



ATTENTION: INFORMATION SOUS EMBARGO JUSQU'AU MERCREDI 5 JUILLET 18H, HEURE DE PARIS

Paris, le 5 juillet 2017

Information presse

Les bactéries intestinales : signal d'alerte face à une alimentation déséquilibrée

Nous ne sommes pas tous égaux face à la prise de poids et à l'obésité. En effet, en fonction de notre métabolisme, de la prise de médicaments etc., certaines personnes réagissent mieux et éliminent plus vite les excès que d'autres. Des chercheurs de l'Inserm (Unité Inserm 1138 Centre de recherche des cordeliers) en lien avec des scientifiques de l'Imperial College de Londres, viennent de montrer, chez la souris, que la composition du microbiote intestinal peut prédire la façon dont l'organisme va répondre à une alimentation déséquilibrée, rendant l'animal plus à risque de devenir obèse, ou de développer des affections comme le diabète ou les maladies cardio-vasculaires.

Ces travaux sont publiés dans [Cell Reports](#)

Les régimes riches en graisses constituent un facteur majeur favorisant l'obésité et les affections qui l'accompagnent, notamment le diabète et les maladies cardio-vasculaires. Cependant, les preuves recueillies au cours de [précédentes études](#) suggèrent que différentes personnes consommant le même régime riche en graisses obtiennent des résultats différents, rendant difficile la définition d'un « régime sain » universel.

De précédentes recherches ont montré que des centaines d'espèces de bactéries présentes dans notre intestin agissent avec nos propres cellules pour assumer un certain nombre de rôles, et que ce microbiote pouvait être façonné par ce que nous mangeons ou par les médicaments que nous prenons, par exemple les antibiotiques.

Dans cette dernière étude, publiée dans la revue *Cell Reports*, les chercheurs de l'Inserm et de l'Imperial College ont utilisé des souris génétiquement similaires pour souligner le rôle que jouent les bactéries intestinales sur la manière dont l'organisme répond aux changements d'alimentation et son impact sur la santé.

Avant que les animaux ne changent de régime, les composés produits par leurs bactéries intestinales ont été recherchés dans leur urine par spectroscopie à résonance magnétique, ce qui a donné aux souris un profil de signature chimique, généré par les métabolites de leurs microbiotes.

L'équipe a observé que, lorsque les souris ont ensuite toutes reçu le même régime riche en graisses, elles ont montré différentes adaptations. Certains animaux prenaient plus

de poids que d'autres, ou devenaient moins tolérants au glucose – l'un des signes d'alerte précoce du diabète.

L'analyse a révélé que les principales signatures chimiques dans leur urine permettaient de prévoir certains résultats, notamment des changements de comportement, le gain de poids et la tolérance au glucose. Un composé en particulier, le triméthylamine-N-oxyde (TMAO), s'est avéré en mesure de prévoir la tolérance au glucose.

Ces signatures chimiques importantes permettent donc de prévoir de manière précise comment les animaux répondraient à un régime riche en graisses s'ils le recevaient.

D'après ces chercheurs, ces résultats apportent des informations essentielles sur la manière dont le microbiote – l'écosystème des bactéries vivant dans notre tractus digestif – contribue à façonner notre santé, et pourraient conduire à proposer aux patients des régimes personnalisés sur la base de la constitution de leur flore intestinale.

« Nous savons que notre environnement et notre patrimoine génétique peuvent influencer le risque d'obésité et de maladies, mais les effets de ces communautés de bactéries vivant à l'intérieur de notre organisme sont moins bien connus », explique Marc Emmanuel Dumas, du Département de chirurgie et de cancérologie à l'Imperial College, qui a dirigé l'étude. *« En utilisant un groupe de souris présentant le même patrimoine génétique, nous avons été en mesure de mettre en évidence la variabilité chez les animaux soumis à un régime riche en graisses ».*

« Cette étude montre que la valeur d'un régime alimentaire est déterminée non seulement par vos gènes, mais également par les gènes du microbiote intestinal. » *« Lorsque celui-ci se développe précocement au cours de la vie, nous commençons avec très peu de germes, et nous acquérons davantage de bactéries de notre environnement au fur et à mesure du développement. Cela signifie que de petites différences dans l'environnement local peuvent entraîner une grande diversité dans le microbiote ».* explique Dominique Gauguier, directeur de recherche Inserm.

Ces résultats feront l'objet d'une investigation complémentaire dans le cadre d'une large étude clinique (déjà démarrée) menée chez 2 000 patients, dont les détails relatifs à leur style de vie, leur régime alimentaire, leur traitement médicamenteux et d'autres facteurs, ainsi que leur microbiote ont été caractérisés. En regroupant l'ensemble de ces données, et en s'appuyant sur les résultats précédents, il sera possible de révéler comment les personnes réagissent à différents régimes alimentaires, et comment leur microbiome influence les résultats.

Selon les chercheurs, l'espoir est qu'à l'avenir un profil de patient puisse être défini à partir d'échantillons urinaires et sanguins, et utilisé pour prévoir à quel régime alimentaire il répondra le mieux.

« Ces résultats ouvrent des perspectives extrêmement prometteuses sur la conception de régimes alimentaires personnalisés et sur l'exploitation de nos bactéries intestinales pour favoriser une meilleure santé » conclut Dominique Gauguier.

Sources

Microbial-host co-metabolites are prodromal markers predicting phenotypic heterogeneity in behaviour, obesity, and impaired glucose tolerance »

Marc-Emmanuel Dumas,^{1,5,6,7,*} Alice R. Rothwell,^{2,5} Lesley Hoyles,¹ Thomas Aranas,³ Julien Chilloux,¹ Sophie Calderari,³ Elisa M. Noll,¹ Noémie Péan,³ Claire L. Boulange,¹ Christine Blancher,² Richard H. Barton,¹ Quan Gu,¹ Jane F. Fearnside,² Chloé Deshayes,¹ Christophe Hue,³ James Scott,⁴ Jeremy K. Nicholson,^{1,6} and Dominique Gauguier^{1,2,3,6,*}

¹Division of Computational and Systems Medicine, Department of Surgery and Cancer, Faculty of Medicine, Imperial College London,

Sir Alexander Fleming Building, Exhibition Road, South Kensington, London SW7 2AZ, UK

²Wellcome Trust Centre for Human Genetics, University of Oxford, Roosevelt Drive, Oxford OX3 7BN, UK

³Cordeliers Research Centre, INSERM UMR_S 1138, University Pierre & Marie Curie and University Paris Descartes, Sorbonne Paris Cité,

Sorbonne Universities, 15 Rue de l'Ecole de Médecine, 75006 Paris, France

⁴Department of Medicine, Imperial College London, Du Cane Road, London W12 0NN, UK

⁵These authors contributed equally

⁶Senior author

⁷Lead contact

Cell Reports <http://dx.doi.org/10.1016/j.celrep.2017.06.039>

Contact chercheur

Dominique Gauguier

Directeur de recherche Inserm

Unité Inserm 1138 "Centre de recherche des cordeliers"

Coordonnées: 06 85 41 41 73

Mail : dauquier@yahoo.co.uk

Contact presse

presse@inserm.fr



Accéder à la [salle de presse de l'Inserm](#)