

Communiqué de presse – 17 janvier 2017

## **Microbiote : un nouvel éclairage sur le devenir des fibres alimentaires dans notre intestin**

**La dégradation des fibres alimentaires (et notamment des polysaccharides complexes) est une fonction majeure de notre microbiote intestinal que l'on situait jusqu'à présent uniquement dans le côlon. Or, grâce à des approches de métagénomique, des chercheurs de l'Inra, en collaboration avec le CNRS<sup>1</sup>, révèlent une activité fibrolytique au niveau de l'intestin grêle, plus précisément dans l'iléon. Publiés dans *Scientific Reports* le 16 janvier 2017, ces résultats conduisent à reconsidérer cette fonction de dégradation des fibres alimentaires et son impact sur la santé humaine.**

Parmi les fibres alimentaires, les polysaccharides sont constitués de longues chaînes de sucres complexes, présentes notamment dans les fruits, les légumes, les céréales et qui jouent un rôle important dans notre alimentation. Ils sont digérés dans notre intestin par les bactéries de notre microbiote intestinal. Ces bactéries produisent une grande variété d'enzymes pour découper les fibres en plus petites molécules, elles-mêmes utilisées ou transformées au cours de la fermentation microbienne pour générer de l'énergie utilisée par nos propres cellules. Ce dialogue tripartite entre « fibres-microbes-hôte » contribue à nous maintenir en bonne santé et, pourtant, nos connaissances des bactéries « fibrolytiques » intestinales restent encore limitées aux bactéries localisées dans le côlon, partie terminale de l'intestin.

Une étude menée par des chercheurs de l'Inra, en collaboration avec le CNRS, a permis d'explorer un autre site intestinal : l'iléon, situé plus haut que le côlon dans le tractus digestif, en partie terminale de l'intestin grêle. Bien que colonisé par de nombreuses bactéries, l'iléon demeure très peu étudié en raison de sa faible accessibilité. Cependant, les scientifiques sont parvenus à analyser 20 000 clones métagénomiques portant de longs fragments d'ADN bactériens provenant du microbiote associé à la muqueuse iléale. Grâce à une approche de métagénomique fonctionnelle, les chercheurs ont repéré 11 clones particulièrement intéressants. En effet, ces derniers sont porteurs de gènes impliqués à la fois dans la dégradation de polysaccharides complexes constituant les parois des végétaux que nous ingérons, et dans le transport des sucres ainsi formés à l'intérieur des bactéries. Les chercheurs ont mis en évidence une cinquantaine de protéines impliquées dans le métabolisme des fibres dont la moitié est constituée d'enzymes dédiées à la dégradation de polysaccharides variés. Parmi celles-ci, 13 familles différentes de glycoside hydrolases ont été révélées.

Les gènes mis en évidence et impliqués dans le métabolisme des fibres ont tous été recherchés dans les catalogues de gènes de référence du microbiote intestinal représentatifs du microbiote colique

---

<sup>1</sup> Architecture et fonction des macromolécules biologiques (AFMB, CNRS/Aix-Marseille Université)



**A fibrolytic potential in the human ileum mucosal microbiota revealed by functional metagenomic.** Orlane Patrascu, Fabienne Béguet-Crespel, Ludovica Marinelli, Emmanuelle Le Chatelier, Anne-Laure Abraham, Marion Leclerc, Christophe Klopp, Nicolas Terrapon, Bernard Henrissat, Hervé M. Blottière, Joël Doré et Christel Béra-Maillet. *Scientific Reports*, 16 janvier 2016. DOI: 10.1038/srep4024

**Contact scientifique :**

Christel Béra-Maillet : [christel.maillet@inra.fr](mailto:christel.maillet@inra.fr) – T. 01 34 65 27 84  
Institut MICALIS (MICrobiologie de l'ALimentation au service de la Santé Humaine)  
Département scientifique Microbiologie et Chaîne Alimentaire  
Centre Inra de Jouy-en-Josas

**Contact presse :**

Inra service de presse : [presse@inra.fr](mailto:presse@inra.fr) – T. 01 42 75 91 86