

Méthode de caractérisation de la diversité microbienne au sein du microbiote intestinal

Description

Aujourd'hui, de nombreuses maladies sont associées à une dysbiose et à une diversité bactérienne réduite. Les scientifiques de MétaGénoPolis ont trouvé un ensemble d'espèces bactériennes spécifiques, dont la présence/absence dans l'ADN bactérien des fèces d'un sujet est en corrélation significative avec une diversité bactérienne intestinale réduite. Par outil d'analyse métagénomique, la présence ou l'absence de ces bactéries est analysée et permet à terme de mesurer la diversité microbienne de la flore intestinale d'un individu.



Type de transfert envisagé

Licence d'exploitation ou option de licence

Avantages

Ne se limite pas aux espèces identifiées mais aux gènes présents ou absents / Sensibilité du test fort

Applications potentielles

Identification des personnes présentant un microbiome à risques pour le développement de maladies comme le diabète de type I ou II, le syndrome métabolique ou d'insulino-résistance /
Mêmes applications pour les maladies comme la dermatite atopique ou les infections nosocomiales ou l'asthme chez les nouveaux nés

Mots clés

Microbiote, diversité, bactéries, gènes, maladies

Echelle TRL **1** 2 **3** 4 5 6 7 8 9

Stade de développement

Technologie adaptées pour analyses d'échantillons de fèces.

Laboratoire:

MétaGénoPolis, centre INRA de Jouy-en-Josas

Chercheurs:

Emmanuelle Le Chatelier, MétaGénoPolis, centre INRA de Jouy-en-Josas

Contact:

Héloïse SIMONSON, chargée de valorisation, INRA Transfert, mail : heloise.simonson@inra.fr

Date: 17-12-2019