PROGRAMME XPLORER™

Microbiome Xplorer™

Savoir comment un traitement, un régime ou un produit remodèle une communauté microbienne, et comment l'hôte répond.

De l'échantillonnage à l'interprétation, Microbiome Xplorer™ montre quelles communautés changent, quelles fonctions elles portent et quels signaux de l'hôte suivent, le tout mesuré sur une même collecte. Matrices intestinales, cutanées, buccales, respiratoires et environnementales.

4
couches moléculaires sur les mêmes échantillons

2
voies métagénomiques : 16S et shotgun

En interne · sur site
métatranscriptomique en interne, métabolomique sur site

CE QUE LE PROGRAMME RÉSOUT Les questions auxquelles il répond

Les noms d'espèces disent qui est là, les fonctions ce qu'elles peuvent faire, les marqueurs de l'hôte si cela compte. Microbiome Xplorer lit les trois sur les mêmes échantillons : la chaîne qui va de l'intervention à l'hôte est testée maillon par maillon, au lieu d'être supposée.

01 Communautés
Quelles communautés changent avec le traitement, le régime, le produit ou l'infection, et dans quelle mesure ?

02 Fonctions
Quelles fonctions portent-elles, et ces fonctions sont-elles réellement exprimées ?

03 Hôte
Quels produits microbiens atteignent l'hôte, et quels signaux de l'hôte répondent ?

04 Persistance
Une souche s'implante-t-elle, combien de temps, et l'effet dure-t-il à l'arrêt de la prise ?

OÙ IL S'APPLIQUE

Nutrition et probiotiques · Axe intestin–cerveau · Microbiote cutané et cosmétique · Microbiote buccal et respiratoire · Maladies infectieuses et antibiorésistance · Interactions hôte–pathogène · Échantillons environnementaux et biofilms

COUCHES OMIQUES Des couches combinées selon la question

Métagénomique
Composition, diversité et abondance différentielle en 16S ; potentiel fonctionnel, souches et gènes de résistance en shotgun. La profondeur est fixée par la question.

- **16S** composition
- **Shotgun** fonctions · souches
- **Résistome** gènes de résistance

Métatranscriptomique
Quelles voies microbiennes sont réellement exprimées, et la réponse de l'hôte lue sur le même matériel.

- **Fonctions exprimées** ARN
- **Hôte et microbes** un seul échantillon
- **Modules curés** ex. intestin–cerveau

Métabolomique
Produits microbiens mesurés dans les selles et le plasma, comme les acides gras à chaîne courte et les métabolites du tryptophane.

- **Métabolome fécal** ce que produit la communauté
- **Métabolome plasmatique** ce qui atteint l'hôte
- **Métabolites ciblés** ex. butyrate, indoles

Marqueurs de l'hôte
Transcriptome de l'hôte en RNA-seq bulk, protéines par LC-MS/MS sans marquage réalisée sur site sur un timsTOF Pro 2, et marqueurs d'inflammation ou de stress choisis avec vous.

- **Transcriptome de l'hôte** RNA-seq bulk
- **Protéomique** timsTOF Pro 2 · sur site
- **Marqueurs ciblés** qPCR · dPCR

L'échantillonnage est standardisé avec vous avant la première collecte : matrices, temps de prélèvement, protocoles de recueil et de conservation.

DÉROULÉ Comment se déroule un programme

01
Plan et échantillonnage
Matrices, temps de prélèvement et protocoles de recueil choisis pour la question.

02
Extraction et QC
Protocoles choisis par matrice, y compris pour les échantillons à faible biomasse où une extraction standard perd le signal.

03
Profilage
Métagénomique 16S ou shotgun et métatranscriptomique réalisées en interne, métabolomique sur site, avec les marqueurs de l'hôte sur les mêmes participants et aux mêmes temps.

04
Intégration
Taxons, fonctions, métabolites et marqueurs de l'hôte reliés par échantillon et par temps, puis mis en regard du contexte clinique ou produit.

05
Interprétation
Une carte du mécanisme qui indique quels maillons de la chaîne sont établis, partiels ou non démontrés.

LIVRABLES Ce que vous recevez

Données	Données brutes (FASTQ, fichiers MS) et tables taxonomiques, de souches, fonctionnelles, de métabolites et de marqueurs de l'hôte reliées par échantillon et par temps.
Analyse	Analyses de diversité, d'abondance différentielle et fonctionnelles, avec versions des outils, paramètres et seuils pour chaque étape.
Mécanisme	Une carte du mécanisme et, le cas échéant, un rapport de suivi des souches sur leur implantation et leur persistance.
Rapport	Une interprétation rédigée face à votre question, des figures prêtes à publier, livrées en PDF signé et horodaté.

CONDITIONS PRATIQUES

Signature	PDF signé et horodaté
Données	Les données sont hébergées dans l'UE, avec des sauvegardes en France, espace cloisonné par équipe
Confidentialité	Accord de confidentialité mutuel (NDA) possible avant tout partage de détail, sans frais
IA	Modèles sur nos serveurs, aucune donnée vers une IA externe

DÉLAIS Des délais en jours ouvrés, à partir du GO

PROJET STANDARD
4–6 semaines
Le rythme habituel d'un projet, confirmé au devis.

PRIORITAIRE
2–4 semaines
Quand votre calendrier l'exige, convenu au cadrage et confirmé au devis.

Décomptés en jours ouvrés à partir du GO, donné une fois les échantillons validés au contrôle visuel à réception. Les programmes plus larges sont planifiés par jalons, chacun avec sa date.

ÉTUDE DE CAS ILLUSTRÉE Le programme à l'œuvre

ÉTUDE DE CAS · AXE INTESTIN–CERVEAU
Suivre la chaîne intestin–cerveau : ce qu'un probiotique change, et comment l'hôte répond
Résultat clé Implantation transitoire ; fonctions butyrate, GABA et indoles en hausse ; tryptophane orienté vers les indoles ; pas de changement de l'inflammation ni du cortisol.

Cas d'illustration, hors projet client

genxmap.com/fr/resources/microbiome-xplorer-gut-brain.html

DEVIS ET PROJETS
sales@genxmap.com
+33 7 69 44 16 18

ÉCHANTILLONS, PROTOCOLES, QC
lab@genxmap.com
+33 4 13 73 24 81

LABORATOIRE
GENXMAP, IHU Méditerranée Infection
19-21 boulevard Jean Moulin
13005 Marseille, France