Altérations du microbiote intestinal humain par le mode de vie moderne :

Menaces sur la santé et émergence de la médecine microbienne

Philippe J. Sansonetti
Professeur émérite à l'Institut Pasteur et au Collège de France

Depuis Van Leeuwenhoek et ses « animalcules », la microbiologie a révélé le rôle fondamental des micro-organismes dans la santé humaine. Le microbiote intestinal, fruit d'une coévolution, assure digestion, métabolisme, maturation immunitaire et neurodéveloppement. Les animaux axéniques[1] et les modèles gnotobiotiques[2] ont confirmé la symbiose mutualiste et la nécessité d'une diversité microbienne stable. Les perturbations modernes, tels les antibiotiques, la césarienne ou une alimentation ultra-transformée, provoquent dysbioses et maladies chroniques. La recherche a permis d'identifier le « second génome humain » et d'analyser la résilience et la robustesse des microbiotes. La « médecine microbienne » vise désormais à restaurer cette symbiose, intégrant interventions alimentaires, probiotiques, prébiotiques et thérapies fécales, dans une approche systémique et écologique de la santé.

INTRODUCTION

Depuis plus de trois siècles, on sait que le corps humain héberge des microorganismes. Dès 1683, à Delft, Antonie van Leeuwenhoek observe pour la première fois, grâce à un microscope de tisseur, des êtres microscopiques présents dans la salive et le tartre dentaire humains, qu'il nomme « animalcules ». Cette découverte révèle l'existence d'un monde invisible.

À la fin du XIX^e siècle, est établi le rôle causal de certains microbes dans les maladies infectieuses. Entre 1870 et 1910, la plupart des agents responsables des grandes endémies sont identifiés, et Koch formalise les critères de causalité microbienne connus sous le nom de « postulats de Koch ». Dans ce contexte dominé par le poids des maladies infectieuses sur la société, une question émerge cependant : quelle est la fonction des nombreux microorganismes non pathogènes présents chez l'homme sain ?

LE MICROBIOTE INTESTINAL HUMAIN : HISTOIRE ET DÉMONSTRATION D'UNE SYMBIOSE

Dès 1885, Theodor Escherich s'étonne de la présence constante de bactéries dans l'intestin du nourrisson et de l'adulte sain, pressentant que leur étude éclairerait la physiologie digestive et certaines pathologies intestinales. La théorie du « pourrissement intérieur » d'Elia Metchnikoff attribue à l'accumulation de bactéries intestinales productrices de toxines un rôle dans le vieillissement. Observant la longévité exceptionnelle de populations consommant des laits fermentés, il introduit le concept de probiotiques.

Parallèlement, Arthur I. Kendall établit un lien entre régime alimentaire, bactéries intestinales et métabolites détectés dans les urines, anticipant dès 1909 le rôle de cette flore dans l'équilibre nutritionnel et le métabolisme de l'hôte. Ces intuitions posent les bases d'une vision fonctionnelle de la flore intestinale que l'on n'appelait pas encore microbiote (terme introduit dans les années 1950 par Theodor Rosebury).

Un tournant conceptuel majeur survient avec la possibilité de maintenir en vie des animaux totalement dépourvus de microbes. Louis Pasteur s'interroge dès 1885 sur la viabilité animale sans germes, suggérant que le monde microscopique serait indispensable à la vie du monde macroscopique. En 1897, Nuttall et Thierfelder, en Allemagne, démontrent cependant la survie d'animaux axéniques, c'est-à-dire sans microbes, ouvrant la voie à la gnotobiologie.

1 C'est-à-dire entièrement dépourvus de microbes.

2 La gnotobiologie est l'étude de la vie animale ou végétale en environnement microbien contrôlé.

Les études ultérieures révèlent néanmoins les limites de cette vie sans microbes. Les animaux axéniques présentent des déficits nutritionnels majeurs, une hypotrophie, des carences vitaminiques (A, B12, K) et une immaturité du système immunitaire[3]. Ils sont incapables de dégrader et fermenter les sucres végétaux complexes que l'on appelle « fibres ». Cette fermentation produit des acides gras ayant non seulement une haute valeur nutritive, mais qui s'avèrent indispensables à la régulation de l'expression de gènes clés du développement et du métabolisme animal. Le microbiote joue donc un rôle crucial dans le métabolisme énergétique et la nutrition animale. Sur ces bases se consolide le concept d'une « symbiose mutualiste » entre l'homme et son microbiote, en particulier intestinal. Les deux partenaires ont forgé ce « contrat à bénéfice mutuel » au fil d'une longue coévolution, qualifié « d'holobionte »[4]. La diversité d'espèces microbiennes au sein de cet holobionte est indispensable à la santé de l'homme.

C'est à partir des années 2000 que les approches méta taxonomiques 16S puis la métagénomique à haut débit ont permis une caractérisation exhaustive du microbiote intestinal humain, révélant une grande variabilité interindividuelle de la composition microbienne, mais une relative stabilité des fonctions métaboliques essentielles.

LES FONCTIONS ESSENTIELLES DU MICROBIOTE INTESTINAL

La gnotobiologie permet d'analyser la construction progressive du microbiote et les « successions écologiques » menant à un écosystème mature. Un microbiote est un assemblage hétérogène et complexe d'espèces microbiennes stablement établies, à leurs bénéfices mutuels, au sein d'une niche écologique stable. Cette organisation robuste est garante de la « santé » de la niche et la protège par exemple de l'intrusion de microorganismes extérieurs éventuellement délétères. C'est « l'effet de barrière » du microbiote.

Les microbiotes sont par essence résistants et résilients, mais la multiplication et la prolongation des stress imposés à leur niche sont facteurs à terme de l'établissement de dysbioses

À partir des années 1990, les travaux de Jeff Gordon à *Washington University* (USA) ont montré que la colonisation microbienne précoce programme durablement santé métabolique et immunitaire et l'angiogenèse[5] intestinale[6].

Le rôle du microbiote est aussi établi dans la maturation du système immunitaire muqueux et systémique[7], ainsi que dans le développement post-natal du système nerveux central, donnant naissance au concept d'axe intestin-cerveau[8].

Sur ces bases fonctionnelles, on va dès lors distinguer le « microbiote », entité taxonomique considérant l'ensemble des espèces microbiennes composant un écosystème, et le « microbiome », entité fonctionnelle recouvrant l'ensemble des activités métaboliques produites par ces micro-organismes dans leur relation symbiotique avec l'hôte.

La comparaison entre animaux axéniques et conventionnels (dotés d'un microbiote) a révélé les grandes fonctions symbiotiques du microbiote intestinal :

- Digestion des fibres dans la lumière intestinale car l'organisme humain ne dispose pas des enzymes nécessaires ;
- Soutien au développement des systèmes physiologiques nécessaires à la digestion des aliments et à l'absorption des nutriments ;
- Effet barrière contre les pathogènes, maturation immunitaire, neurodéveloppement et interactions métaboliques étroites avec l'hôte.

Le rôle du microbiote va donc bien au-delà d'un soutien à la santé métabolique et nutritionnelle de son hôte : le soutien des autres fonctions comme le neurodéveloppement passe aussi par un mécanisme de nature nutritionnelle à l'échelle des cellules, en particulier des cellules souches[9].

Les grands programmes internationaux *MetaHit*[10] et *Human Microbiome Project*[11] ont permis d'établir de vastes catalogues de gènes microbiens, d'identifier des organisations écologiques telles que les entérotypes et de mettre en évidence l'importance de la richesse génique du microbiote [12]. Ces avancées ont ouvert la voie à l'émergence d'une véritable « médecine microbienne », allant du diagnostic à la prévention et à la restauration de la symbiose hôte-microbiote.

3 Reyniers, J.A., P.C. Trexler, and et al., A complete life-cycle in the germ-free bantam chicken [Le cycle de vie complet du poulet nain sans germes]. Nature, 1948. 162(4132): p. 67. https://doi.org/10.1038/163067a0.

4 Un holobionte se définit comme une entité vivante naturelle constituée d'un organisme supérieur appelé hôte (ex. humain, animal, plante) et de son microbiote, soit la cohorte de microorganismes qui lui est étroitement associée.

5 L'angiogénèse désigne la formation de nouveaux vaisseaux à partir de vaisseaux pré-existants.

6 Stappenbeck, T.S., L.V. Hooper, and J.I. Gordon, Developmental regulation of intestinal angiogenesis by indigenous microbes via Paneth cells [Régulation du développement de l'angiogenèse intestinale par les microbes endogènes via les cellules de Paneth]. Proc Natl Acad Sci U S A 2002. 99(24): p. 15451-5. https://doi.org/10.1073/pnas.202604299.

7 Chung H, Pamp SJ, Hill JA, et al. Gut immune maturation depends on colonization with a host-specific microbiota [La maturation immunitaire intestinale dépend de la colonisation par un microbiote spécifique à l'hôte]. Cell 2012 ; 149 : 1578–93. https://doi.org/10.1016/j.cell.2012.04.037.

8 Diaz Heijtz R, Wang S, Anuar F, et al. Normal gut microbiota modulates brain development and behavior [Une flore intestinale normale influence le développement du cerveau et le comportement]. *Proc Natl Acad Sci U S A* 2011 ; 108 : 3047–52.

9 Dang, H., et al., Maternal gut microbiota influence stem cell function in offspring. [Le microbiote intestinal maternel influence le fonctionnement des cellules souches chez la progéniture]. Cell Stem Cell, 2025. 32(2): p. 246-262 e8. https://doi.org/10.1073/pnas.1010529108.

10 Qin, J., et al., A human gut microbial gene catalogue established by metagenomic sequencing [Un catalogue des gènes du microbiote intestinal humain établi par séquençage métagénomique]. Nature, 2010. 464(7285): p. 59-65. https://doi.org/10.1038/nature08821.

11 Grice, E.A. and J.A. Segre, The human microbiome: our second genome [Le microbiome humain : notre deuxième génome]. Annu Rev Genomics Hum Genet, 2012. 13: p. 151-70. https://doi.org/10.1146/annurev-genom-090711-163814.

12 Cotillard A, Kennedy SP, Kong LC, et al. Dietary intervention impact on gut microbial gene richness [Impact d'une intervention alimentaire sur la diversité génétique du microbiote intestinal]. *Nature* 2013 ; 500 : 585–8. https://doi.org/10.1038/nature12480.

Chez un adulte sain, environ 160 espèces bactériennes sont présentes, mais seules une vingtaine constituent un noyau fonctionnel commun à tous les individus, essentiel au maintien des grandes fonctions physiologiques[13]. À l'échelle de la population humaine, le « pan-microbiote » intestinal regroupe plusieurs milliers d'espèces, reflétant une forte hétérogénéité interindividuelle liée notamment à l'alimentation, à l'environnement et à l'histoire évolutive. Cependant, au-delà de la vision taxonomique, c'est la fonction symbiotique qui prédomine. C'est sur elle que pèse la sélection naturelle. Or, diverses espèces microbiennes peuvent offrir des ressources métaboliques similaires.

Cependant, un stress exogène affectant les conditions de stabilité de la niche porte le risque de déstabiliser l'équilibre du réseau trophique et d'altérer la composition du microbiote, surtout sa diversité d'espèces, créant un vide favorable à l'établissement de microorganismes prédateurs. Au-delà de la perte de diversité, c'est la perte de fonctions biologiques qui compte. On parle alors de « dysbiose », et la rupture de symbiose qui en résulte peut devenir, à divers degrés, pathogène.

13 Lloyd-Price J, Abu-Ali G, Huttenhower C. The healthy human microbiome. [Le microbiome humain en bonne santé]. Genome Med 2016 ; 8 : 51. https://doi.org/10.1186/s13073-016-0307-y.

Ces règles sont universelles, que l'on considère des microbiotes humains, animaux, végétaux, du sol ou des océans. Tout microbiote possède deux propriétés clés : sa « résistance »[14] et sa « résilience »[15]. Les travaux actuels montrent que plus le microbiote intestinal est mature, plus il est résistant et résilient aux stress environnementaux.

Les microbiotes sont par essence résistants et résilients, mais la multiplication et la prolongation des stress imposés à leur niche sont facteurs à terme de l'établissement de dysbioses.

LE MICROBIOTE COMME ÉCOSYSTÈME : SYMBIOSE, BIODIVERSITÉ ET FRAGILITÉS AU TEMPS DE L'ANTHROPOCÈNE

Aujourd'hui, l'étude du microbiote/microbiome humain s'inscrit dans une perspective écologique globale, intégrant les concepts de *One Health* (Une seule santé), qui souligne l'interdépendance entre les microbiotes de la planète, quelle que soient leurs niches, car toutes sont soumises à des stress environnementaux communs : réchauffement, pluviosités extrêmes, pollutions diverses.

À l'ère de l'anthropocène, la biodiversité microbienne, qui représente l'essentiel de la biodiversité du vivant sur la planète (soit 95 %) devient donc un enjeu majeur de santé globale. Cette facette de l'impact sanitaire du déclin déjà engagé de la biodiversité microbienne apparait encore peu dans l'argumentaire écologique.

Anthropocène et pressions du mode de vie moderne : une érosion microbienne sans précédent

Les effets délétères des activités humaines sur la biodiversité végétale, animale et sur le climat sont aujourd'hui largement documentés. En revanche, leur impact sur la biodiversité microbienne, et en particulier sur le microbiote humain, n'a été pleinement reconnu que récemment. Grâce à la révolution métagénomique, il est désormais possible de décrire très précisément la composition et l'évolution spatio-temporelle des microbiotes humains. Ces approches ont mis en évidence une réduction marquée de la richesse et de la diversité microbiennes, notamment au niveau intestinal, surtout dans les régions industrialisées où elle peut atteindre 50%[16]. Cette érosion microbienne est désormais considérée comme un enjeu majeur de santé publique.

À l'ère de l'anthropocène, la biodiversité microbienne, qui représente l'essentiel de la biodiversité du vivant sur la planète (soit 95 %) devient donc un enjeu majeur de santé globale

14 On entend par là la résistance à un stress exogène imposé à sa niche écologique, soit le pourcentage d'espèces persistantes après stress.

15 On entend par résilience la capacité du microbiote de retour à la normale après stress exprimé par le pourcentage de retour à la normale après un temps donné.

16 Sanders JG, Sprockett DD, Li Y, et al. Widespread extinctions of co-diversified primate gut bacterial symbionts from humans [Extinctions massives de bactéries intestinales symbiotiques chez les primates ayant coévolué avec l'être humain]. Nat Microbiol 2023 ; 8 : 1039–50. https://doi.org/10.1038/s41564-023-01388-w.

De l'hypothèse hygiéniste aux « microbes manquants »

L'association entre mode de vie moderne et augmentation des maladies chroniques non transmissibles a d'abord été interprétée à travers l'« hypothèse hygiéniste », proposée par Jean-François Bach[17]. Celle-ci suggère qu'une réduction drastique de l'exposition aux agents infectieux, conséquence des progrès de l'hygiène, des vaccins et des antibiotiques, pouvait perturber la maturation du système immunitaire. Cette hypothèse s'est enrichie avec le concept de « microbes manquants », défendu notamment par Martin Blaser[18], qui met l'accent sur l'appauvrissement précoce du microbiome et la perte d'espèces clés ayant co-évolué avec l'homme. Dans cette perspective, le microbiome est envisagé comme un capteur et un intégrateur des stress liés au mode de vie moderne et à l'exposome environnemental.

Antibiotiques : stresseurs modernes des microbiotes humains

La période néonatale est une fenêtre de vulnérabilité critique pour la construction du microbiote intestinal. L'exposition précoce aux antibiotiques est associée à une augmentation du risque d'asthme, d'allergies, d'obésité, de diabète et de troubles neurodéveloppementaux tels que le déficit d'attention et d'hyperactivité[19]. Des altérations du microbiote par l'administration d'antibiotiques durant cette période cruciale entraînent des conséquences métaboliques durables[20].

La surconsommation d'antibiotiques constitue le paradigme moderne des stresseurs anthropiques des microbiotes à l'échelle planétaire

De même, la naissance par césarienne qui sur le plan microbiologique correspond à un sevrage à la naissance des bactéries maternelles vaginales et intestinales – équivalant à un traitement antibiotique précoce – est associée à un risque accru d'asthme[21]. Sont donc envisagées des stratégies de restauration microbienne ciblée à la suite d'une naissance par césarienne ou à un traitement antibiotique bien entendu inévitable si la situation clinique l'exige[22].

Plus généralement, la surconsommation d'antibiotiques constitue le paradigme moderne des stresseurs anthropiques des microbiotes à l'échelle planétaire. Outre la sélection de bactéries résistantes, les antibiotiques altèrent profondément la richesse et la diversité des écosystèmes microbiens. Plus de 300 000 tonnes d'antibiotiques seraient rejetées chaque année dans l'environnement, faisant de ces molécules de véritables polluants globaux. Des études récentes ont montré que 65 % des cours d'eau de la planète montraient des concentrations significatives d'antibiotiques.

Alimentation moderne transformée : « malbouffe » et altération des microbiotes humains

L'alimentation contemporaine, caractérisée par de forts déséquilibres et une transformation industrielle marquée par l'utilisation de nombreux additifs alimentaires, constitue également un stresseur environnemental majeur du microbiote intestinal humain[23]. Sucres simples remplaçant les fibres, excès de protéines animales et de lipides saturés, déficit en nutriments et vitamines, introduction d'additifs édulcorants et émulsifiants, font de l'alimentation moderne ultra-modifiée un puissant déterminant, non seulement de réduction de diversité, mais aussi de dysbioses pathogènes. Une expérience fondatrice publiée en 2005 a montré que la transplantation du microbiote intestinal de souris génétiquement obèses à des souris minces suffisait à induire une prise de poids chez ces dernières, démontrant le rôle causal du microbiote dans l'obésité[24]. Ces altérations du microbiote peuvent également favoriser un état d'inflammation chronique de bas grade affectant de nombreux systèmes physiologiques, notamment cardiovasculaire, métabolique, immunitaire et nerveux. Des études complémentaires sont indispensables afin de confirmer les liens de causalité.

La « malbouffe » est clairement dans le viseur face à l'augmentation préoccupante d'incidence de pathologies comme les cancers colorectaux survenant chez les adultes jeunes, ou de l'obésité et du diabète de type 2, y compris chez les enfants et les adolescents. C'est un sujet brûlant de santé publique et les recherches sur les dysbioses doivent y jouer un rôle de premier plan.

17 Bach, J.F., The effect of infections on susceptibility to autoimmune and allergic diseases [L'influence des infections sur la prédisposition aux maladies auto-immunes et allergiques]. N Engl J Med, 2002. 347(12): p. 911-20. https://doi.org/10.1056/nejmra020100.

18 Blaser MJ. Missing microbes: How the overuse of antibiotics is fueling our modern plagues [Les microbes disparus : comment la surutilisation des antibiotiques alimente les fléaux de notre époque]. New York: Henry Holt and Company, 2014: p. 273. https://doi.org/10.3201/eid2011.141052.

19 Renz, H. and C. Skevaki, Early life microbial exposures and allergy risks: opportunities for prevention [Exposition aux micro-organismes au cours des premières années de vie et risques d'allergies : possibilités de prévention]. Nat Rev Immunol, 2021. 21(3): p. 177 -191. https://doi.org/10.1038/s41577-020-00420-y ; McDonnell, L., et al., Association between antibiotics and gut microbiome dysbiosis in children: systematic review and meta-analysis [Lien entre les antibiotiques et la dysbiose du microbiote intestinal chez les enfants : revue systématique et méta-analyse]. Gut Microbes, 2021. 13(1): p.1-18. https://doi.org/10.1080/19490976.2020.1870402.

20 Cox, L.M., et al., Altering the intestinal microbiota during a critical developmental window has lasting metabolic consequences [La modification du microbiote intestinal au cours d'une période critique du développement a des conséquences métaboliques durables]. Cell, 2014. 158(4): p. 705-721. https://doi.org/10.1016/j.cell.2014.05.052.

21 Arrieta, M.C., et al., Early infancy microbial and metabolic alterations affect risk of childhood asthma [Les modifications microbiennes et métaboliques survenant au tout début de la petite enfance ont une incidence sur le risque d'asthme infantile]. Sci Transl Med, 2015. 7(307): p. 307ra152. https://doi.org/10.1126/scitranslmed.aab2271.

22 Dominguez-Bello, M.G., et al., Partial restoration of the microbiota of cesarean-born infants via vaginal microbial transfer [Restauration partielle du microbiote des nourrissons nés par césarienne grâce à un transfert microbien vaginal]. Nat Med, 2016. 22(3): p. 250-3. https://doi.org/10.1038/nm.4039.

23 Boudaud, M., et al., Biodiversité du microbiote intestinal et alimentation moderne - Impact en santé humaine. Med Sci (Paris), 42 1 (2026) 65-70 DOI: https://doi.org/10.1051/medsci/2025253.

24 Turnbaugh, P.J., et al., An obesity-associated gut microbiome with increased capacity for energy harvest [Un microbiome intestinal associé à l'obésité et doté d'une capacité accrue à récupérer de l'énergie]. Nature, 2006. 444(7122): p. 1027-31. https://doi.org/10.1038/nature05414.

Marqueurs microbiens de la dysbiose

Les dysbioses se caractérisent généralement par la perte d'espèces clés du noyau fonctionnel et par la prolifération de pathobiontes opportunistes. L'absence d'espèces spécifiques est associée à des maladies inflammatoires chroniques de l'intestin, ou encore à une réduction de l'intégrité de la barrière intestinale[25]. Les pathobiontes peuvent être épidémiques, résidents ou ectopiques, issus de la flore orale et impliqués dans les colites et le cancer colorectal[26].

Des études pionnières ont montré une réduction de la diversité microbienne dans certaines pathologies, notamment la maladie de Crohn, caractérisée par l'absence de certaines bactéries, ainsi que des perturbations durables induites par les antibiotiques[27]. Ces travaux proposaient un lien étroit entre dysbiose et risque de maladies chroniques.

VERS UNE MÉDECINE MICROBIENNE INTÉGRATIVE : RESTAURER LA SYMBIOSE

Ces observations plaident pour la mise en place d'une surveillance mondiale standardisée de l'évolution des microbiotes humains, en particulier dans les populations en transition économique. Des approches innovantes, comme l'analyse métagénomique des eaux usées, permettent d'appréhender le « microbiote urbain » et de le corréler à la consommation médicamenteuse[28].

L'écologie microbienne devenue moléculaire permet désormais d'analyser directement les communautés microbiennes à partir de leur matériel génétique, mais se double de capacités fonctionnelles grâce à la culturomique. Cette complémentarité est essentielle pour comprendre la logique des réseaux trophiques qui maintient la cohésion des microbiotes. L'apport de l'Intelligence Artificielle (IA) s'avère essentiel à ces études qui nécessitent de mettre en cohérence la quantité massive et la diversité déroutante des données recueillies au cours de tels travaux.

La « médecine microbienne » vise à restaurer une symbiose fonctionnelle entre l'hôte et son microbiome. Elle ne se limite pas à la correction de la dysbiose, mais intègre également des paramètres de l'hôte tels que l'inflammation, la perméabilité intestinale et le stress oxydant. Les approches incluent l'usage raisonné des probiotiques de nouvelle génération, de prébiotiques, d'interventions alimentaires ciblées et de transplantations de microbiote fécal.

Il est clair cependant que la logique guidant les approches actuelles demeure largement empirique. Elle le demeurera tant que manquera la connaissance de la logique sous-tendant la composition de l'écosystème intestinal, en particulier la connaissance de la nature des réseaux trophiques maintenant sa cohésion fonctionnelle en relation avec sa niche. Seul ce déchiffrage paraît pouvoir garantir « l'ingénierie microbiomique » assurant la résistance et la résilience de l'écosystème réparé.

Au-delà du microbiote humain, une approche multi-échelles et multidisciplinaire va s'avérer incontournable afin de suivre l'évolution des écosystèmes microbiens, quels qu'ils soient, sous les effets des changements climatiques et de l'impact écologique croissant des interventions humaines sur la planète, l'anthropocène.

CONCLUSION – UNE NOUVELLE FRONTIÈRE MÉDICALE

La perte de diversité du microbiote humain à l'ère de l'anthropocène représente un défi sanitaire majeur. L'émergence de la médecine microbienne s'inscrit dans une vision écologique et systémique de la santé, où l'humain est envisagé comme un holobionte. Seule la combinaison d'études expérimentales rigoureuses, d'essais cliniques contrôlés et d'approches intégrées, qui génère une masse de données imposant l'usage de l'intelligence artificielle, permettra de définir les applications thérapeutiques réalistes de cette discipline en plein essor.

25 Cani, P.D., et al., Akkermansia muciniphila: paradigm for next-generation beneficial microorganisms [Akkermansia muciniphila : un modèle pour la nouvelle génération de micro-organismes bénéfiques]. Nat Rev Gastroenterol Hepatol, 2022. 19(10): p. 625-637. https://doi.org/10.1038/s41575-022-00631-9.

26 Koliarakis, I., et al., Oral Bacteria and Intestinal Dysbiosis in Colorectal Cancer [Bactéries buccales et dysbiose intestinale du cancer colorectal]. Int J Mol Sci, 2019. 20(17). https://doi.org/10.3390/ijms20174146.

27 Dethlefsen, L., et al., The pervasive effects of an antibiotic on the human gut microbiota, as revealed by deep 16S rRNA sequencing [Les effets généralisés d'un antibiotique sur le microbiote intestinal humain, mis en évidence par un séquençage approfondi de l'ARN ribosomique 16S]. PLoS Biol, 2008. 6(11): p. e280. https://doi.org/10.1371/journal.pbio.0060280.

28 Marechal, V., et al., Wastewater-based epidemiology: Retrospective, current status, and future prospects [Épidémiologie basée sur les eaux usées : rétrospective, état des lieux et perspectives d'avenir]. Anaesth Crit Care Pain Med, 2023. 42(5): p. 101251. https://doi.org/10.1016/j.accpm.2023.101251.

À propos de l'auteur

Philippe Sansonetti *est professeur émérite à l'Institut Pasteur et au Collège de France, et membre de l'Académie des sciences depuis 2001, dont il préside la section Biologie humaine et sciences médicales. Fondateur de la microbiologie cellulaire des infections, il a élucidé les mécanismes d'invasion de* Shigella*, établissant ce pathogène comme modèle majeur des interactions hôte-pathogène. Ses travaux ont renouvelé la compréhension de l'immunité innée et conduit au développement de candidats vaccins contre la shigellose. Il s'est aussi intéressé au rôle pathogène des dysbioses intestinales. Il est également l'auteur de plusieurs ouvrages, dont* Le retour des épidémies, Vaccins, Tempête parfaite, Tu aimeras tes microbes comme toi-même et Microbes sans Frontières.