



HAL
open science

Microbiote toxique et progression de la maladie rénale chronique : étude longitudinale CKD_Microbiome

Sandra Wagner, Laetitia Koppe, Manolo Laiola, Amine Islam LARABI, Thirion Florence, Jean Claude Alvarez, Fouque Denis, Massy Ziad, Ehrlich Stanislav, Stengel Bénédicte

► To cite this version:

Sandra Wagner, Laetitia Koppe, Manolo Laiola, Amine Islam LARABI, Thirion Florence, et al.. Microbiote toxique et progression de la maladie rénale chronique : étude longitudinale CKD_Microbiome. congrès de la société francophone de Néphrologie Dialyse et Transplantation, Oct 2024, Bordeaux, France. hal-04712463

HAL Id: hal-04712463

<https://hal.science/hal-04712463v1>

Submitted on 27 Sep 2024

HAL is a multi-disciplinary open access archive for the deposit and dissemination of scientific research documents, whether they are published or not. The documents may come from teaching and research institutions in France or abroad, or from public or private research centers.

Public Domain

L'archive ouverte pluridisciplinaire **HAL**, est destinée au dépôt et à la diffusion de documents scientifiques de niveau recherche, publiés ou non, émanant des établissements d'enseignement et de recherche français ou étrangers, des laboratoires publics ou privés.

MICROBIOTE TOXIQUE ET PROGRESSION DE LA MALADIE RÉNALE CHRONIQUE :

ÉTUDE LONGITUDINALE CKD_MICROBIOME

WAGNER Sandra#, KOPPE Laetitia#, LAIOLA Manolo#, LARABI Islam Amine, THIRION Florence, ALVAREZ Jean-Claude, FOUQUE Denis, MASSY Ziad, EHRLICH Stanislav Dusko#, STENGEL Bénédicte#, pour la cohorte CKD-REIN

#contributions égales

INTRODUCTION

Le rôle de la composition du microbiote intestinal et de l'alimentation dans l'accumulation des toxines urémiques (TU) au cours de la progression de la MRC reste mal connue. Chez des patients avec une MRC modérée à sévère, nous avons étudié l'impact de ces différents paramètres à l'inclusion sur la progression de la MRC et évalué les modifications de la composition du microbiote intestinal au cours du temps.

MÉTHODES

Etude prospective nichée dans la cohorte CKD-REIN incluant 240 patients (âge moyen, 68±12 ans; DFGe, 32±13 ml/min/1.73m²), dont 103 ont été suivis pendant 2.8 ± 0.5 ans (T1). Le métagénome intestinal, 10 TU et les habitudes alimentaires ont été évalués à T0 et T1. Des cliff's delta ont été calculés pour identifier les différents facteurs spécifiques à la progression de la MRC définie par un déclin du DFGe >30%, l'initiation d'un traitement de suppléance ou le décès. L'évolution des indicateurs de richesse et composition du microbiote a été évalué, ainsi que l'effet du changement de consommation de fibres et protéines alimentaires sur le ratio espèces productrices de TU/espèces totales a été évalué.

RÉSULTATS

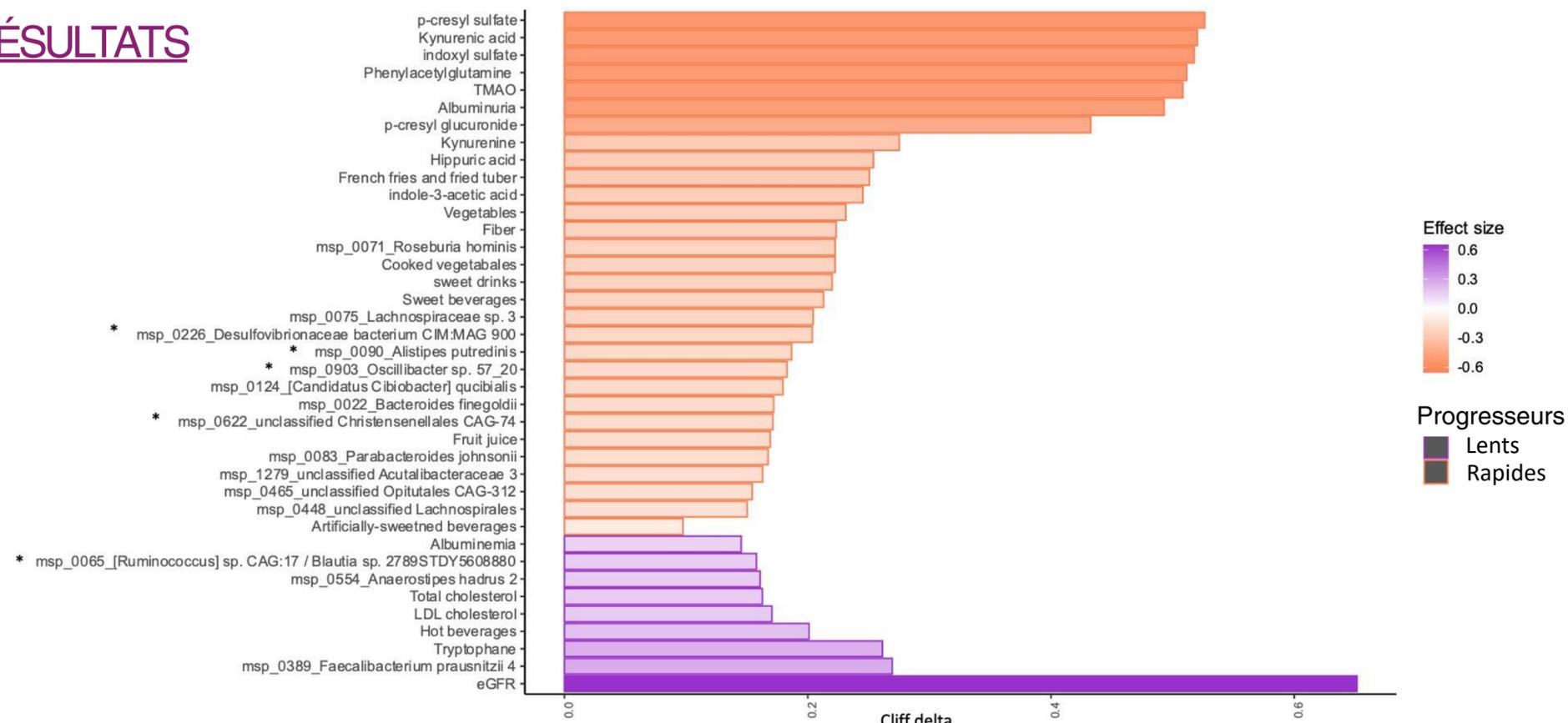


Fig 1. Valeurs absolues des cliff delta des paramètres liés à la progression de la MRC. * représente les espèces productrices de toxines.

Certaines espèces productrices de TU étaient plus abondantes chez les progresseurs rapides (n=68) comparés aux progresseurs lents (n=172), comme Desulfovibrionaceae bacterium msp_0226. Les TU étaient les variables les plus discriminantes de la progression, en particulier le p-cresyl sulfate, l'acide kynurenique, l'indoxyl sulfate, le phenylacetylglutamine et le TMAO.

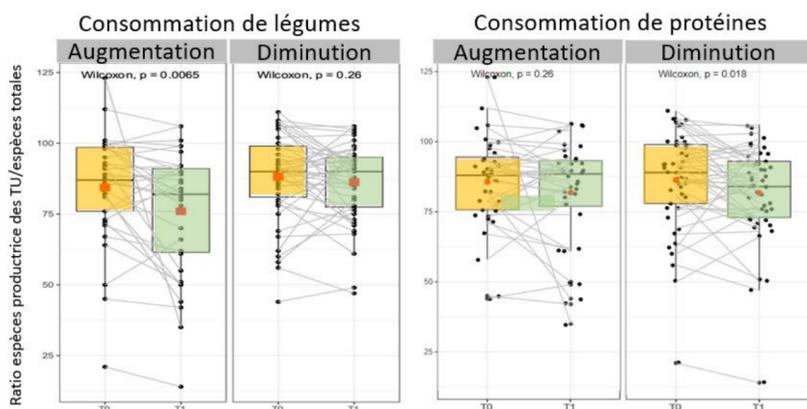


Fig 2. Evolution de la consommation alimentaire entre T0 et T1 sur le ratio espèces productrices de TU/espèces totales

Après 3 ans, une altération du microbiote a été observée, avec une perte de richesse microbienne et une tendance au déclin de l'indice de santé du microbiome intestinal. Le fait d'augmenter la consommation de légumes et de diminuer la consommation de protéines au cours du temps étaient associés à une diminution du ratio espèces productrices de TU/espèces totales au cours du temps.

CONCLUSION

Nos résultats soulignent le rôle des métabolites (TU) issus du microbiote dans la progression de la MRC suggérant une cible thérapeutique potentiellement modulable par l'alimentation.