



ANALYSE DU MICROBIOTE INTESTINAL

Par métagénomique shotgun

Référence d'analyse : NAH_001_I1

Date d'analyse : 08 août 2019





Sommaire

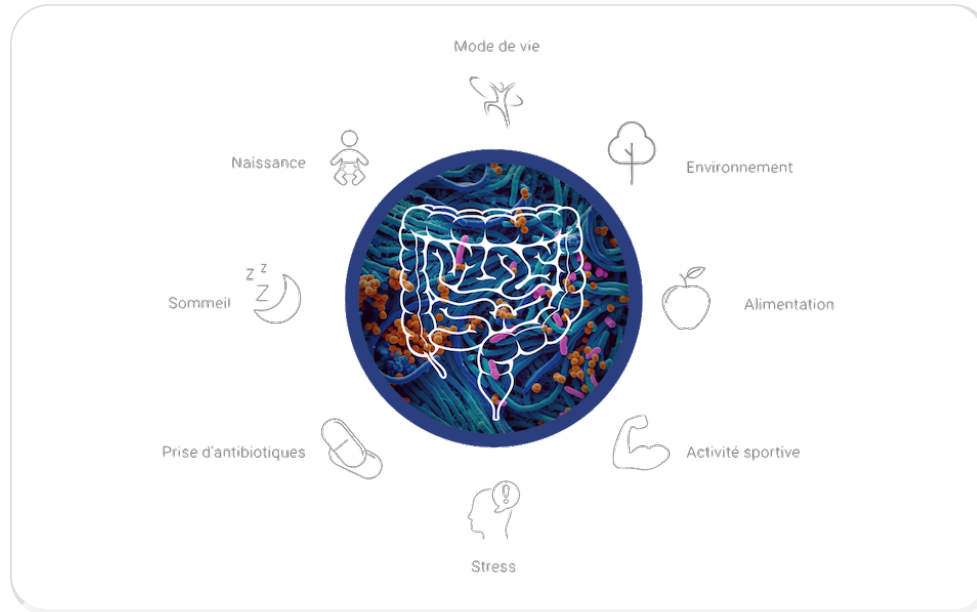
VOUS ET VOTRE MICROBIOTE	3
LE MICROBIOTE INTESTINAL, NAHIBU ET VOUS	3
CALCUL DE VOS RÉSULTATS	4
VOS INFORMATIONS	5
RÉSULTATS D'ANALYSE	6
SYNTHÈSE GLOBALE	6
FONCTIONS DE VOTRE MICROBIOTE	7
ACIDES GRAS À CHAÎNE COURTE	14
BACTÉRIES D'INTÉRÊTS	16
GENRE D'INTÉRÊTS	19
FODMAP	21
ANNEXES	23
ALIMENTATION CONSEILLÉE	23
RÉPARTITION DES PHYLA	31
LISTE DES BACTÉRIES	32

VOUS ET VOTRE MICROBIOTE

LE MICROBIOTE INTESTINAL, NAHIBU ET VOUS

Merci d'avoir fait votre analyse du microbiote intestinal avec Nahibu !

Le microbiote intestinal joue un rôle sur de nombreuses fonctions de notre organisme. C'est normal, il a co-évolué avec nous depuis des millions d'années pour aider notre organisme à fonctionner au mieux.



Des études ont mis en évidence des changements de composition de la flore intestinale dans de nombreux troubles tels qu'une mauvaise digestion, une immunité déficiente, le stress ou les troubles du sommeil. Une alimentation adaptée à la spécificité de notre microbiote pourrait ainsi nous permettre d'améliorer notre bien-être.

Chez Nahibu, nous avons choisi d'utiliser la technologie d'analyse la plus avancée pour vous apporter les résultats les plus complets. Nous en avons optimisé la présentation, en vous comparant à l'ensemble des utilisateurs sains de notre produit. Enfin, nous avons choisi d'apporter des explications essentielles pour que ces résultats soient compréhensibles et utiles à tous.

Grâce aux résultats Nahibu, vous allez découvrir le bilan de votre microbiote à l'aide de paramètres-clés comme la diversité bactérienne, l'équilibre de votre flore ou la production d'acides gras à chaîne courte (des composés bénéfiques pour notre corps).

Vous allez également voir si vous possédez les bactéries star du microbiote, qui jouent un rôle important sur votre bien-être.

Enfin, vous allez comprendre l'implication du microbiote dans votre fonctionnement global : immunité, digestion, capacités physiques et neuropsychiques et apports alimentaires. Chaque microbiote a des forces et des faiblesses mais vous pouvez apprendre à y palier grâce à nos recommandations nutritionnelles personnalisées.

Bonne lecture !



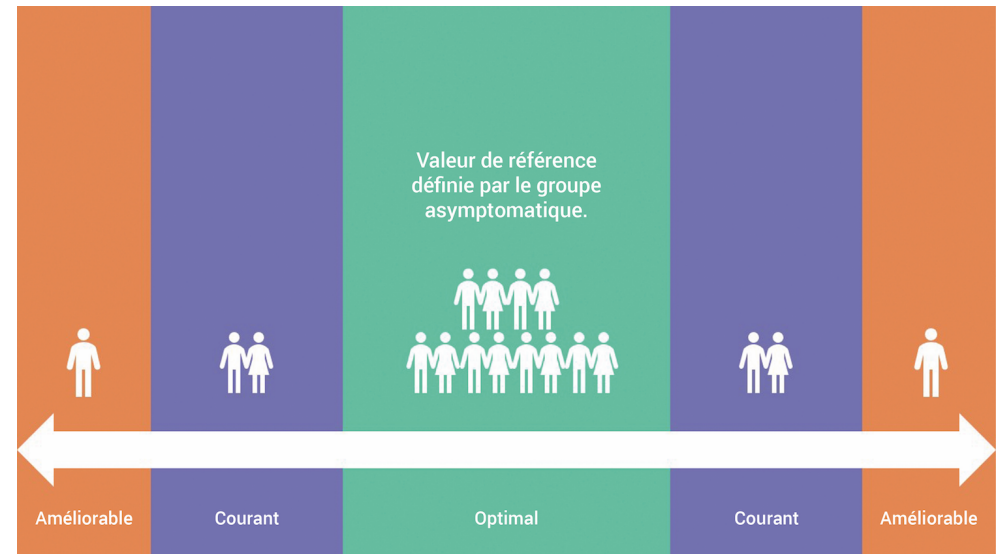
Emmanuelle Lecommandeur

Responsable Recherche et Développement chez Nahibu

CALCUL DE VOS RÉSULTATS

Il n'existe actuellement pas de définition de ce qui compose un microbiote « normal ». En effet, chaque microbiote est unique et évolue. C'est pourquoi nous avons fait le choix de comparer vos résultats à ceux de notre cohorte d'utilisateurs sains (n'ayant déclaré aucune maladie chronique).

La présentation des scores se fait sous forme de pourcentage : 100% étant la médiane de la cohorte saine pour chaque paramètre. C'est cette médiane que nous avons choisie comme « norme ». Plus vous vous éloignez de cette médiane, plus votre score est faible.



VOS INFORMATIONS

Profil

Âge : **32**

Genre : **Homme**

Taille : **190**

Poids : **78**

Santé intestinale

Score échelle de Bristol : **Type 4**

Fréquence de défécation : **Une fois par jour**

Trouble intestinaux : **Aucun**

Antécédents médicaux

Mode inflammatoire chronique : **Non**

Maladie chronique : **Non**

Prise de médicament au cours des 3 derniers mois : **Aucun**

Allergie/intolérance : **Poissons**

Antécédents familiaux : **Diabète de type 2**

Médicament traitant des symptômes intestinaux : **Aucun**

Mode de vie

Activité physique : **Oui**

Consommation d'alcool : **Régulièrement**

Fumeur : **Fumeur occasionnel**

Régime alimentaire : **Omnivore**

Principaux aliments consommés : **Féculents,
Légumineuses,**

Nombre de repas par jours : **3 et 0 collations**

RÉSULTATS D'ANALYSE

SYNTHÈSE GLOBALE

Notre mode de vie actuel ne favorise bien souvent pas un microbiote diversifié et équilibré. Sédentarité, aliments ultra-transformés, manque de fibres végétales, stress, consommation d'alcool, de tabac, prise d'antibiotiques... tous ces facteurs peuvent réduire la diversité de notre microbiote intestinal. La diversité et l'équilibre sont de bons indicateurs de l'état de votre microbiote.



56 %

PRÉSENCE BACTÉRIENNE



24 %

FODMAP



23 %

PROD. MOYENNE D'ACIDE
GRAS

100

Votre diversité bactérienne

Eubiose

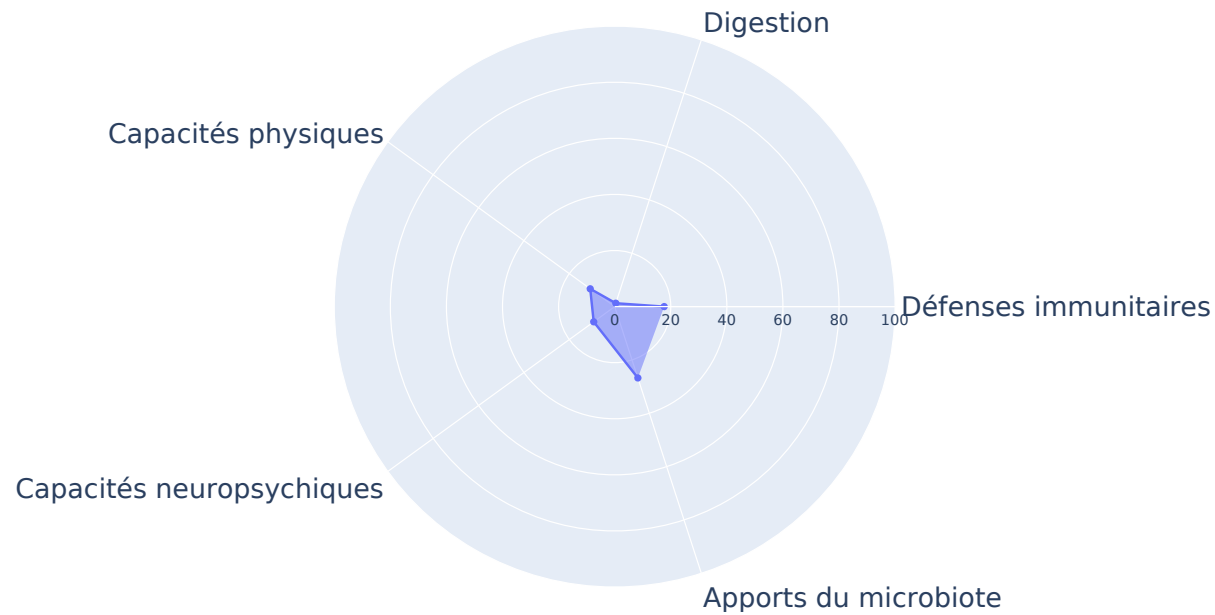
L'équilibre de votre microbiote

BACTEROIDES

Votre entérotype

FONCTIONS DE VOTRE MICROBIOTE

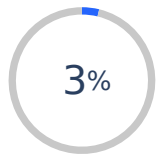
Le microbiote possède cinq fonctions principales, qui agissent sur l'ensemble de l'organisme. Découvrez ci-dessous en synthèse puis de manière détaillée vos résultats d'analyse par fonction.



Défenses immunitaires

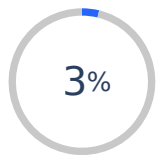
Le microbiote intestinal contribue à nous protéger contre les agents pathogènes en participant à l'intégrité de la barrière intestinale. Les bactéries intestinales et le système immunitaire communiquent en permanence pour construire une barrière efficace, capable d'éviter des réponses inflammatoires délétères.

Inflammations intestinales (Améliorable)



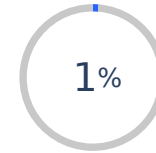
L'inflammation intestinale est caractérisée par un passage d'éléments indésirables à travers la barrière intestinale. La barrière intestinale assure un rôle de protection et est essentielle au maintien de la santé et du bien-être. Son dysfonctionnement peut être impliqué dans de nombreux troubles tels que les allergies, les infections et le syndrome du côlon irritable.

Prédisposition aux allergies (Améliorable)



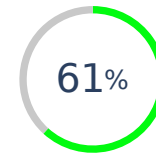
La manifestation des allergies dépend de nombreux facteurs dont la perméabilité intestinale. Une perméabilité accrue peut altérer la barrière intestinale et permettre le passage d'éléments jusqu'alors contenus dans la lumière intestinale. Ce phénomène peut être à l'origine de problèmes allergiques. Afin d'éviter ce risque, il est essentiel que la barrière intestinale reste intacte.

Système immunitaire (Améliorable)



Le système immunitaire permet de faire face aux agressions de notre environnement. Le microbiote intestinal exerce une stimulation permanente de celui-ci, 60% de nos cellules immunitaires étant situées dans l'intestin.

Antioxydants (Optimal)

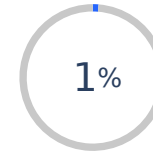


Un des facteurs clés de déséquilibre dans la composition du microbiote ou « dysbiose » est le stress oxydatif intestinal. Combiné aux réponses immunitaires, il est capable d'amplifier la production de radicaux libres, l'activation de cellules inflammatoires, les déséquilibres de composition du microbiote en faveur de bactéries aérotolérantes et les lésions de la barrière intestinale.

Digestion

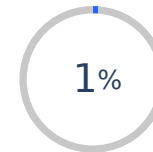
Le microbiote intestinal assure son propre métabolisme en puisant dans nos aliments (notamment parmi les fibres alimentaires). Dans le même temps, ses micro-organismes jouent un rôle direct dans la digestion en assurant la fermentation des résidus alimentaires non digestibles. Par ailleurs, ils facilitent l'assimilation des nutriments, participent à la synthèse de certaines vitamines (vitamine K, B12, B8), et régulent de nombreuses voies métaboliques, notamment l'absorption des acides gras, du calcium, et du magnésium.

Ballonnements et gaz (Améliorable)



Dans le processus de digestion, les bactéries intestinales produisent naturellement des gaz qui peuvent s'accumuler dans l'intestin. Ceci peut être à l'origine de la survenue des ballonnements.

Acidités (Améliorable)

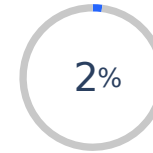


Les brûlures d'estomac et remontées acides sont deux manifestations typiques du reflux gastro-œsophagien. Ce phénomène intervient lorsqu'une partie du contenu de l'estomac remonte dans l'œsophage. En effet, l'estomac produit des sucs gastriques (acides) qui aident à la digestion des aliments.

Capacités physiques

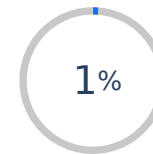
Les micro-organismes présents dans votre microbiote peuvent influencer vos aptitudes physiques et être la clé de l'amélioration de la performance et de l'endurance.

Résistance à l'effort (Améliorable)

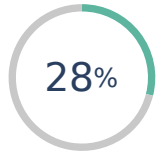


Au même titre que l'alimentation, la pratique d'une activité physique affecte le microbiote en augmentant le nombre d'espèces bactériennes que vous hébergez. Une grande diversité de micro-organismes est bénéfique pour la santé. Elle rend votre microbiote plus résistant et lui donne la possibilité d'exercer de multiples activités métaboliques. Une alimentation adaptée pourrait donc avoir des effets favorables sur les performances réalisées lors d'un effort.

Cœur et vaisseaux (Améliorable)



Le microbiote intestinal pourrait agir sur le risque de maladie cardiovasculaire. La digestion des fibres par les bactéries permettrait de diminuer ce risque.

Vitamine K (Courant)

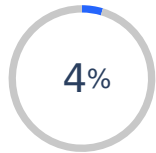
La vitamine K est nécessaire pour l'activation de protéines qui jouent un rôle dans la coagulation du sang (autant dans la stimulation que l'inhibition de la coagulation sanguine). Les chercheurs ont découvert depuis peu qu'elle est essentielle à la santé des os, facilitant l'action de l'ostéocalcine, une protéine impliquée dans la calcification osseuse. La vitamine K serait indispensable à la croissance osseuse des enfants et des adolescents tout comme à la prévention de l'ostéoporose chez les adultes.

Capacités neuropsychiques

Considéré comme notre second cerveau, l'intestin est un des piliers essentiels de notre santé et de son maintien, aussi bien sur le plan physique que mental. Prendre soin de sa flore, c'est aussi prendre soin de son équilibre psychique.

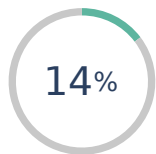
Capacités cognitives et mémoire *(Améliorable)*

Nos capacités cognitives et de mémorisation seraient en partie déterminées par notre microbiote intestinal.



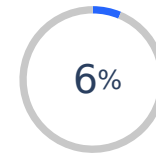
Qualité du sommeil *(Courant)*

Le sommeil est crucial pour de nombreuses fonctions biologiques du corps humain et joue sur notre état de santé. Les troubles du sommeil, qui affectent une grande partie de la population, dépendraient de nombreux facteurs parmi lesquels l'alimentation et la digestion.



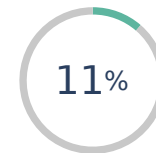
Résistance face au stress et à l'anxiété *(Améliorable)*

Le microbiote intestinal influence le fonctionnement du cerveau grâce à l'axe intestin-cerveau. Cet axe bidirectionnel permet au cerveau et à l'intestin de communiquer de manière constante. Une alimentation équilibrée peut participer à l'amélioration du stress ou de l'anxiété.



Capacité de concentration *(Courant)*

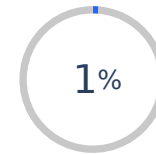
Le microbiote intestinal influencerait le fonctionnement du cerveau par ce que l'on appelle souvent « l'axe intestin-cerveau ». Les personnes souffrant d'un manque de concentration pourraient potentiellement influencer sur cette capacité en modifiant leur alimentation.



Apports du microbiote

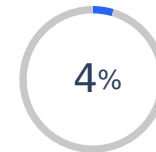
La qualité de votre régime alimentaire va moduler la composition de votre microbiote intestinal. La biodisponibilité des aliments dépend de leur qualité nutritionnelle. Un aliment frais est plus riche en nutriments.

Qualité nutritionnelle des apports (Améliorable)



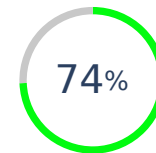
Les protéines, les glucides, les lipides, les vitamines, les minéraux et l'eau constituent tous des nutriments. Chaque nutriment assure une fonction particulière dans l'organisme.

Diversité des apports (Améliorable)



Un régime alimentaire équilibré est un régime qui fournit en quantité adéquate les divers nutriments nécessaires à la santé et au bien-être.

Apports en prébiotiques (Optimal)



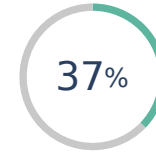
Les fibres alimentaires, sources de prébiotiques, sont des composants des cellules végétales. On les retrouve dans tous les aliments d'origine végétale. Elles constituent la nourriture des bactéries intestinales. Favoriser un bon apport en prébiotiques c'est favoriser l'action bénéfique des bactéries sur votre santé.

ACIDES GRAS À CHAÎNE COURTE

Les fibres alimentaires constituent une source d'énergie importante pour notre microbiote intestinal. En effet, les fibres ne sont pas dégradées par les cellules intestinales mais par certaines bactéries présentes dans le microbiote intestinal.

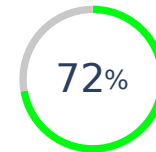
Cette activité de dégradation va stimuler la production d'acides gras à chaîne courte (AGCC), molécules assurant un rôle fondamental pour notre organisme. Les AGCC sont ensuite absorbés par notre organisme et plusieurs effets bénéfiques sur la santé ont été décrits: source d'énergie pour les cellules du côlon, renforcement de la barrière intestinale et du système immunitaire, amélioration du transit dans le côlon, effet sur le cholestérol et la glycémie, réduction de l'inflammation, régulation de l'appétit, prévention contre l'obésité et le cancer colorectal par exemple. Ils exercent donc un effet protecteur vis-à-vis des pathologies du colon. La quantité d'AGCC varie et leur production peut être augmentée en consommant des aliments riches en probiotiques et fibres. Les trois principaux AGCC sont le butyrate, l'acétate et le propionate.

Acétate (Courant)



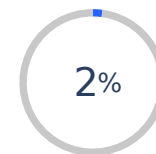
L'acétate est le plus abondant des acides gras à chaîne courte (AGCC). Il est impliqué dans le métabolisme du cholestérol et constitue également une source privilégiée d'énergie pour les muscles.

Butyrate (Optimal)

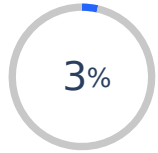


Le butyrate possède des propriétés anti-inflammatoires et participe au maintien de la barrière intestinale. Il est le principal nutriment des cellules de la muqueuse du côlon et favorise leur bonne différenciation, la prolifération cellulaire, la croissance et leur développement.

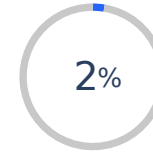
Lactate (Améliorable)



Sa présence est directement liée à une augmentation de l'acidité locale via une augmentation de la concentration en bactéries productrices de lactate et une diminution des bactéries utilisant le lactate. Les bactéries utilisant le lactate sont plus présentes chez les enfants présentant des coliques. Des taux élevés de lactate ont été retrouvés chez les patients souffrant de maladies inflammatoires de l'intestin.

Propionate (Améliorable)

Le propionate est transféré au foie, où il régule la signalisation de la satiété. Il a été décrit comme un inhibiteur de la formation des graisses et de la synthèse du cholestérol, et est un métabolite intéressant pour prévenir l'obésité et le diabète. Le propionate peut également exercer des fonctions anti-infectieuses.

Succinate (Améliorable)

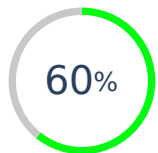
Le succinate et le lactate sont des molécules intermédiaires produites par les bactéries spécialisées dans la dégradation des fibres et qui vont être utilisées par d'autres bactéries pour produire le butyrate, l'acétate et le propionate.

BACTÉRIES D'INTÉRÊTS

Parmi les milliards de bactéries qui composent le microbiote intestinal, nous en avons sélectionnées quelques-unes pour leurs effets importants sur l'organisme. Nous avons choisi des espèces à impact positif et d'autres à impact négatif. Découvrez vos scores d'abondance en comparaison à la cohorte des utilisateurs déclarés sains.

Action positive

Akkermansia muciniphila (Courante)



Akkermansia muciniphila possède des effets bénéfiques sur la santé. Elle contribue à renforcer la barrière intestinale, permet de lutter contre la prise de poids, a un rôle anti-inflammatoire et est associée à un bon état de santé général. La présence de cette bactérie est réduite dans l'obésité, le diabète, le syndrome métabolique et l'inflammation à bas bruit.

Faecalibacterium prausnitzii (Non détectée)

Faecalibacterium prausnitzii est l'une des espèces les plus abondantes du microbiote intestinal. Elle est capable de produire du butyrate, un composé anti-inflammatoire. Elle participe à la bonne santé intestinale en nourrissant les cellules du côlon et en renforçant la barrière intestinale.

[Eubacterium] hallii (Non détectée)

Eubacterium hallii produit du butyrate et du propionate (deux composés bénéfiques pour la santé). Son abondance est réduite chez les personnes atteintes de maladie de Crohn ou de colite ulcéreuse.

Bacteroides thetaiotaomicron (Élevée)



Bacteroides thetaiotaomicron produit de l'acétate, un acide gras à chaîne courte qui, consommé notamment par *Faecalibacterium prausnitzii* permet de générer du butyrate, bénéfique pour la barrière intestinale. Toutefois, en dégradant la mucine, *B. thetaiotaomicron* peut engendrer la croissance de pathogènes tels que *Clostridium difficile* ou *Salmonella enterica* serovar Typhimurium. Il lui faut donc un apport suffisant en fibres alimentaires.

Bifidobacterium longum (Élevée)



Bifidobacterium longum est commercialisée en tant que probiotique. Elle possède des effets anti-inflammatoires et semble améliorer les symptômes des personnes souffrant de constipation, de maladie cœliaque (allergie au gluten), ou de rectocolite hémorragique. Elle conduirait à une réduction du niveau de dépression et une augmentation de la qualité de vie chez les individus atteints de maladies inflammatoires chroniques de l'intestin (MICI).

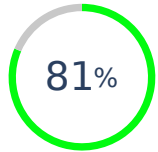
Roseburia intestinalis (Non détectée)

Roseburia intestinalis fait partie des espèces dominantes du microbiote intestinal. Elle est moins présente chez les individus atteints de maladies inflammatoires chroniques de l'intestin (MICI). Productrice de butyrate, elle participe au bon fonctionnement de la barrière intestinale et possède des propriétés anti-inflammatoires.

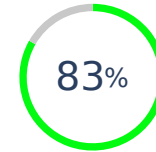
Veillonella atypica (Non détectée)

Veillonella atypica appartient au phylum Firmicutes. Cette bactérie semble augmenter les performances physiques des athlètes d'endurance en transformant l'acide lactique produit lors de l'effort en propionate.

Action négative

Bilophila wadsworthia (Élevée)


Bilophila wadsworthia présente des propriétés inflammatoires et semble aggraver les désordres métaboliques tels que l'obésité et le diabète chez les personnes ayant une alimentation riche en graisses. Son abondance peut être augmentée si le régime alimentaire est riche en graisses saturées (les graisses principalement animales) ou dans le cadre d'un régime pauvre en FODMAP.

[Ruminococcus] gnavus (Élevée)


Ruminococcus gnavus possède un fort potentiel inflammatoire. Une présence trop importante de cette bactérie a été observée dans des maladies telles que les maladies inflammatoires chroniques de l'intestin (MICI), l'eczéma ou encore les allergies.

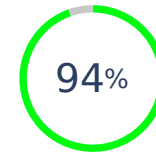
Clostridioides difficile (Non détectée)

Clostridium difficile (renommée *Clostridioides difficile*) est une bactérie pathogène responsable de la majorité des infections nosocomiales dans le monde. Elle induit des effets très divers qui vont de la colonisation asymptomatique à des diarrhées légères et jusqu'à des pathologies intestinales sévères. Un microbiote intestinal non perturbé limite la croissance de *C. difficile*, mais une perturbation telle que la prise d'antibiotiques peut remettre en cause cette protection.

GENRE D'INTÉRÊTS

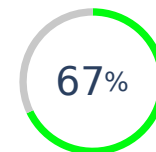
Nous avons sélectionné des genres de bactéries qui jouent un rôle important sur notre organisme. Leur abondance est calculée en comparaison à la cohorte des utilisateurs déclarés sains.

Bifidobacterium (Élevée)

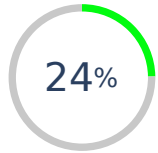


Les Bifidobacterium font partie des bactéries bénéfiques les plus abondantes du microbiote intestinal. Certaines contribuent au renforcement du système immunitaire et de la barrière intestinale, à la réduction de la diarrhée, à l'amélioration des inconforts digestifs et à la protection contre les bactéries pathogènes. Pour augmenter leur abondance, nous vous conseillons d'augmenter votre apport en fibres grâce aux fruits, légumes, légumineuses et céréales complètes et de consommer des produits laitiers fermentés (yaourt, fromage, kefir...).

Dialister (Courante)



Les Dialister seraient impliquées dans la régulation de la santé mentale. En effet, une étude a montré l'absence de deux types de bactéries, Coprococcus et Dialister, chez des personnes déprimées. Toutefois cette observation ne prouve pas que l'absence de ce genre bactérien cause une dépression.

Coprococcus (Faible)


La présence de *Coprococcus* dans le microbiote intestinal est associée à une bonne qualité de vie. Elles produisent du butyrate, un composé anti-inflammatoire, et joueraient un rôle protecteur contre le cancer colorectal. Leur absence a été observée dans le microbiote intestinal de personnes dépressives. Toutefois, cela ne veut pas dire que leur absence cause une dépression.

Lactobacillus (Non détectée)

Des souches de *Lactobacillus* sont impliquées dans la dégradation du lactose et les processus de fermentation, d'autres participent au renforcement de notre système immunitaire et de notre barrière intestinale, à la réduction des diarrhées lors de prise d'antibiotiques ou à la réduction des coliques infantiles. Pour augmenter l'abondance des *Lactobacillus*, mangez plus de fibres grâce aux fruits, légumes, légumineuses et céréales complètes, consommez des produits laitiers fermentés ou encore de faites une cure de probiotiques.

FODMAP

Les FODMAP sont des sucres naturellement présents dans notre alimentation. Ils sont très peu digérés avant d'atteindre le côlon, où les bactéries les fermentent de manière très rapide. Certains peuvent causer des troubles tels que des gaz, des ballonnements ou même des douleurs chez des personnes qui ont du mal à les tolérer. Les résultats mesurent la présence de bactéries qui fermentent des FODMAP spécifiques : votre taux en comparaison à celui de la cohorte d'utilisateurs sains.

Amidon (Améliorable)

 3 % 

On en trouve principalement dans les féculents notamment les pommes de terre, le riz, les pâtes, les farines, etc. Les amidons modifiés figurent parmi les additifs (E1404, E1410, E1412 à E1414, E1420, E1422, E1440, E1442, E1450 à E1452).

Tréhalose (Optimal)

 52 % 

Souvent utilisé comme additif dans les poudres alimentaires (soupes, lait) mais également dans les confiseries, les boissons et les produits transformés.

Sucrose (Améliorable)

 0 % 

Contenu dans certains aliments et boissons notamment dans les sirops, les bonbons, les confitures, le caramel et certaines conserves.

Lactose (Courant)

 13 % 

Contenu principalement dans les produits laitiers (lait, yaourts, crème fraîche, fromages).

Galactose (Courant)

 11 % 

On en trouve dans le miel et en très petite quantité dans certains légumes et dans certains fruits comme la betterave, le kiwi, les prunes, etc.

Maltose (Courant)

 25 % 

On le trouve dans le malt mais également dans la bière, le whisky et dans la fabrication du pain.

Glucose (Améliorable)

 1 % 

Il se retrouve dans beaucoup d'aliments car il fait partie des composés de nombreux sucres : féculents, fruits, confiseries, etc.

Fructose (Courant)

 11 % 

On en trouve principalement dans les fruits et le miel.

Sorbitol (Optimal)

 99 % 

Additif (E420) mentionné sur les étiquettes des produits. On le trouve surtout dans des produits à faible valeur calorique ou sans sucres ajoutés (sauf boissons). Présent aussi naturellement dans certains fruits.

Mannitol (Courant)

50 % 

Additif (E421) mentionné sur les étiquettes des produits. On le trouve surtout dans des produits à faible valeur calorique ou sans sucres ajoutés (sauf boissons). On le retrouve en petites quantités dans certains fruits et légumes.

Xylitol (Améliorable)

4 % 

Additif (E967) mentionné sur les étiquettes des produits. On le trouve principalement dans les chewing-gums mais on en trouve de façon naturelle dans certains fruits.

ANNEXES

ALIMENTATION CONSEILLÉE

Grâce à la précision des résultats de votre analyse ainsi que nos experts en nutrition, découvrez ci-dessous votre liste personnalisée des aliments, compléments et probiotiques à consommer pour stimuler et renforcer le fonctionnement de votre organisme. Pour vous accompagner dans cette démarche, retrouvez également de délicieuses recettes gratuitement sur notre blog Nahibu !



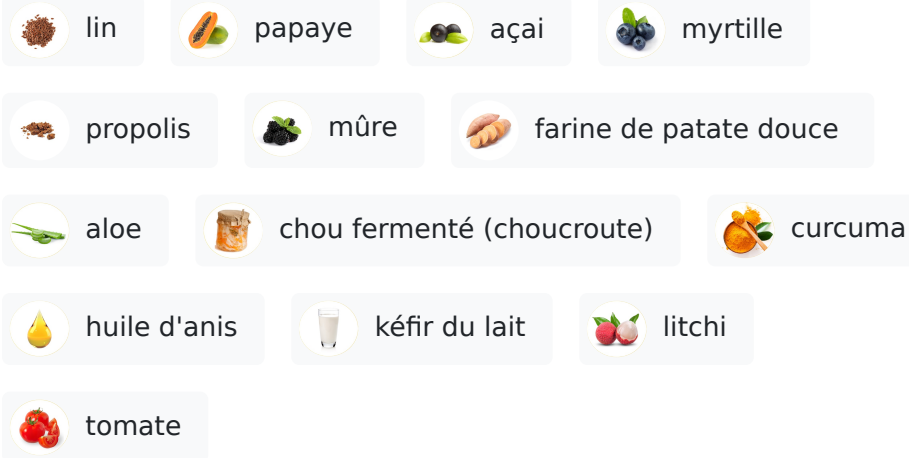
Emmanuelle Lecommandeur

Responsable Recherche et Développement chez Nahibu



Aliments à impact positif

✓ Inflammations intestinales



✓ Prédilection aux allergies





✓ Système immunitaire










✓ Antioxydants



✔ Ballonnements et gaz

 haricots verts  olives  pomme

 gelidium (agar-agar)  myrte commun




 psyllium  violette  framboise



 mangue  papaye  mûre  groseille

 poivre noir  banane

✔ Acidités

✔ Résistance à l'effort




 lin  eau alcaline à ph élevé  maïs




 pastèque  romarin





✔ Cœur et vaisseaux


 haricots verts  ail  oignon

 oignon rouge  saumon  lin

 eau alcaline à ph élevé  maïs  olives




 pomme  huile de colza  kiwi



 igname  aubergine  gingembre  goji

 goyave  huile de noix coco  kaki



 noisettes  pastèque  graine de chia

 farine de sarrasin  tofu  topinambour

 açai  chocolat noir  farine d'épeautre


 farine de châtaigne  courgette

 flocons d'avoine  beurre de cacahuètes


 farine de patate douce  gelée royale

 noix de cajou  farine de pois chiches


✔ Vitamine K

 noix de cajou

 farine de pois chiches


 poivron

✔ Capacités cognitives et mémoire


 gelée royale


✔ Qualité du sommeil


 gelée royale


 valeriana officinalis


✔ Résistance face au stress et à l'anxiété


 mandarine

 thé vert

 mangoustan

 valeriana officinalis

 citus aurantium (orange amère)

 minocycline

✔ Capacité de concentration

✔ Qualité nutritionnelle des apports

- olives
- pomme
- huile de colza
- carottes
- fromage
- menthe
- vin rouge
- farine de blé
- graine de chia
- lait
- mangue
- farine de sarrasin
- topinambour
- mayonnaise
- medicago sativa (luzerne)
- noix
- pistache
- salvia officinalis (sauge)
- soja
- son de blé
- spiruline
- mandarine
- gelée royale
- datte
- grenade
- patate douce
- noix de cajou
- farine de pois chiches
- poivron

✔ Diversité des apports

- framboise
- pastèque
- graine de chia
- lait
- mangue
- romarin
- farine de sarrasin
- tofu
- topinambour
- baies rouges
- chocolat noir
- mayonnaise
- medicago sativa (luzerne)
- noix
- pistache
- salvia officinalis (sauge)
- soja
- son de blé
- farine d'épeautre
- farine de châtaigne
- courgette
- flocons d'avoine
- melon
- beurre de cacahuètes
- mûre
- spiruline
- farine de patate douce
- gelée royale
- bière sans alcool
- cacao
- farine de riz
- farine de maïs
- sirop d'agave
- figue de barbarie
- groseille
- noix de cajou


✔ Apports en prébiotiques



banane






Aliments à impact négatif

⊖ Inflammations intestinales

 viande rouge



⊖ Prédiposition aux allergies

⊖ Système immunitaire

 nitrates|nitrites|nitrosamines azorubine (e122) viande crue viande rouge amarante (e123)

⊖ Antioxydants


⊖ Ballonnements et gaz

 boissons gazeuses choux de bruxelles

⊖ Acidités

⊖ Résistance à l'effort

⊖ Cœur et vaisseaux




 margarine

⊖ Vitamine K

⊖ Capacités cognitives et mémoire

⊖ Qualité du sommeil

⊖ Résistance face au stress et à l'anxiété

 boissons énergisantes sodas sucralose confiture sucre

⊖ Capacité de concentration

🔴 Qualité nutritionnelle des apports



margarine



charcuterie



boissons alcoolisées



boissons énergisantes



sodas



maïs soufflé au micro-ondes

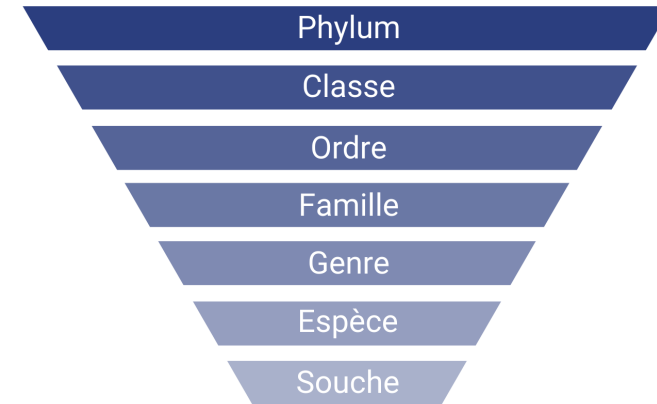
🔴 Diversité des apports

🔴 Apports en prébiotiques

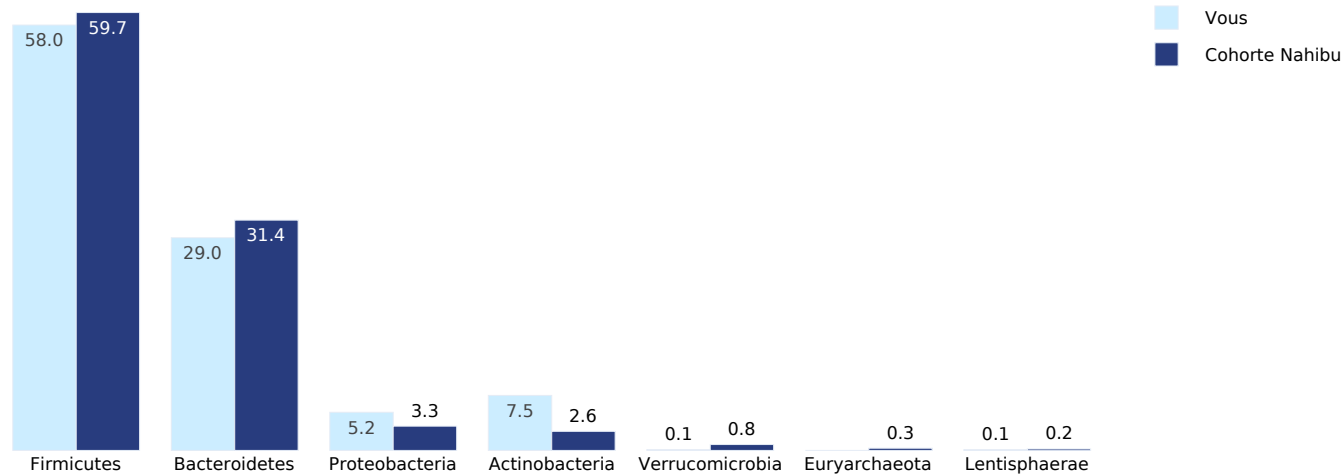
RÉPARTITION DES PHYLA

Les phyla représentent le plus haut niveau de classification des bactéries. En effet, la taxonomie des bactéries se divise en plusieurs niveaux, du plus large (phylum) au fin précis (souche).

La répartition des phyla décrit la façon dont les bactéries présentes dans votre échantillon sont réparties. Firmicutes et Bacteroidetes sont généralement les phyla majoritaires dans le microbiote intestinal. Le phylum Firmicutes est composé de plus de 200 genres différents tels que Lactobacillus, Bacillus, Clostridium, Enterococcus et Ruminococcus. Le phylum Bacteroidetes se compose de genres prédominants telles que Bacteroides et Prevotella. Le phylum des Actinobactéries, principalement représenté par les Bifidobacterium, est proportionnellement moins abondant dans le microbiote intestinal adulte.



Votre répartition de Phyla



LISTE DES BACTÉRIES

Les bactéries listées ont été détectées lors de l'analyse Nahibu. Pour chacune d'elles, vous trouverez les indications d'appartenance et l'abondance relative en % par rapport à l'ensemble des bactéries détectées dans votre microbiote.

Les espèces qui comportent un numéro (2, 3, 4, et plus), correspondent à des espèces apparentées (du même genre) à celles dont elles portent le nom, bien que légèrement différentes. C'est la raison pour laquelle elles ne se retrouvent pas toujours dans les bactéries d'intérêt dans l'onglet général (exemple : "Akkermansia muciniphila" et "Akkermansia muciniphila 2". L'espèce officielle est ici "Akkermansia muciniphila").

Règne	Phylum	Classe	Ordre	Famille	Genre	Espèce	Valeur
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Lachnospiraceae	unclassified Lachnospiraceae	[Eubacterium] rectale	24.86%
Bacteria	Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Bacteroidaceae	Bacteroides	Bacteroides vulgatus	11.36%
Bacteria	Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Bacteroidaceae	Bacteroides	Bacteroides uniformis	5.32%
Bacteria	Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Bacteroidaceae	Bacteroides	Bacteroides dorei	4.74%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Ruminococcaceae	Faecalibacterium	Faecalibacterium prausnitzii	4.42%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Ruminococcaceae	Ruminococcus	Ruminococcus bromii	4.06%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Eubacteriaceae	Eubacterium	Eubacterium sp. CAG:38	3.64%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Ruminococcaceae	Faecalibacterium	Faecalibacterium prausnitzii	3.63%
Bacteria	Actinobacteria	Actinobacteria	Bifidobacteriales	Bifidobacteriaceae	Bifidobacterium	Bifidobacterium adolescentis	3.25%
Bacteria	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Enterobacterales	Enterobacteriaceae	Escherichia	Escherichia coli	3.19%
Bacteria	Actinobacteria	Actinobacteria	Bifidobacteriales	Bifidobacteriaceae	Bifidobacterium	Bifidobacterium longum	2.23%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Clostridiaceae	Clostridium	Clostridium sp. CAG:7	2.08%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Ruminococcaceae	Faecalibacterium	Faecalibacterium sp. UBA2087	1.70%

Règne	Phylum	Classe	Ordre	Famille	Genre	Espèce	Valeur
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Lachnospiraceae	Fusicatenibacter	Fusicatenibacter saccharivorans	1.68%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Lachnospiraceae	Dorea	Dorea longicatena	1.62%
Bacteria	Actinobacteria	Coriobacteriia	Coriobacteriales	Coriobacteriaceae	Collinsella	Collinsella aerofaciens	1.38%
Bacteria	Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Bacteroidaceae	Bacteroides	Bacteroides intestinalis	1.32%
Bacteria	Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Bacteroidaceae	Bacteroides	Bacteroides thetaiotaomicron	1.05%
Bacteria	Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Tannerellaceae	Parabacteroides	Parabacteroides merdae	1.03%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Clostridiaceae	Clostridium	uncultured Clostridium sp.	0.85%
Bacteria	Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Tannerellaceae	Parabacteroides	Parabacteroides distasonis	0.81%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Clostridiaceae	Clostridium	uncultured Clostridium sp.	0.80%
Bacteria	Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Rikenellaceae	Alistipes	Alistipes finegoldii	0.77%
Bacteria	Proteobacteria	Betaproteobacteria	Burkholderiales	Sutterellaceae	Dakarella	Dakarella massiliensis	0.77%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Lachnospiraceae	Blautia	Blautia obeum	0.64%
Bacteria	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Rhodospirillales	Rhodospirillaceae	Azospirillum	Azospirillum sp.	0.63%
Bacteria	Firmicutes	Negativicutes	Acidaminococcales	Acidaminococcaceae	Phascolarctobacterium	Phascolarctobacterium faecium	0.61%
Bacteria	Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Barnesiellaceae	Barnesiella	Barnesiella intestinhominis	0.57%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Lachnospiraceae	Lachnoclostridium	Lachnoclostridium sp. SNUG30386	0.51%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Lachnospiraceae	Dorea	Dorea formicigenerans	0.46%
Bacteria	Firmicutes	Negativicutes	Veillonellales	Veillonellaceae	Dialister	Dialister invisus	0.42%
Bacteria	Firmicutes	Negativicutes	Veillonellales	Veillonellaceae	Veillonella	Veillonella sp. oral taxon 158	0.41%

Règne	Phylum	Classe	Ordre	Famille	Genre	Espèce	Valeur
Bacteria	Firmicutes	Negativicutes	Veillonellales	Veillonellaceae	Veillonella	Veillonella parvula	0.40%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Lachnospiraceae	Blautia	Blautia obeum	0.39%
Bacteria	Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Rikenellaceae	Alistipes	unclassified Alistipes	0.37%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Clostridiaceae	Clostridium	unclassified Clostridium	0.35%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Lachnospiraceae	Coprococcus	Coprococcus comes	0.34%
Bacteria	Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Odoribacteraceae	Odoribacter	Odoribacter splanchnicus	0.32%
Bacteria	Proteobacteria	Betaproteobacteria	Burkholderiales	unclassified Burkholderiales	unclassified Burkholderiales	Burkholderiales bacterium 1_1_47	0.31%
Bacteria	Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Bacteroidaceae	Bacteroides	Bacteroides xylanisolvens	0.28%
Bacteria	Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Rikenellaceae	Alistipes	Alistipes sp. 56_11	0.28%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Lachnospiraceae	Blautia	uncultured Blautia sp.	0.28%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Clostridiaceae	Clostridium	uncultured Clostridium sp.	0.27%
Bacteria	Proteobacteria	Deltaproteobacteria	Desulfovibrionales	Desulfovibrionaceae	Bilophila	Bilophila wadsworthia	0.23%
Bacteria	Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Rikenellaceae	Alistipes	Alistipes sp. CAG:268	0.20%
Bacteria	Actinobacteria	Actinobacteria	Bifidobacteriales	Bifidobacteriaceae	Bifidobacterium	Bifidobacterium bifidum	0.20%
Bacteria	Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Rikenellaceae	Alistipes	Alistipes obesi	0.20%
Bacteria	Actinobacteria	Coriobacteriia	Eggerthellales	Eggerthellaceae	Eggerthella	Eggerthella sp. CAG:298	0.20%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	unclassified Clostridiales	Lawsonibacter	Lawsonibacter asaccharolyticus	0.20%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Clostridiaceae	Clostridium	unclassified Clostridium	0.19%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Clostridiaceae	Clostridium	Clostridium sp. AT4	0.18%

Règne	Phylum	Classe	Ordre	Famille	Genre	Espèce	Valeur
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Clostridiaceae	Clostridium	unclassified Clostridium	0.17%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Clostridiaceae	Clostridium	Clostridium sp. CAG:299	0.17%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Ruminococcaceae	Gemmiger	unclassified Gemmiger	0.16%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	unclassified Clostridiales	Flavonifractor	Flavonifractor plautii	0.16%
Bacteria	Actinobacteria	Coriobacteriia	Eggerthellales	Eggerthellaceae	Asaccharobacter	Asaccharobacter celatus	0.16%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Ruminococcaceae	Ruminiclostridium	[Clostridium] leptum	0.15%
Bacteria	Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Barnesiellaceae	Coprobacter	Coprobacter fastidiosus	0.14%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Ruminococcaceae	Agathobaculum	Agathobaculum butyriciproducens	0.13%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Lachnospiraceae	Blautia	Blautia obeum	0.12%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Eubacteriaceae	Eubacterium	Eubacterium sp. CAG:274	0.12%
Bacteria	Lentisphaerae	Lentisphaeria	Victivallales	unclassified Victivallales	unclassified Victivallales	Victivallales bacterium CCUG 44730	0.12%
Bacteria	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Pasteurellales	Pasteurellaceae	Haemophilus	Haemophilus parainfluenzae	0.12%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Clostridiaceae	Clostridium	uncultured Clostridium sp.	0.11%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	unclassified Clostridiales	unclassified Clostridiales	unclassified Clostridiales	0.10%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	unclassified Clostridiales	Flavonifractor	uncultured Flavonifractor sp.	0.10%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Oscillospiraceae	Oscillibacter	uncultured Oscillibacter sp.	0.09%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Peptostreptococcaceae	Romboutsia	Romboutsia timonensis	0.09%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Oscillospiraceae	Oscillibacter	unclassified Oscillibacter	0.09%
Bacteria	Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Rikenellaceae	Alistipes	Alistipes ihumii	0.09%

Règne	Phylum	Classe	Ordre	Famille	Genre	Espèce	Valeur
Bacteria	Verrucomicrobia	Verrucomicrobiae	Verrucomicrobiales	Akkermansiaceae	Akkermansia	Akkermansia muciniphila	0.08%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	unclassified Clostridiales	Flavonifractor	uncultured Flavonifractor sp.	0.08%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Clostridiaceae	Clostridium	Clostridium sp. CAG:58	0.08%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Ruminococcaceae	Faecalibacterium	unclassified Faecalibacterium	0.08%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	unclassified Clostridia	unclassified Clostridia	unclassified Clostridia	Clostridia bacterium UC5.1-1E11	0.07%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Lachnospiraceae	Blautia	[Ruminococcus] gnavus	0.07%
Bacteria	Firmicutes	Bacilli	Lactobacillales	Enterococcaceae	Enterococcus	Enterococcus faecalis	0.07%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Clostridiaceae	Clostridium	Clostridium bartlettii CAG:1329	0.07%
Bacteria	Actinobacteria	Actinobacteria	Bifidobacteriales	Bifidobacteriaceae	Bifidobacterium	Bifidobacterium pseudocatenuatum	0.06%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Lachnospiraceae	Anaerostipes	Anaerostipes hadrus	0.06%
Bacteria	Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Odoribacteraceae	Butyricimonas	Butyricimonas virosa	0.06%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Lachnospiraceae	Lachnoclostridium	[Clostridium] bolteae	0.06%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Lachnospiraceae	Blautia	Blautia sp. Marseille-P3087	0.06%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	unclassified Clostridiales	unclassified Clostridiales	unclassified Clostridiales	0.06%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Clostridiaceae	unclassified Clostridiaceae	unclassified Clostridiaceae	0.06%
Bacteria	Actinobacteria	Coriobacteriia	Eggerthellales	Eggerthellaceae	Eggerthella	Eggerthella lenta	0.06%
Bacteria	Firmicutes	Bacilli	Lactobacillales	Streptococcaceae	Streptococcus	Streptococcus sp. I-P16	0.05%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Ruminococcaceae	Ruminococcus	uncultured Ruminococcus sp.	0.05%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Clostridiaceae	Clostridium	Clostridium butyricum	0.05%

Règne	Phylum	Classe	Ordre	Famille	Genre	Espèce	Valeur
Bacteria	Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Rikenellaceae	Alistipes	Alistipes putredinis	0.05%
Bacteria	Firmicutes	Bacilli	Lactobacillales	Streptococcaceae	Streptococcus	Streptococcus parasanguinis	0.04%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Lachnospiraceae	unclassified Lachnospiraceae	unclassified Lachnospiraceae	0.04%
Bacteria	Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Bacteroidaceae	Bacteroides	Bacteroides fragilis	0.04%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Clostridiaceae	Clostridium	Clostridium paraputrificum	0.04%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Lachnospiraceae	Roseburia	Roseburia sp. CAG:471	0.04%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Ruminococcaceae	Ruthenibacterium	Ruthenibacterium lactatiformans	0.04%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Lachnospiraceae	unclassified Lachnospiraceae	Lachnospiraceae bacterium CAG:215	0.03%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Lachnospiraceae	Eisenbergiella	Eisenbergiella massiliensis	0.03%
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Eubacteriaceae	Eubacterium	Eubacterium sp. CAG:192	0.02%
Bacteria	Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Tannerellaceae	Tannerella	Tannerella sp. CAG:118	0.02%