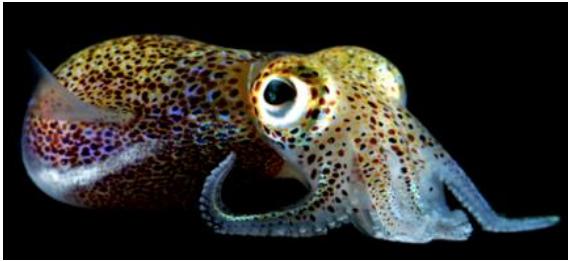
Microbiome = ensemble des génomes de micro-organismes vivant dans un organisme. Ce sont les données génétiques du microbiote

Residents
(permanent)
Visitors
(temporary)
Tourists
(probiotics)
Invaders
(pathogens)

Etablissement du microbiote intestinal



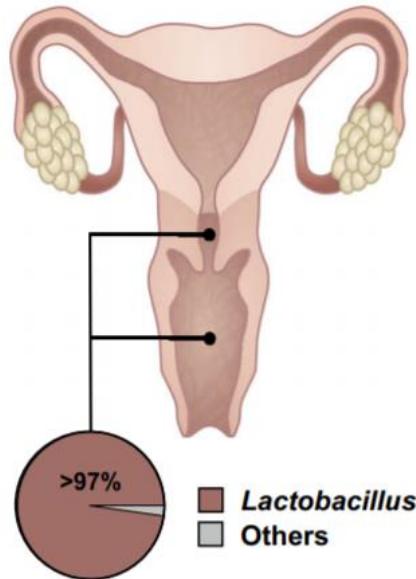
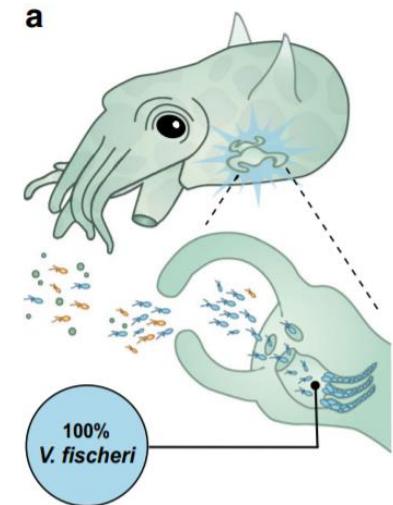
Le microbiote est considéré comme stable aux alentours de 3 ans



Contrôle de l'hôte sur son microbiote

- **Seiches sépioles bioluminescentes :**

- Hébergent une seule espèce bactérienne
- Utilisent la lumière symbiotique produite par *Vibrio fischeri*



- **Flore vaginale humaine :**

- Dominée par *Lactobacillus* (Firmicutes)
- Fermentation du glycogène produit sous contrôle hormonal (œstrogènes), en acides organiques
- Production de substances antimicrobiennes (H_2O_2 , bactériocines) et compétition vis-à-vis de certains nutriments (arginine)
- Rôle protecteur vis-à-vis d'autres pathogènes

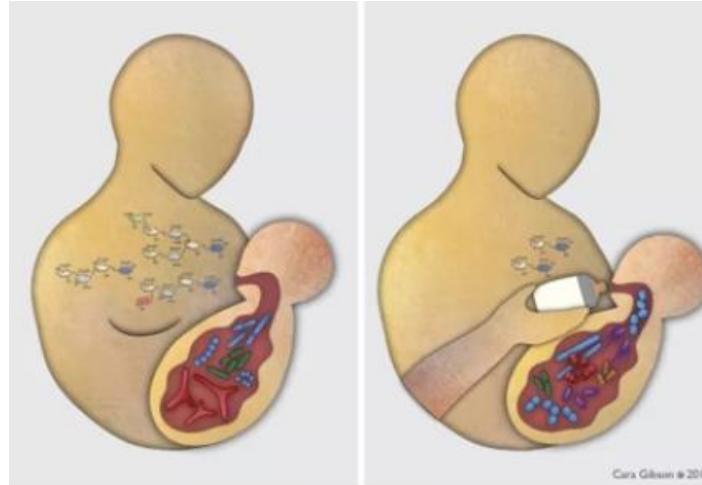
Contrôle de l'hôte sur son microbiote

• Etablissement du microbiote à la naissance

Lait maternel

*Très riche en
oligosaccharides
complexes non digérés
par le bébé*

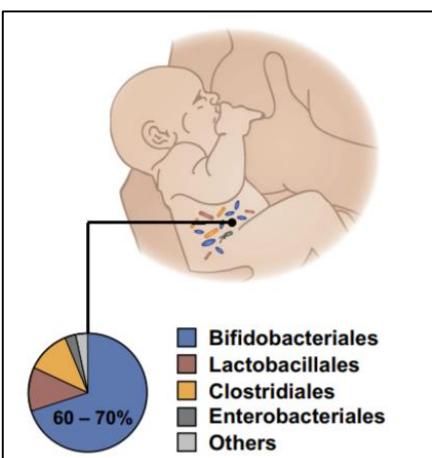
*Un assemblage unique
de bactéries*



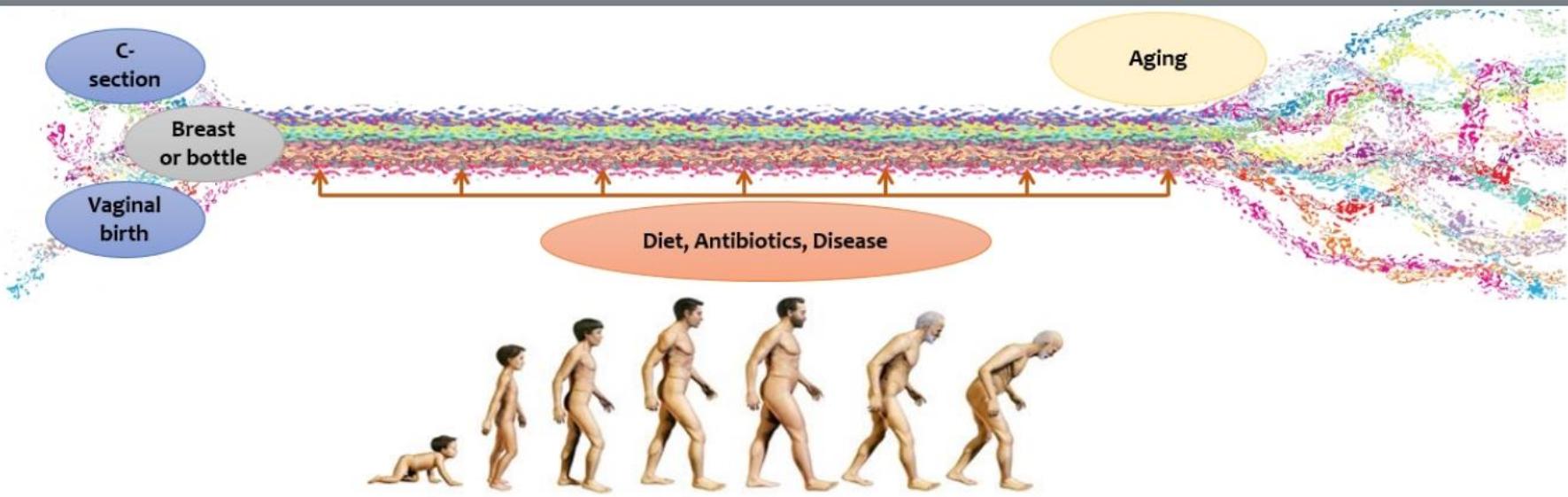
Lait maternisé

*Plus ou moins
supplémenté en
fructo et galacto-
oligosaccharides*

- L'allaitement favorise l'établissement d'un microbiote dominé par des Bifidobactéries (phylum Actinobacteria), considéré comme bénéfique
- Le nourri au lait maternisé possède un microbiote plus diversifié
- Cette diversité pourrait être néfaste chez les nourris dont le système immunitaire est en développement
- Les divers oligosaccharides contenus dans le lait maternel pourraient permettre de contrôler les abondances relatives des différentes espèces bactériennes



Stabilisation du microbiote



- Le microbiote dominant d'un individu à l'âge adulte subit peu de variations (**résilience**)
- Il est difficile de définir un microbiote fécal normal puisqu'il existe des variations interindividuelles
- Le microbiote est caractéristique de l'individu, similaire à une « empreinte digitale »
- Cette stabilité souligne une adaptation intime du microbiote à l'écosystème intestinal et par extension du microbiote à son hôte

Facteurs modulant la composition du microbiote

FACTEURS ENDOGÈNES

Système immunitaire

Génotype de l'hôte

Mucus, pH, apport O₂

Rythme circadien



FACTEURS EXOGÈNES

Micro-organismes en transit

Alimentation

Antibiotiques

Probiotiques

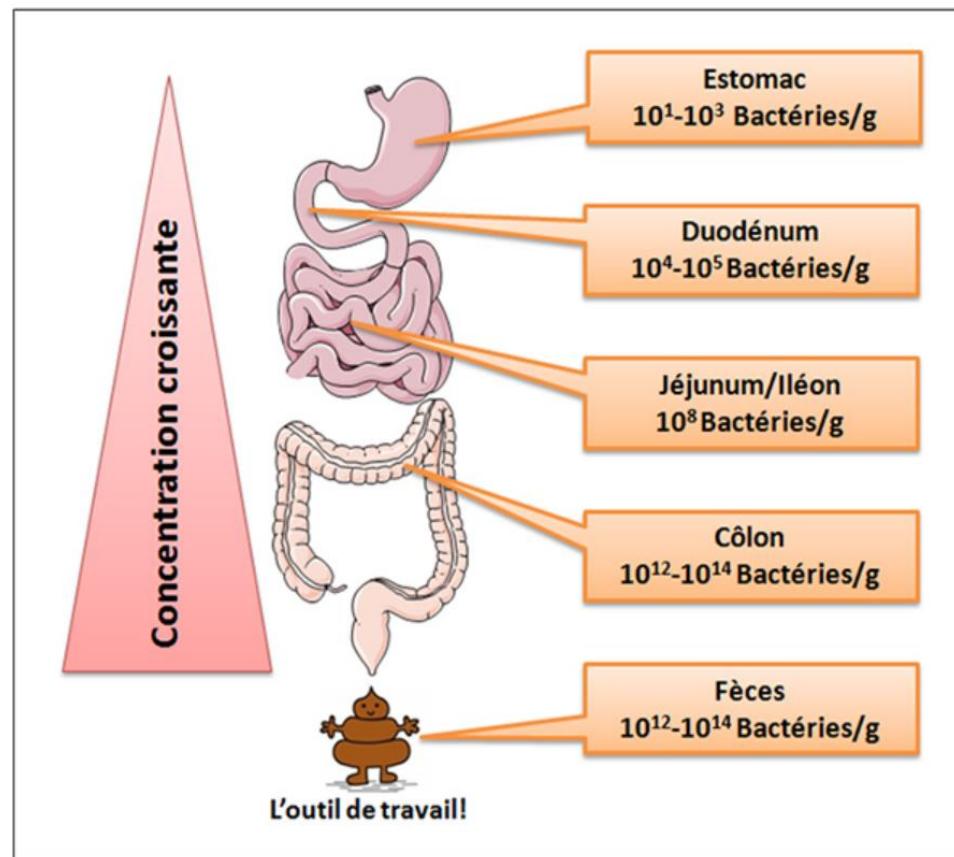
Environnement
(polluants, toxiques...)

Médicaments

Pathologies

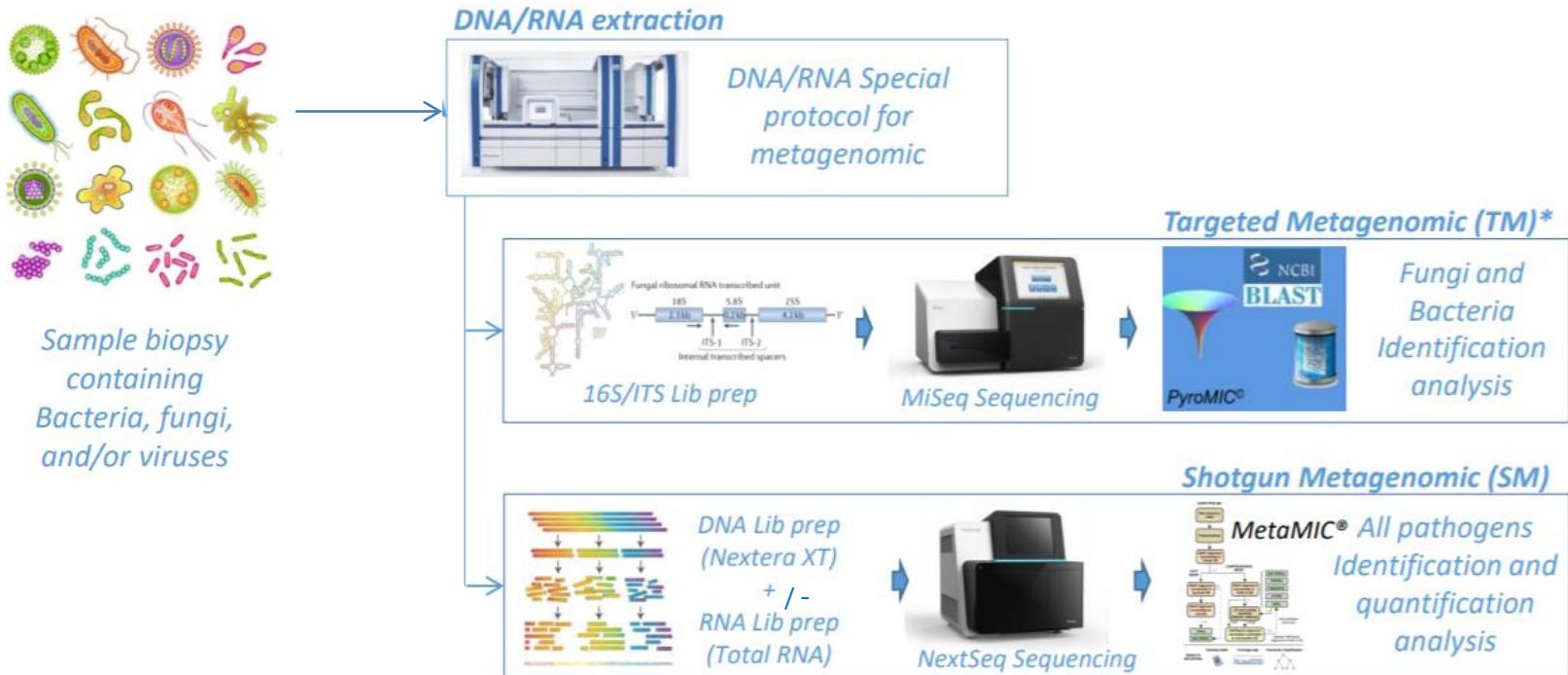
Composition du microbiote intestinal

- Diversement réparti, la concentration et la biodiversité les plus élevées se situant au niveau du côlon



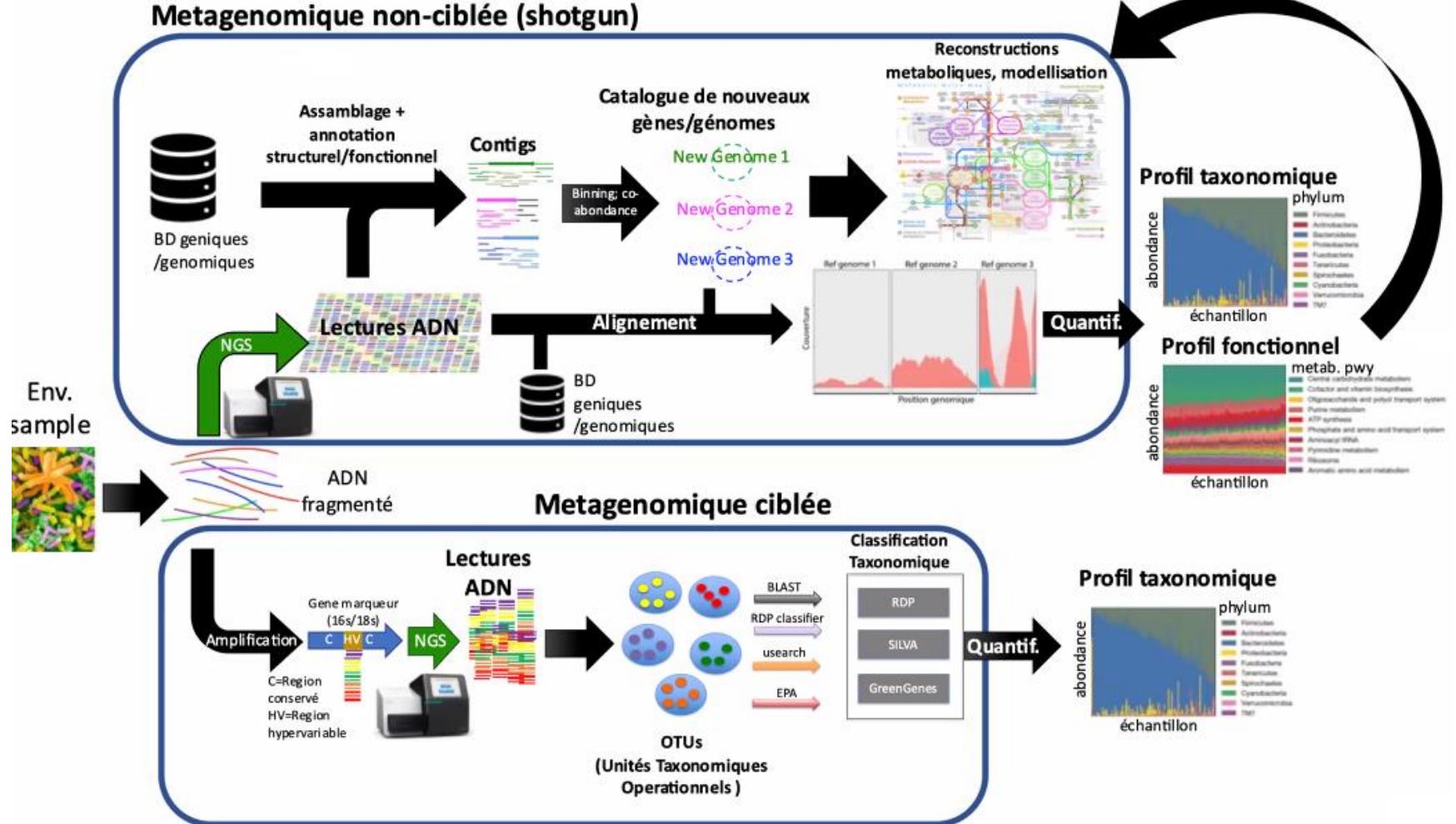
Reflet imparfait du
microbiote intestinal !

Analyse métagénomique du microbiote



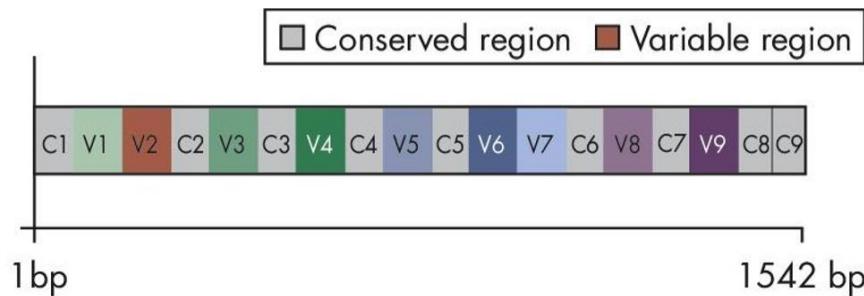
- Nécessité d'une standardisation des techniques et des méthodes d'analyse des données pour améliorer la comparabilité
- Comparaisons et méta-analyses limitées dans leur interprétabilité

Analyse métagénomique du microbiote



Séquençage "16S"

- L' ADNr 16S est un **GÈNE UNIVERSEL** = chez toutes les **bactéries**
(NB = 18S ou ITS chez les Protistes et Fungi)



- Les régions variables n'ont pas de rôle fonctionnel important et peuvent diverger au cours de l'évolution sous l'effet des mutations neutres. Elles vont permettre de discriminer les taxons bactériens
- L'ADNr 16S est :
 - suffisamment conservé pour permettre une amplification et un alignement fiable
 - suffisamment variable pour permettre l'affiliation taxonomique et l'analyse phylogénétique

Taxonomie microbienne

Kingdom	Bacteria	Bacteria	Bacteria
Phylum	Proteobacteria	Firmicutes	Bacteroidetes
Class	γ Proteobacteria	Clostridia	Bacteroidia
Order	Enterobacterales	Clostridiales	Bacteroidales
Family	Enterobacteriaceae	Clostridiaceae	Bacteroidaceae
Genus	<i>Escherichia</i>	<i>Clostridium</i>	<i>Bacteroides</i>
Species	<i>coli</i>	<i>perfringens</i>	<i>intestinalis</i>
strains			

16S rRNA OTU

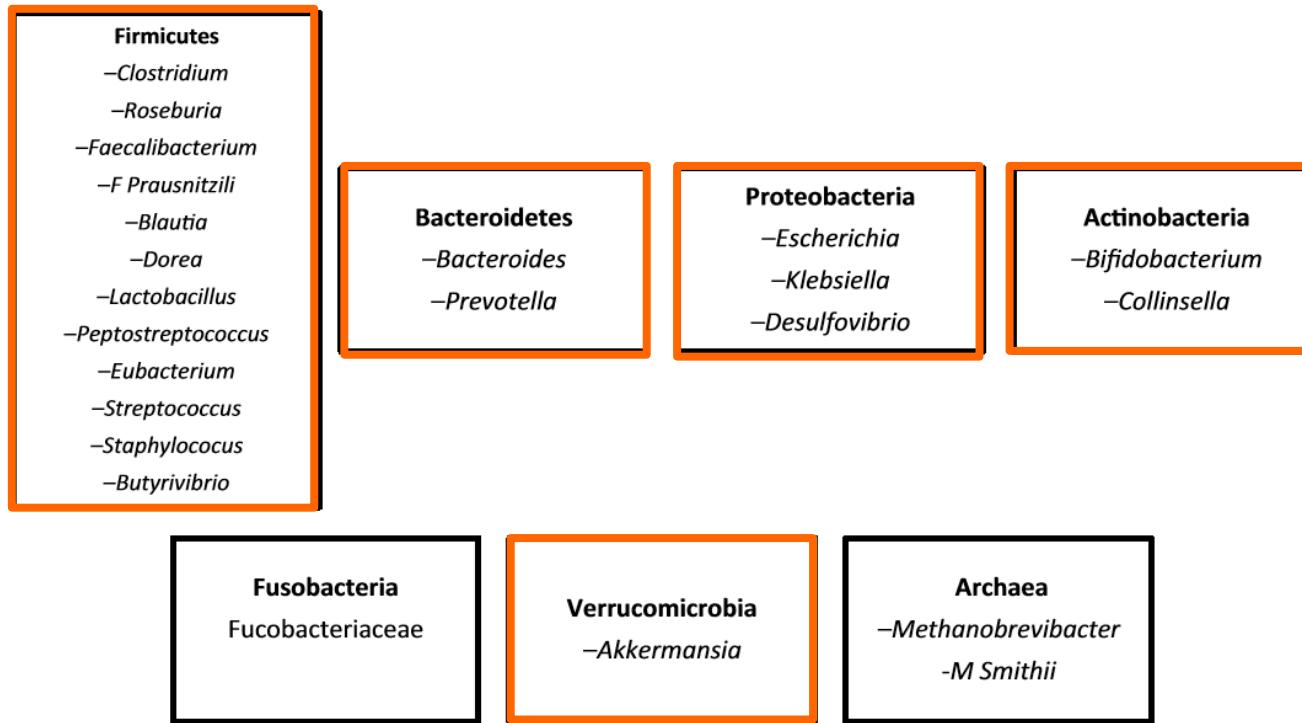
The table illustrates the taxonomic hierarchy of three bacterial strains. The first column lists the rank and name for each strain. The second column shows the 16S rRNA sequence data used to define Operational Taxonomic Units (OTUs). A blue arrow points from the '16S rRNA OTU' label to the rightmost strain, indicating that all three strains belong to the same OTU based on their 16S rRNA sequence similarity.

OTU « unité taxonomique opérationnelle » : C'est l'équivalent d'une espèce moléculaire. Une OTU correspond à un ensemble de bactéries dont les séquences de l'ADNr 16S présentent au moins 97% d'identité entre elles.

Composition du microbiome



- Chaque individu adulte héberge dans son microbiote plus d'1 millier d'espèces bactériennes qui peuvent être regroupées en 5 phyla majoraires :

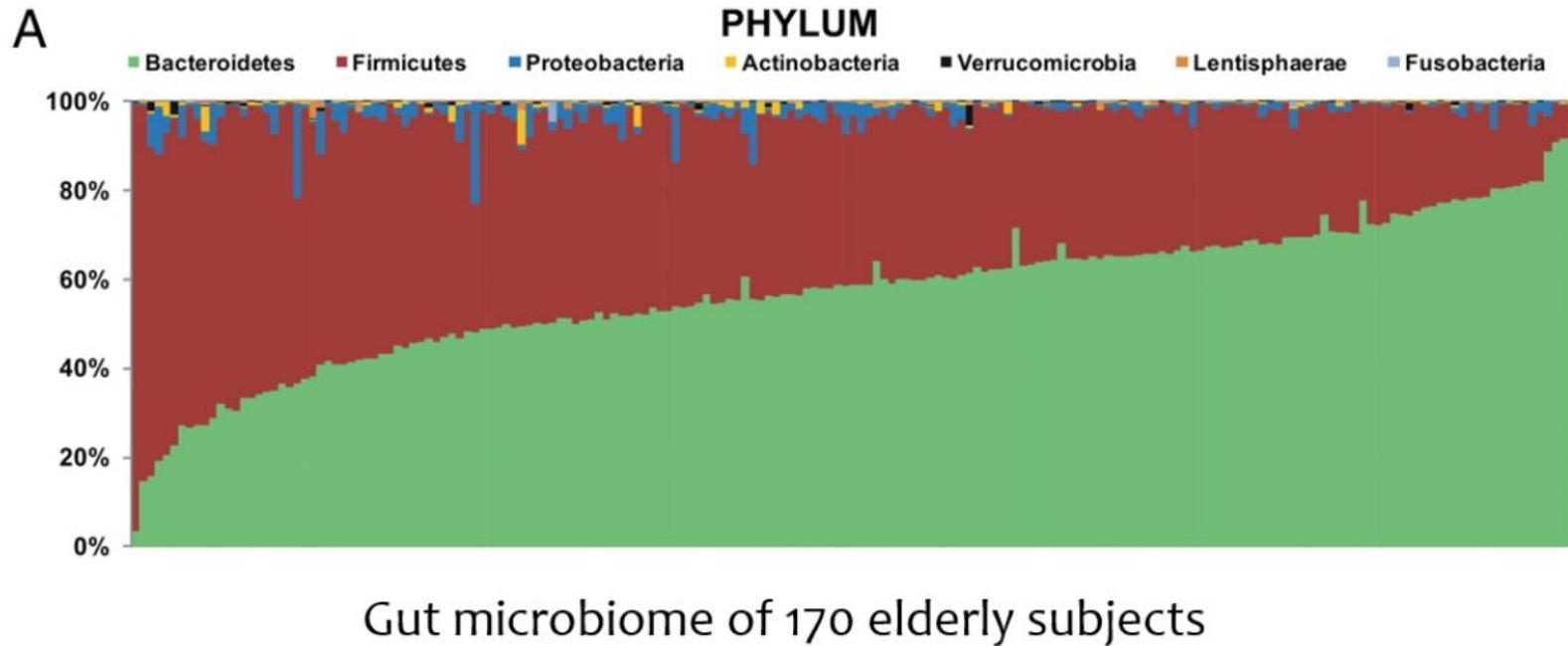


Main phyla and genera with selected examples of human gut microbiota

- En très grande majorité des bactéries non cultivables par les méthodes classiques

Composition du microbiome

- Les Firmicutes et les Bacteroidetes représentent à eux seuls 90 à 99% de l'ensemble des bactéries





Composition du microbiote intestinal

- Plus d'un millier d'espèces bactériennes différentes réparties le long du système digestif
 - 99,9% bactéries anaérobies strictes
 - 0,1% bactéries anaérobies facultatives
- Les espèces du microbiote dominant sont uniquement trouvées dans les écosystèmes intestinaux (humain et animal)
- Un noyau d'espèces conservées (communauté résidente) joue un rôle majeur dans de nombreuses fonctions physiologiques du tractus gastro-intestinal

Stratification en entérotypes

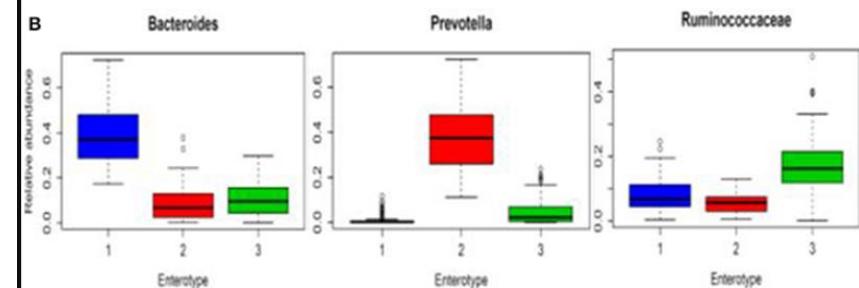
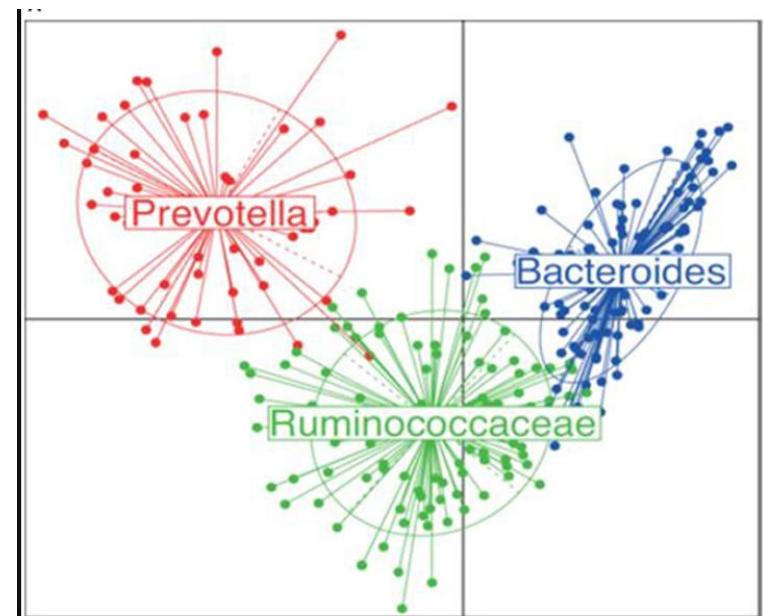
A l'image des groupes sanguins, les microbiotes coliques humains oscillent entre 3 entérotypes qui diffèrent par leur composition :

- **Type 1 : riche en Bacteroides**
Lié aux régimes riches en protéines, sucres simples et graisses animales

- **Type 2 : riche en Prevotella**
Lié aux régimes riches en fibres et en glucides

- **Type 3 : riche en Ruminococcaceae**

Indépendants de l'âge, du sexe ou de l'origine géographique, mais liés aux habitudes alimentaires

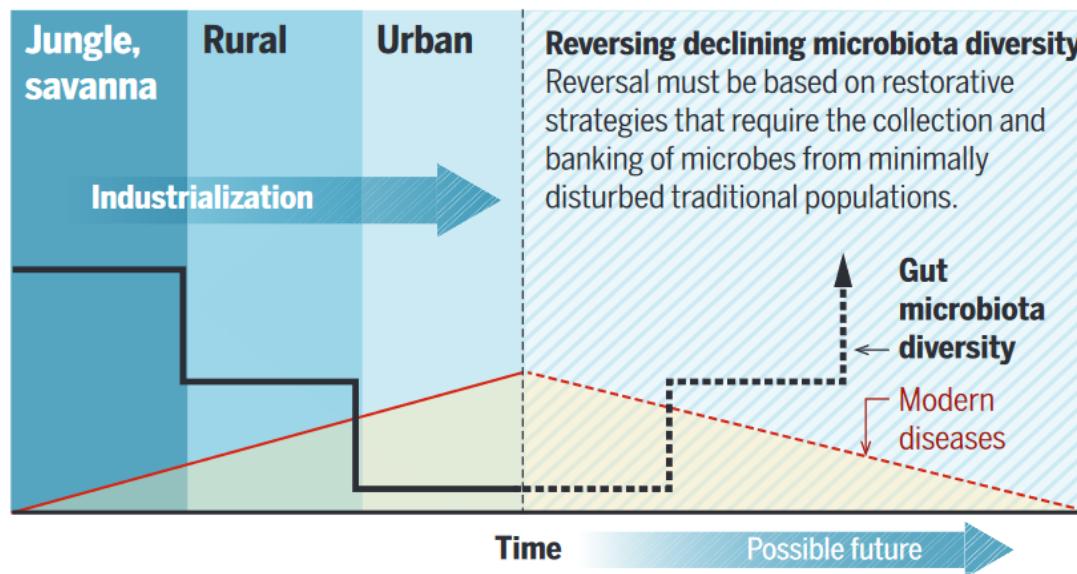


Stratification en fonction de la diversité/richesse en gènes/espèces

- La richesse/diversité en espèces dominantes est un **marqueur de santé, de la symbiose entre le microbiote et son hôte**

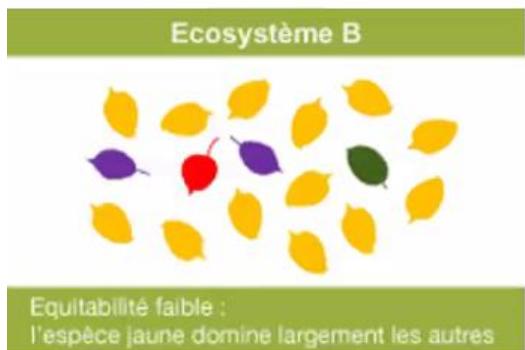
Declining human intestinal microbial diversity with industrialization

There has been a progressive decline in human gut microbiota diversity with industrialization. The compounded effects of chlorinated water, antibiotics, antiseptics, cesarean section birthing, and formula feeding may all contribute. This decline has been linked to the rise of modern diseases: obesity, asthma, food allergies, diabetes, inflammatory bowel disease, and cognitive disorders.



Stratification en fonction de la diversité/richesse en gènes/espèces

- La richesse/diversité en espèces dominantes est un **marqueur de santé, de la symbiose entre le microbiote et son hôte**
 - **Diversité alpha:** au sein d'un échantillon unique (reflète le nombre d'espèces et leur abondance relative) *Ex. indice de Shannon*
 - **Richesse:** Nombre d'espèces par échantillon



Shannon minimal :

Diversité la plus faible, tous les individus de la population sont de la même espèce (ou une seule espèce est sur-représentée alors que toutes les autres ne contiennent qu'un seul individu)



Shannon maximal :

Tous les individus sont équitablement répartis entre les espèces

Stratification en fonction de la diversité/richesse en gènes/espèces

- La richesse/diversité en espèces dominantes est un **marqueur de santé, de la symbiose entre le microbiote et son hôte**
 - **Diversité beta:** comparaison entre différents échantillons, fréquemment représentée sous forme d'une **analyse en coordonnées principales (PCoA)**

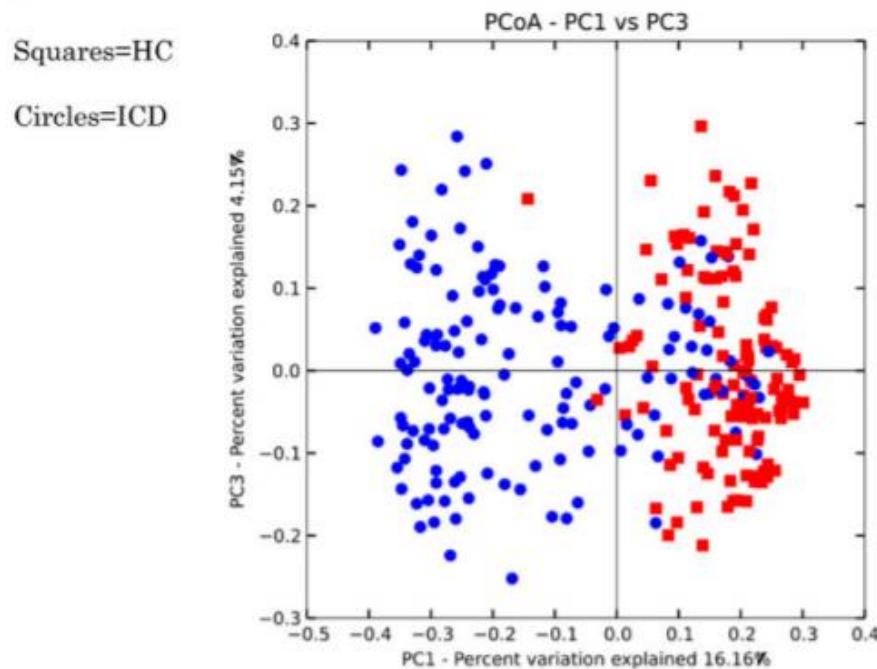


Figure 10. PCoA plots of healthy controls versus subjects with IBD

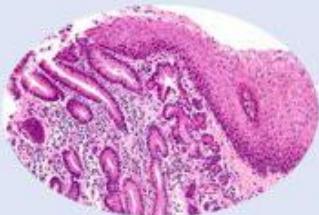
Pourquoi sommes-nous hôtes d'un microbiote intestinal ?

Les principales fonctions du microbiote

Synthèse de vitamines et de composés bioactifs



Maturation du système immunitaire et de l'épithélium intestinal



Rôle de barrière vis-à-vis de la colonisation par des micro-organismes pathogènes

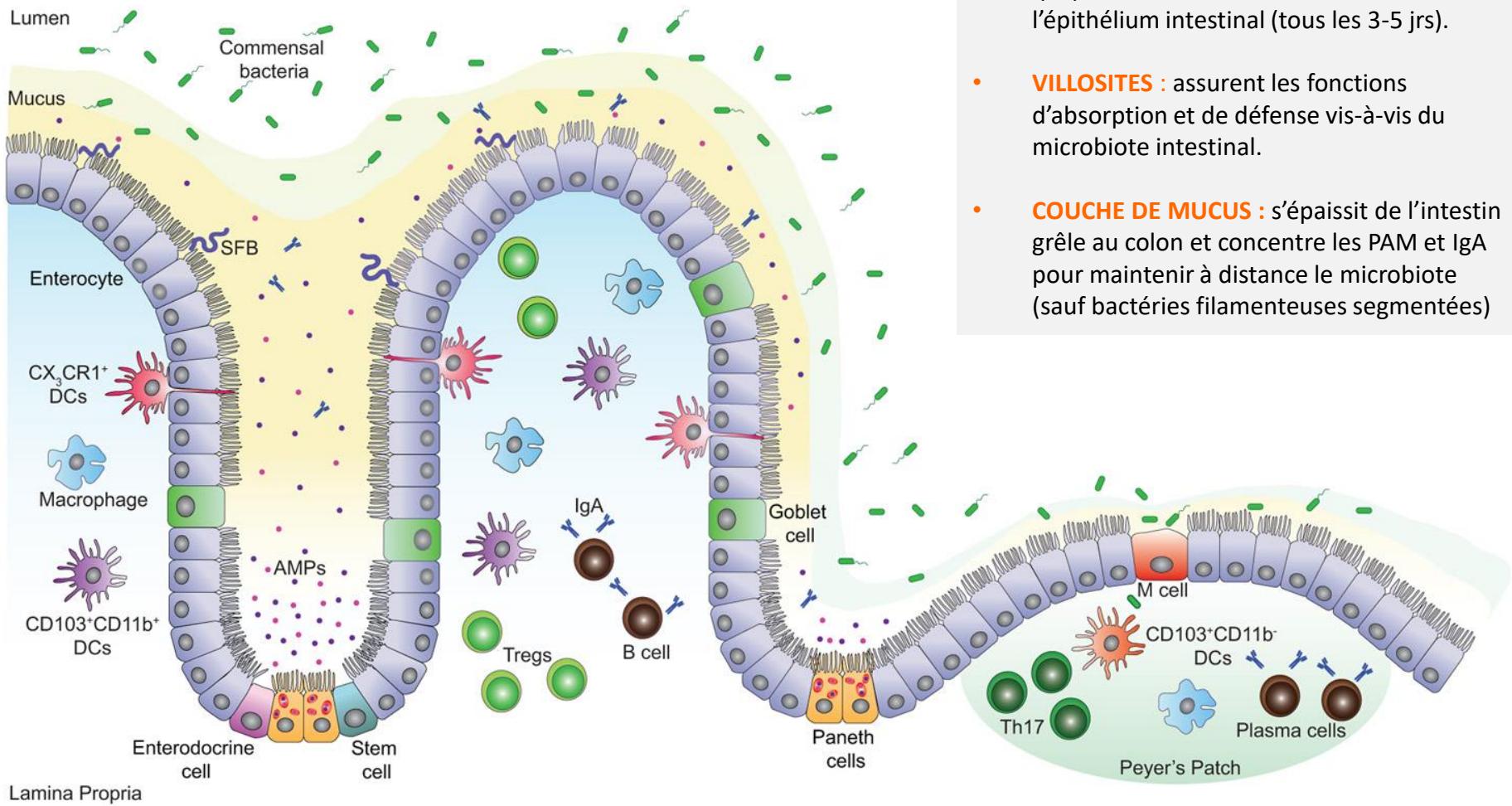


Fermentation des substrats disponibles au niveau du côlon



Les principales fonctions du microbiote sont : un rôle de barrière vis-à-vis de la colonisation par des micro-organismes pathogènes, la fermentation des substrats disponibles au niveau du côlon, la synthèse de vitamines et de composés bioactifs, ainsi que la maturation du système immunitaire et de l'épithélium intestinal.

Epithélium intestinal et microbiote : une relation contrôlée et appréciée



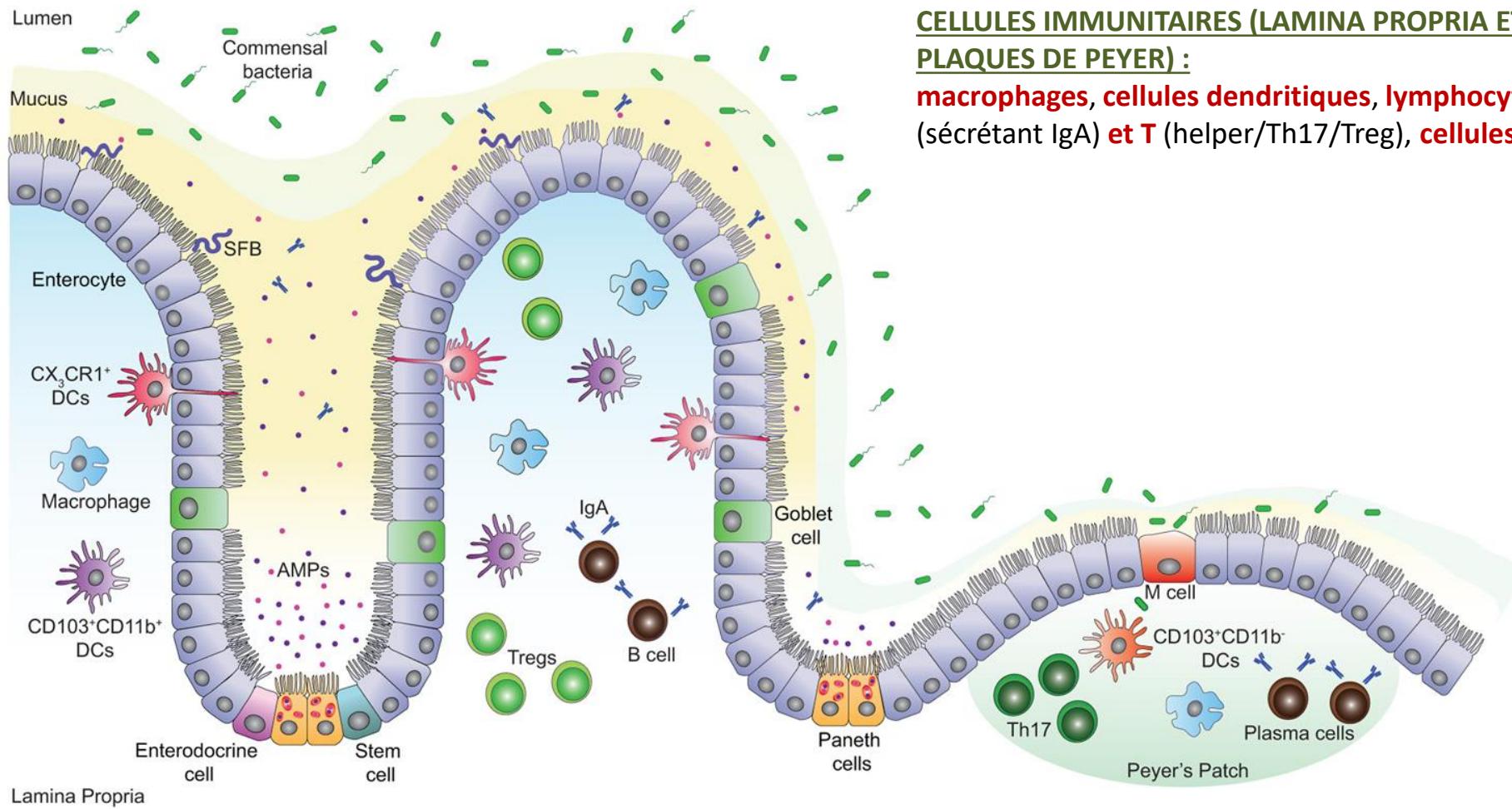
Les cellules épithéliales intestinales : sentinelles du système immunitaire

5 TYPES DE CELLULES ÉPITHLIALES INTESTINALES :

- **Entérocytes** : sécrétion/absorption eau/nutriments
- **Cellules caliciformes** : sécrétion de mucus
- **Cellules de Paneth** : sécrétion de PAM
- **Cellules entéro-endocrines** : sécrétion de peptides intestinaux et d'hormones
- **Cellules M** : surveillance immunitaire

CELLULES IMMUNITAIRES (LAMINA PROPRIA ET PLAQUES DE PEYER) :

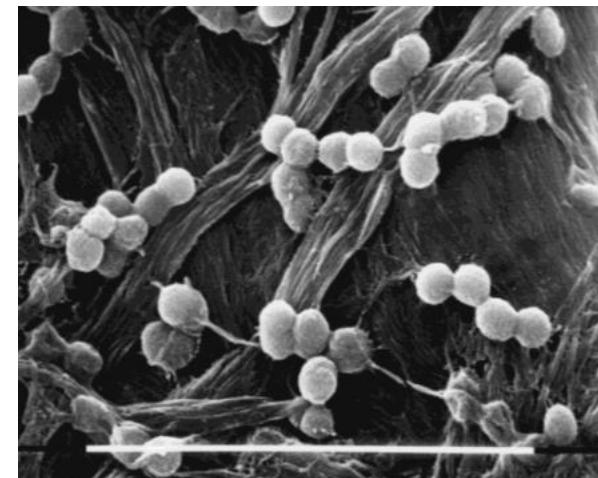
macrophages, cellules dendritiques, lymphocytes B (sécrétant IgA) et T (helper/Th17/Treg), cellules M



Microbiote intestinal et capacités métaboliques

- L'activité métabolique du microbiote intestinal correspond à la capacité des espèces bactériennes à transformer les composés alimentaires (protéines, glucides, fibres alimentaires non digérés dans la partie supérieure du tractus digestif) en molécules plus petites (métabolites) assimilables par l'hôte
- La biotransformation de ces substrats implique l'**existence d'une variété d'activités métaboliques** des microorganismes en présence
- La majorité des métabolites formés ont des **effets bénéfiques** pour la santé (ex. acides gras à chaîne courte, vitamines...) mais certains peuvent avoir des **effets délétères** (ex. gaz, sulfures...)

Ruminococcus dégradant des fibres de cellulose



Métabolisme des glucides

- 10-60 g/ jour de glucides fermentescibles parvenant au colon (ex. amidon résistant aux alpha-amylases, polyosides de la paroi des végétaux...)
- Les espèces hydrolytiques, grâce à une grande variété d'hydrolases non produites par l'hôte, vont dégrader les polymères en fragments plus petits également assimilables par les espèces non hydrolytiques

Espèces fibrolytiques

Ruminococcus

Bacteroides

Roseburia

Faecalibacterium

Prevotella

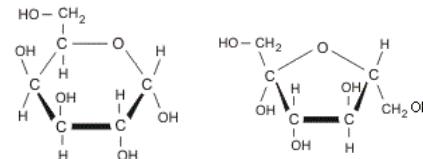
Espèces glycolytiques

La plupart des espèces dominantes

Polyosides végétaux

Mono- et oligosides

AGCC et gaz



Acétate, Butyrate, Propionate,
H₂, CO₂, CH₄, H₂S

Autres voies métaboliques

Table 1 | Products of gut microbial fermentation of carbohydrates, protein and dietary polyphenols

Metabolite	Pathway	Genera or species
Acetate	Pyruvate decarboxylation to acetyl-CoA	<i>Akkermansia muciniphila</i> , <i>Bacteroides</i> spp., <i>Bifidobacterium</i> spp., <i>Prevotella</i> spp., <i>Ruminococcus</i> spp. ^{21,26–28}
	Wood–Ljungdahl pathway	<i>Blautia hydrogenotrophica</i> , <i>Clostridium</i> spp., <i>Streptococcus</i> spp. ^{21,26–28}
Propionate	Acrylate pathway	<i>Coprococcus catus</i> , <i>Eubacterium hallii</i> , <i>Megasphaera elsdenii</i> , <i>Veillonella</i> spp. ^{21,26–28}
	Succinate pathway	<i>Bacteroides</i> spp., <i>Dialister</i> spp., <i>Phascolarctobacterium succinatutens</i> , <i>Veillonella</i> spp. ^{21,26–28}
	Propanediol pathway	<i>Roseburia inulinivorans</i> , <i>Ruminococcus obeum</i> , <i>Salmonella enterica</i> ^{21,26–28}
Butyrate	Classical pathway via butyrate kinase	<i>Coprococcus comes</i> , <i>Coprococcus eutactus</i> ^{21,26–28}
	Alternate pathway using exogenous acetate	<i>Anaerostipes</i> spp., <i>C. catus</i> , <i>E. hallii</i> , <i>Eubacterium rectale</i> , <i>Faecalibacterium prausnitzii</i> , <i>Roseburia</i> spp. ^{21,27,28,35}
Short-chain fatty acids and branched-chain fatty acids	Amino acid fermentation through various dissimilatory proteolytic reactions	<i>Acidaminococcus</i> spp., <i>Acidaminobacter</i> spp., <i>Campylobacter</i> spp., <i>Clostridia</i> spp., <i>Eubacterium</i> spp., <i>Fusobacterium</i> spp., <i>Peptostreptococcus</i> spp. ^{21,26–28,44}
'Kynurenines' (kynurenone and its derivatives)	Various bacterial enzymes homologous to mammalian enzymes of the kynurenone pathway	Lactobacillus spp., <i>Pseudomonas aeruginosa</i> ⁸⁹ , <i>Pseudomonas fluorescens</i> ⁹⁵ Putative: <i>Pseudomonas</i> spp., <i>Xanthomonas</i> spp., <i>Burkholderia</i> spp., <i>Stenotrophomonas</i> spp., <i>Shewanella</i> spp., <i>Bacillus</i> spp., members of Rhodobacteraceae, Micrococcaceae and Halomonadaceae families ⁹⁵
Indole	Hydrolytic β-elimination of tryptophan to indole (tryptophanase)	<i>Achromobacter liquefaciens</i> , <i>Bacteroides ovatus</i> , <i>Bacteroides thetaiotaomicron</i> , <i>Escherichia coli</i> , <i>Paracolobactrum coliforme</i> , <i>Proteus vulgaris</i> ^{11,89}
Indole derivatives	Multiple	<i>Bacteroides</i> spp., <i>Clostridium</i> spp. (<i>Clostridium sporogenes</i> , <i>Clostridium cadaveris</i> , <i>Clostridium bartlettii</i>), <i>E. coli</i> , <i>Lactobacillus</i> spp., <i>E. halli</i> , <i>Parabacteroides distasonis</i> , <i>Peptostreptococcus</i> spp. (<i>Peptostreptococcus anaerobius</i>) ^{4,11,89,167}

Autres voies métaboliques

Table 1 | Products of gut microbial fermentation of carbohydrates, protein and dietary polyphenols

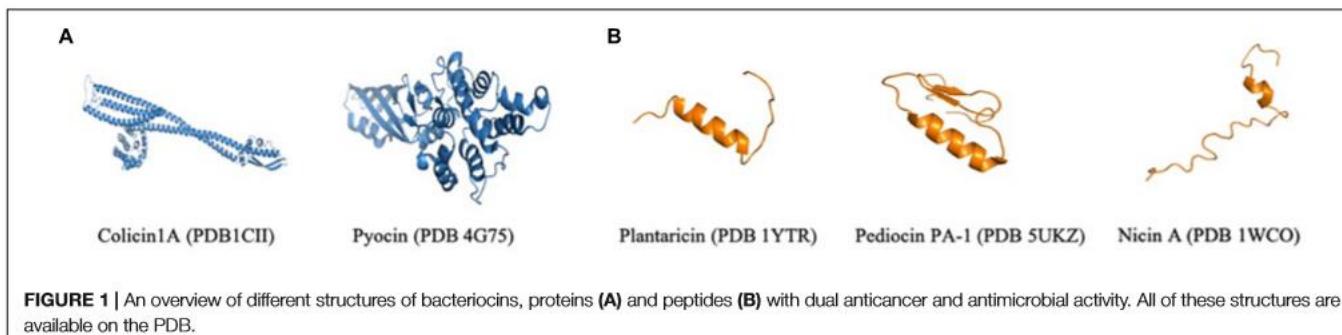
Metabolite	Pathway	Genera or species
Tryptamine	Decarboxylation of tryptophan	<i>C. sporogenes</i> , <i>Ruminococcus gnavus</i> ¹⁶⁸
Serotonin	Induction of host synthesis ^a	Indigenous spore-forming bacteria, dominated by <i>Clostridium</i> spp. ⁵⁹ and <i>Turicibacter</i> spp. ¹⁰³
Histamine	Decarboxylation of histidine (histidine decarboxylase (HDC))	<i>E. coli</i> , <i>Morganella morganii</i> , <i>Lactobacillus vaginalis</i> ¹⁰⁵ Putative: <i>Fusobacterium</i> spp. ¹⁰¹
Imidazole propionate (ImP)	Non-oxidative deamination of histidine to urocanate followed by reduction of urocanate to ImP by urocanate reductase (UrdA)	<i>Aerococcus urinae</i> , <i>Adlercreutziae equolifaciens</i> , <i>Anaerococcus prevotii</i> , <i>Brevibacillus laterosporus</i> , <i>Eggerthella lenta</i> , <i>Lactobacillus paraplantarum</i> , <i>Shewanella oneidensis</i> , <i>Streptococcus mutans</i> ¹⁰⁶
Dopamine	Decarboxylation of levodopa (L-DOPA) via tyrosine decarboxylase (TyrDC)	<i>Enterococcus</i> spp. (<i>Enterococcus faecalis</i> , <i>Enterococcus faecium</i> , 77 human isolates of <i>Enterococcus</i> spp.), <i>Lactobacillus brevis</i> , <i>Helicobacter pylori</i> ^{107,108}
p-Cresol	From tyrosine or phenylalanine via two pathways: direct cleavage of the Cα–Cβ bond in tyrosine to yield p-cresol by tyrosine lyase; and a series of reactions involving transamination, deamination and decarboxylation of tyrosine or phenylalanine via formation of the cresol precursor phenylacetic acid ^{4,169}	Assay proven: <i>Blautia hydrogenotrophica</i> , <i>Clostridioides difficile</i> , <i>Olsenella uli</i> , <i>Romboutsia lituseburensis</i> ¹⁶⁹ Predicted: <i>Acidaminococcus fermentans</i> , <i>Anaerococcus vaginalis</i> , <i>Anaerostipes</i> spp., <i>Bacteroides</i> spp., <i>Bifidobacterium infantis</i> , <i>Blautia</i> spp., <i>Citrobacter koseri</i> , <i>Clostridium</i> spp., <i>Eubacterium siraeum</i> , <i>Fusobacterium</i> spp., <i>Klebsiella pneumoniae</i> , <i>Lactobacillus</i> spp., <i>M. elsdenii</i> , <i>Roseburia</i> spp., <i>Ruminococcus</i> spp., <i>Veillonella parvula</i> ¹⁶⁹
Phenylacetylglutamine (PAGln) and phenylacetylglycine (PAGly)	Synthesized during host hepatic phase II metabolism via conjugation of either glutamine or glycine to phenylacetic acid, an intermediate in microbial fermentation of phenylalanine ^{4,117}	Conjugation of phenylacetic acid to glutamine or glycine occurs in the host liver; see p-cresol (above) for information about its precursor, phenylacetic acid

^aDespite studies identifying genomic potential within the microbiota for serotonin production¹⁰¹, there are no reports to our knowledge of validated serotonin synthesis by the mammalian gut microbiota.

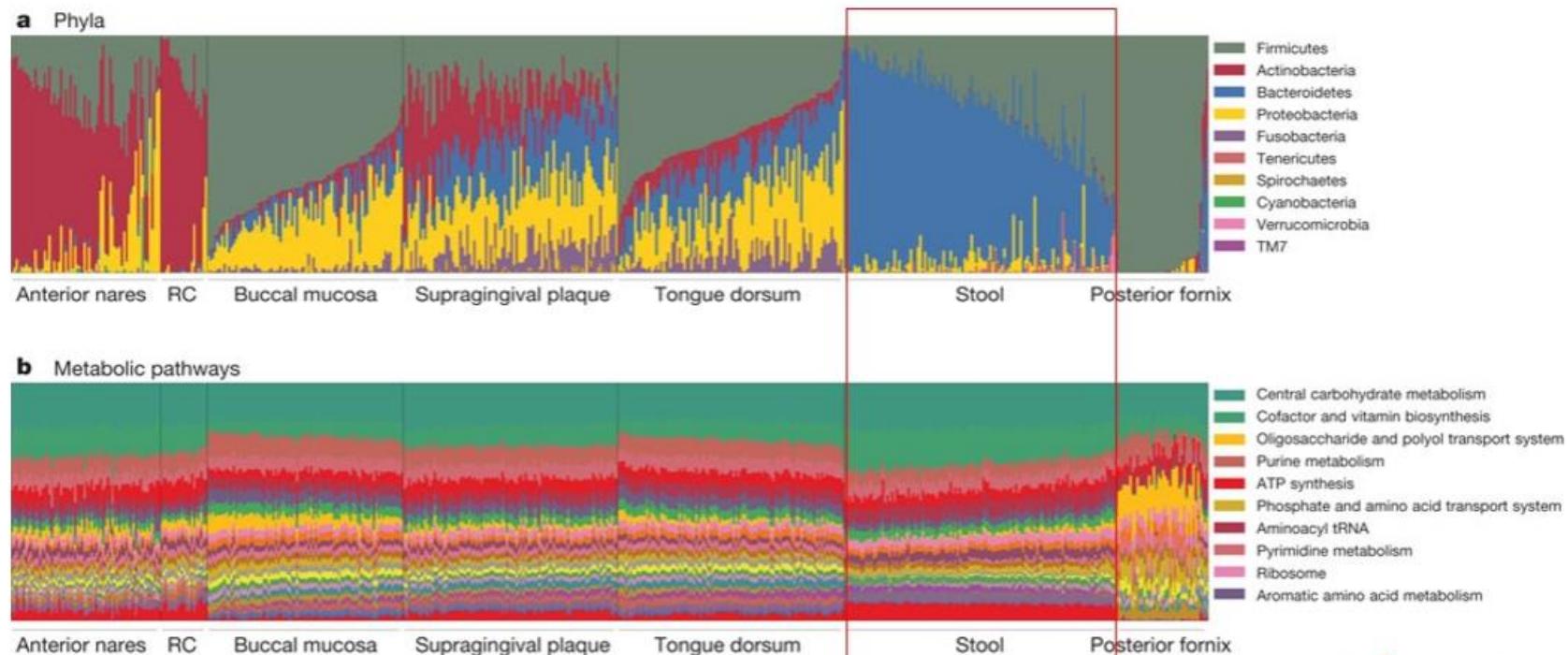
Autres voies de biosynthèse



- **Vitamines :**
 - Vitamine K (Facteurs II, VII, IX, X – Coagulation)
 - Vitamine B12 (cobalamine – son déficit entraîne une anémie)
 - Vitamine B8 (Biotine)
 - Vitamine B2 (Riboflavine)
- **Bactériocines (toxines produites pour tuer/inhiber d'autres espèces bactériennes) :**
 - Effet sur la régulation des populations commensales et effet barrière vis à vis des bactéries pathogènes



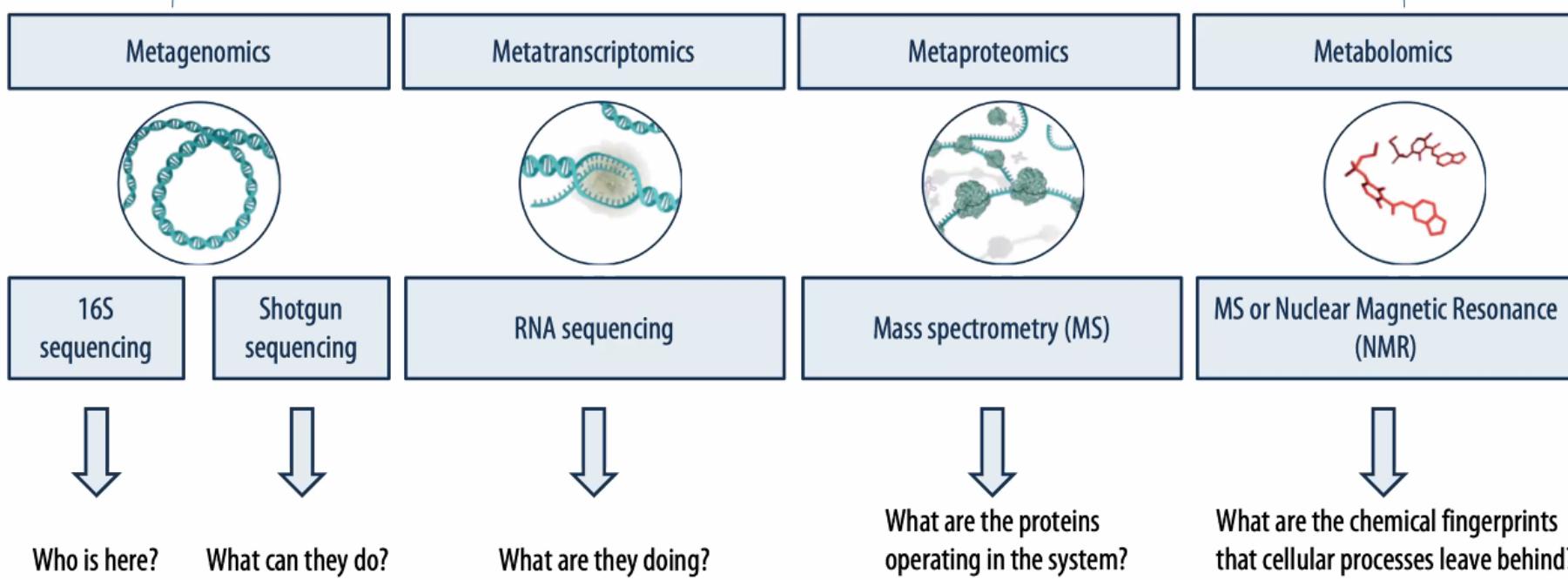
- Alors que la composition phylogénétique du microbiote peut être très différente d'un sujet sain à l'autre, **les fonctions exercées sont très semblables**



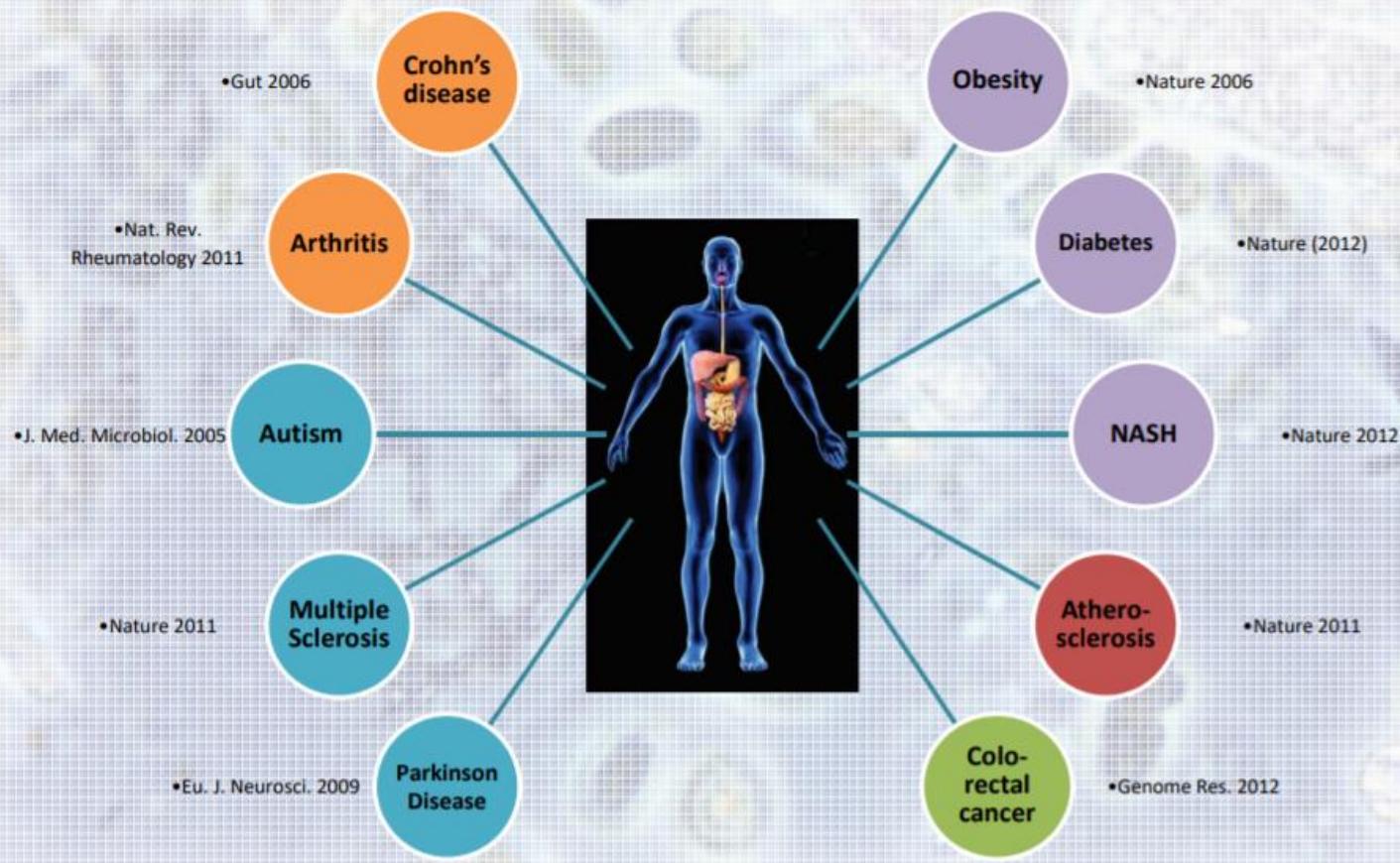
nature
486, 207-14 (2012)

- Cette homogénéité de fonction s'expliquerait par la **redondance**, entre diverses espèces bactériennes, d'un certain nombre **d'activités métaboliques essentielles** au fonctionnement de l'écosystème

The study of « Meta-omics »



Dysbiose et maladies



Inflammatory diseases



Neurological disorders



Cardiovascular diseases



Metabolic diseases



Cancer

Le microbiome : pathologies et santé

The human
superorganism

Human cells + microbial cells
Genome + Microbiome

FIXED **MUTABLE**

The microbiome represents both a target and a source of therapeutic or prophylactic interventions to restore or protect health

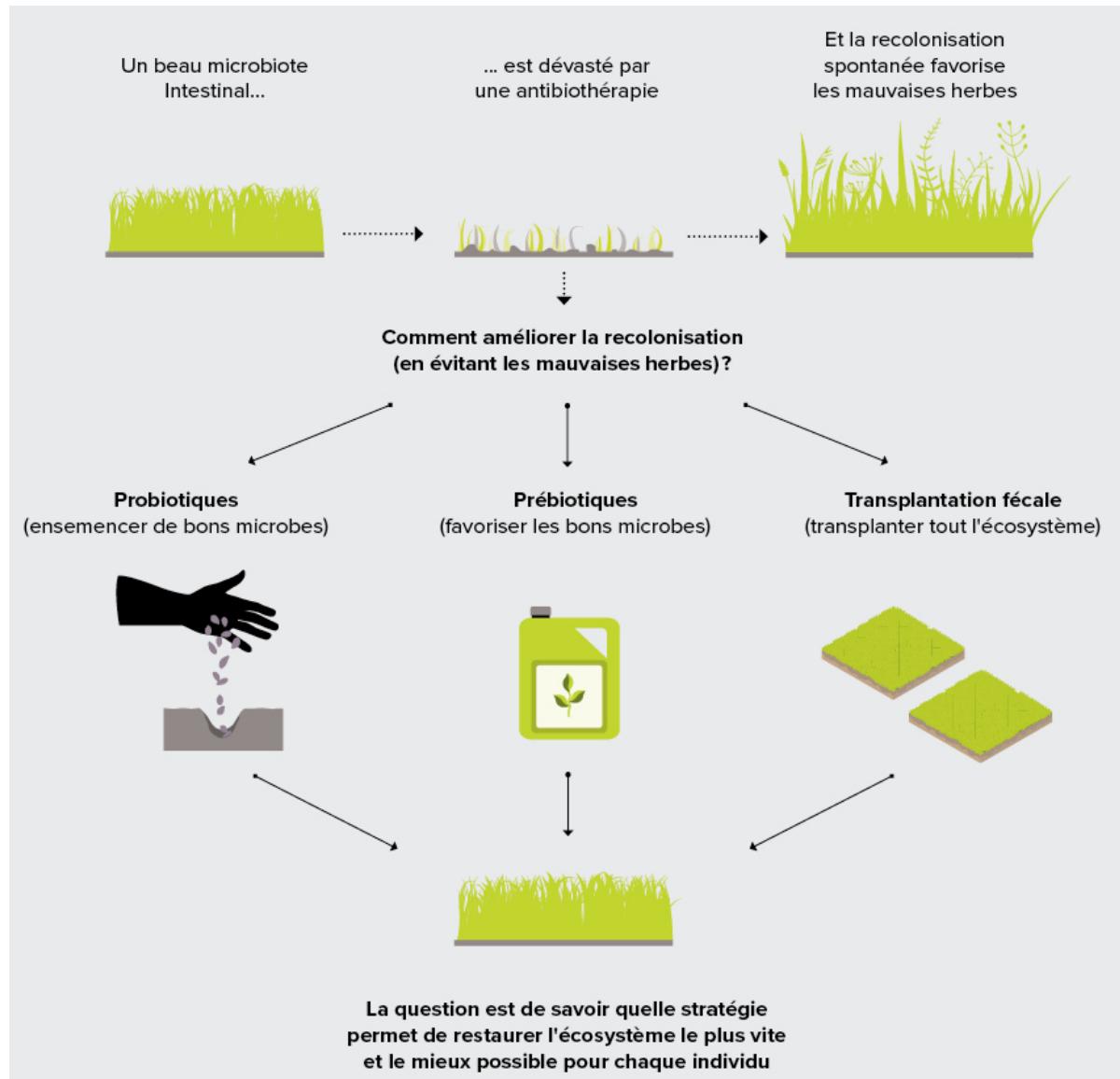


- Acne
- Antibiotic-associated diarrhoea
- Arthritis
- Asthma/allergies
- Atherosclerosis
- Autism
- Autoimmune diseases
- Cancer
- Dental caries
- Depression and anxiety
- Diabetes
- Eczema
- Gastric ulcers
- Infections
- Inflammatory bowel diseases
- Malnutrition
- Metabolic syndrome
- Necrotizing enterocolitis
- Obesity
- Parkinson's disease
- Psoriasis
- Vaginosis

Prise en charge de la dysbiose

Probiotiques :

- ✓ Nos bactéries indigènes

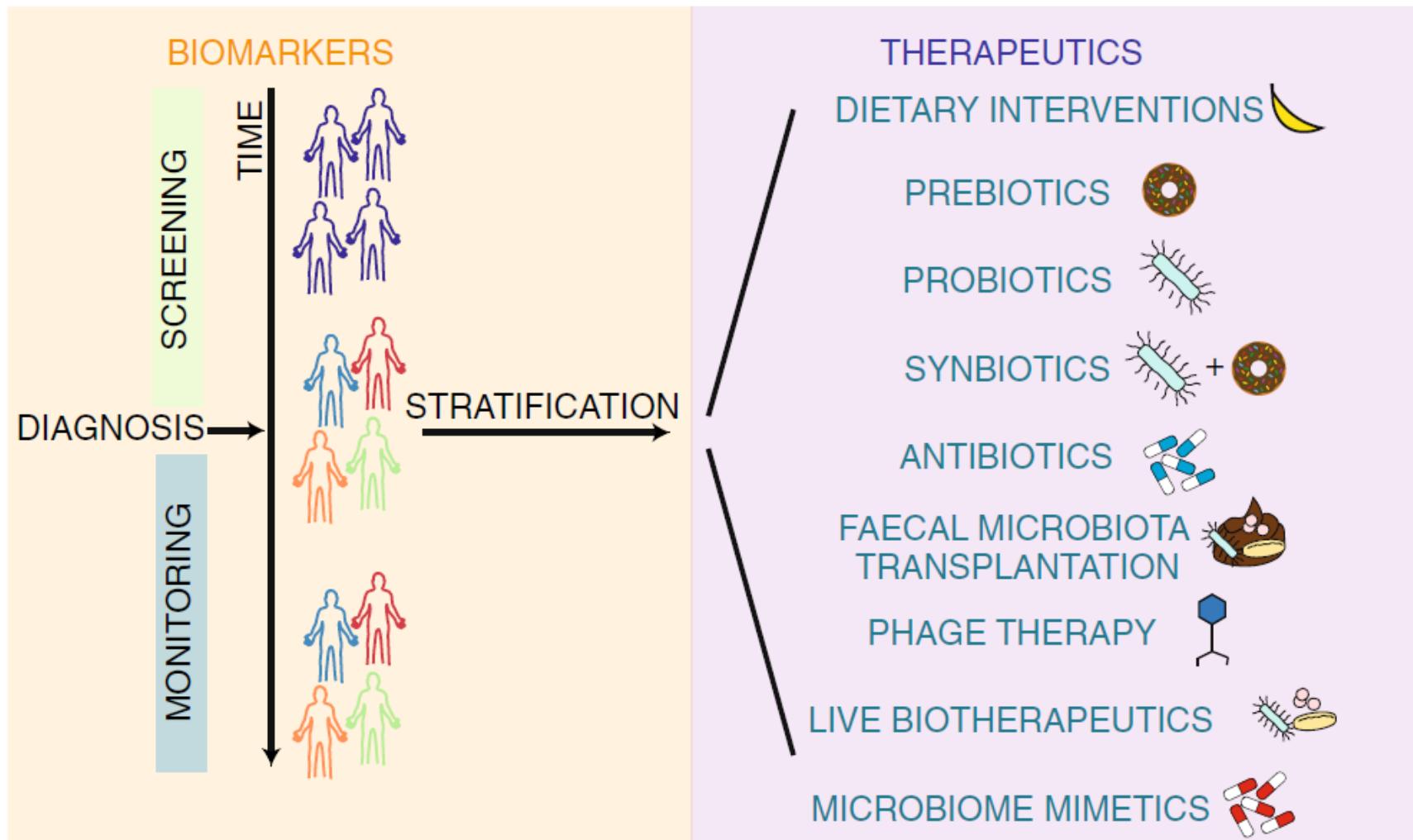


Prébiotiques :

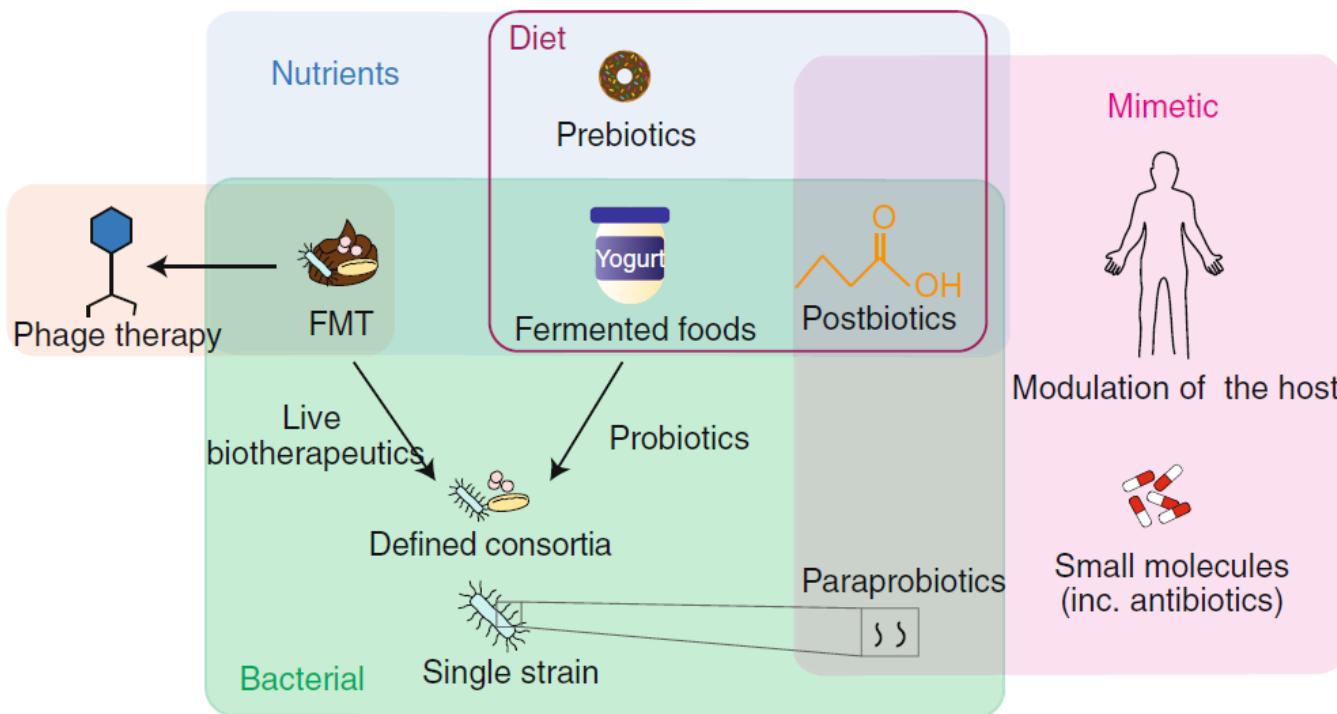
- ✓ Aliments destinés à nourrir nos bactéries bénéfiques



Options thérapeutiques



Options thérapeutiques

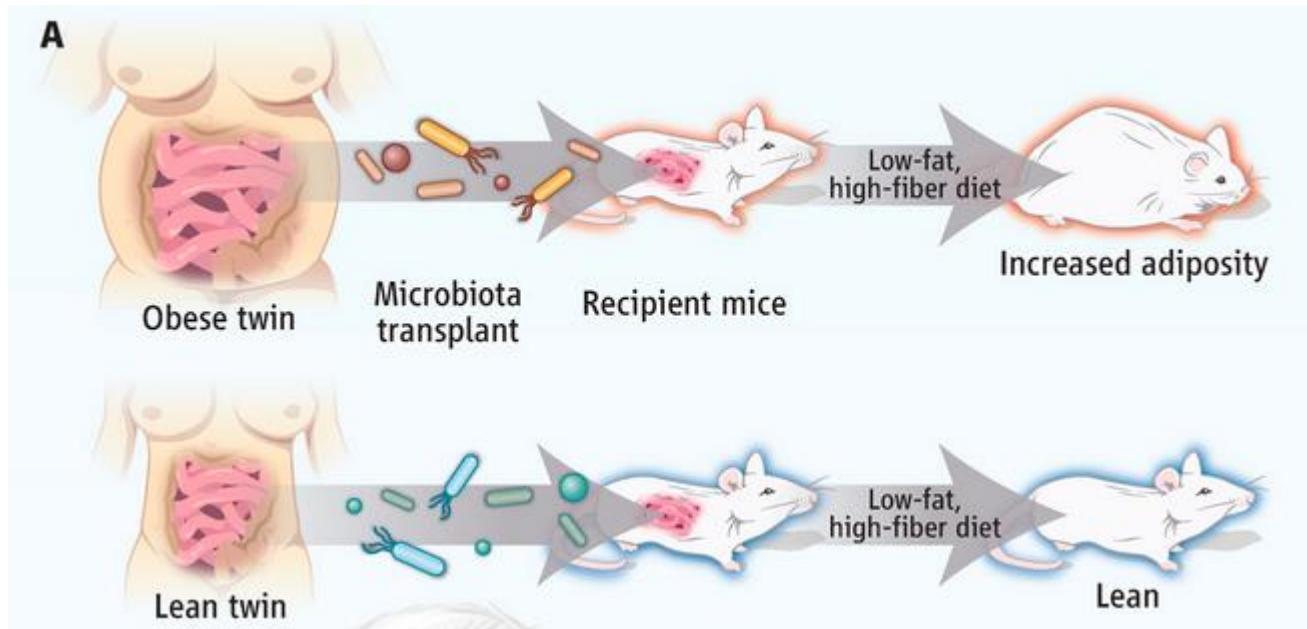


Microbiote intestinal et obésité



- **Transfert de flore chez le rongeur (souris axéniques)**

- Les altérations métaboliques de l'obésité sont transmissibles par le microbiote intestinal d'un animal à l'autre et d'un humain à des souris axéniques



Microbiote intestinal et obésité

- Comparaison de groupes d'individus obèses ou non
 - Des modifications à la fois quantitatives (**perte de diversité**) et qualitatives (**changement dans la composition**) du microbiote ont été observées en comparant des individus obèses ou non par différentes techniques

RESEARCH

Open Access

ARTICLE

Differences in gut microbiota composition between obese and lean children: a cross-sectional study

Liene Bervoets^{1,2*}, Kim Van Hoorenbeeck^{3,4}, Ineke Kortleven⁵, Caroline Van Noten⁵, Niel Hens^{5,6,7}, Herman Goossens⁷, Kristina Desaecker^{3,4} and Vanessa Vankerckhove⁷
Published in final edited form as:
Nature. 2009 January 22; 457(7228): 480–484. doi:10.1038/nature07311

A core gut microbiome in obese and lean twins
Peter J. Turnbaugh¹, Ruth E. Ley¹, Michael A. Mahowald¹, Vincent Magrini², Elaine R. Mardis^{1,2} & Jeffrey I. Gordon¹
Micah Hamady³, Tanya Yatsunenko¹, Brandi L. Cantarel⁵, Alex P. L. Sogin⁶, William J. Jones⁷, Bruce A. Roe⁸, Jason P. Knight⁴, Andrew C. Heath², Rob Knight⁴, and

An obesity-associated gut microbiome with increased capacity for energy harvest

Peter J. Turnbaugh¹, Ruth E. Ley¹, Michael A. Mahowald¹, Vincent Magrini², Elaine R. Mardis^{1,2} & Jeffrey I. Gordon¹

ORIGINAL ARTICLE

Correlation between body mass index and faecal microbiota from children

A. Ignacio¹, M. R. Fernandes¹, V. A. A. Rodrigues¹, F. C. Groppe², A. L. Cardoso³, M. J. Avila-Campos¹ and V. Nakano¹

A taxonomic signature of obesity in a large study of American adults
Brandilyn A. Peters¹, Jean A. Shapiro², Timothy R. Church³, George Miller^{4,5}, Chau Trinh-Shevrin^{1,6}, Elizabeth Yuen⁷, Charles Friedlander⁸, Richard B. Hayes^{1,5,8} & Jiyoung Ahn^{1,9}
doi:10.1038/nature07311

506

Richness of human gut microbiome correlates with metabolic markers

ORIGINAL ARTICLE
Microbiota conservation and BMI signatures in adult monozygotic twins

Sebastian Tims¹, Catherine Derom², Daisy M Jonkers³, Robert Vlietinck², Wim H Saris⁴, Michiel Kleerebezem^{1,5}, Willem M de Vos^{1,6} and Erwin G Zoetendal¹
The ISME Journal (2013) 7, 707–717
© 2013 International Society for Microbial Ecology All rights reserved 1751-7362/13
www.nature.com/isme/

npg

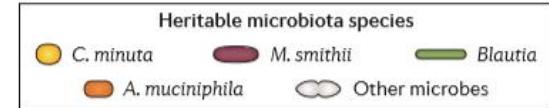
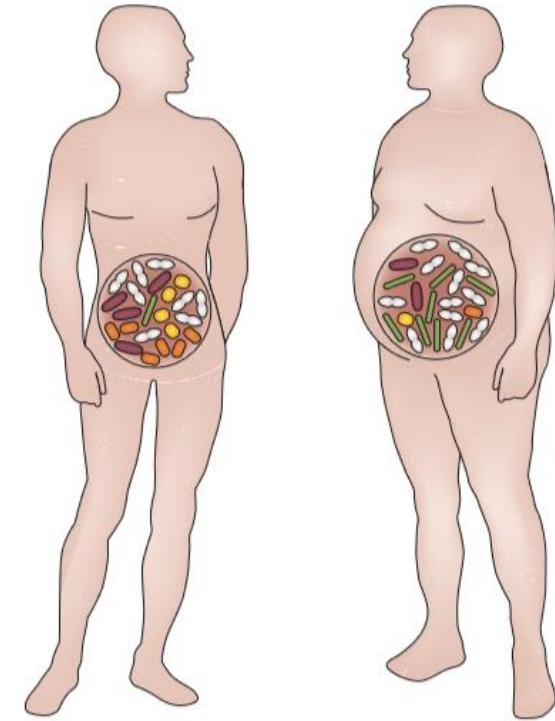
Microbiote intestinal et obésité

- Rôle de certains taxons bactériens ?

Table 1

Reported taxon enrichment and depletion in the obese gut as reported in prior studies

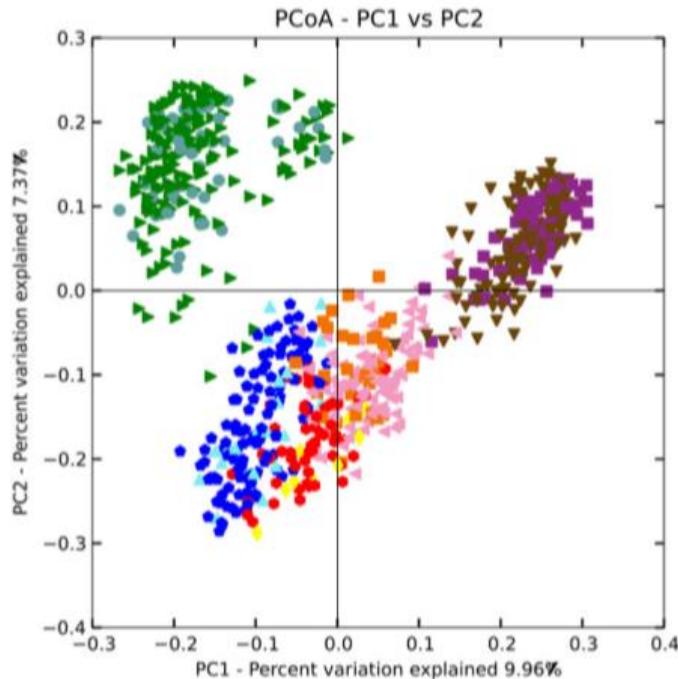
Abundance shifts in obese guts			
Taxa	Increased	Decreased	Citation
Actinobacteria			
<i>Bifidobacterium</i> (genus)		+	[23]
<i>Bifidobacterium animalis</i>		+	[46]
Euryarchaeota			
<i>Methanobrevibacter smithii</i>	+	+	[22, 23]
Firmicutes			
<i>Oscillospira [sp]</i>		+	[24]
<i>Clostridium</i> cluster XIVa	+		[18]
<i>Roseburia intestinalis</i>	+		[18, 24]
<i>Eubacterium rectale</i>	+		[15, 24]
<i>Faecalibacterium prausnitzii</i>		+	[16, 18]
<i>Lactobacillus</i> (genus)	+		[13, 47]
<i>Lactobacillus casei/paracasei</i>		+	[46]
<i>Lactobacillus reuteri</i>	+		[46]
Bacteroidetes			
<i>Bacteroides</i> (genus)	+		[15, 22]
<i>Bacteroides vulgatus</i>		+	[13, 18]
<i>Bacteroides uniformis</i>		+	[18]
<i>Alistipes</i> (genus)		+	[18]



Espèces	Increased	Decreased
<i>Christensenella minuta</i>		+
<i>Akkermansia muciniphila</i>		+
<i>Methanobrevibacter smithii</i>		+
<i>Blautia</i>	+	

Microbiote intestinal et obésité

- Meta-analyse de microbiotes intestinaux associés à l'obésité



La variabilité des microbiotes est plus importante entre les différentes études que les différences observées dans chacune d'elles entre sujets obèses ou non

Walters et al. *FEBS Lett.* Author manuscript; available in PMC 2016 October 04.

Hétérogénéité des études et limites méthodologiques



Le seul biomarqueur qui peut être généralisé est la réduction de la diversité des espèces bactériennes