



HAL
open science

Bacteroides xylanisolvens : une bactérie du tube digestif de l'Homme qui dégrade à la fois les fibres alimentaires solubles (pectines) et insolubles (xylanes) et déploie un arsenal d'enzymes dédié à cette fonction hydrolytique

Pascale Mosoni

► To cite this version:

Pascale Mosoni. Bacteroides xylanisolvens : une bactérie du tube digestif de l'Homme qui dégrade à la fois les fibres alimentaires solubles (pectines) et insolubles (xylanes) et déploie un arsenal d'enzymes dédié à cette fonction hydrolytique. Assises Département MICA, Nov 2017, Giens, France. 2 p. hal-02785559

HAL Id: hal-02785559

<https://hal.inrae.fr/hal-02785559>

Submitted on 4 Jun 2020

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.

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.

FICHE TYPE DE RECUEIL DES FAITS MARQUANTS 2016 DES DEPARTEMENTS/CENTRES

(Renseigner une fiche par fait marquant, classification des rubriques en annexe)

Titre du fait marquant : *Bacteroides xylanisolvens* : une bactérie du tube digestif de l'Homme qui dégrade à la fois les fibres alimentaires solubles (pectines) et insolubles (xylanes) et déploie un arsenal d'enzymes dédié à cette fonction hydrolytique

Catégorie: Publications

(Publication –en indiquant le doi), Colloque, Partenariat, ESCO, Prospectives, Etudes, Brevets, Lancements/Inaugurations, Autres : précisez)

Contact : Pascale Mosoni

Unité : UR454 Microbiologie

Département : MICA

Centre INRA de Recherche : ARA

Axe du document d'orientation 2010-2020 : Développement de systèmes alimentaires sains et durables

Axe du tripode : Alimentation

Domaine d'activité: Micro-organismes

Méta-programme (si adapté):

Mots-clés (rubrique libre) : *Bacteroides*, Fibres alimentaires, Tube digestif, Homme, Santé

Résumé (5 lignes) :

Bacteroides xylanisolvens est une bactérie prévalente dans le côlon de l'Homme. Elle a la particularité de dégrader les fibres alimentaires solubles (pectines) et insolubles (xylanes). Pour cela, elle régule finement l'expression de huit loci génomiques (« Polysaccharide Utilization Loci ») codant des systèmes enzymatiques très élaborés mettant en jeu une cinquantaine de CAZymes (« Carbohydrate-Active Enzymes »). Parmi ces enzymes, une endoxylanase particulière est proposée comme marqueur de la fonction « xylanolytique ».

Contexte et enjeux : Chez l'Homme, la dégradation des fibres alimentaires est une fonction métabolique exclusivement assurée par le microbiote intestinal. Cette fonction métabolique favorise l'homéostasie de l'écosystème digestif et maintient notre organisme en bonne santé. Les bactéries capables d'initier ce processus métabolique ont les potentialités enzymatiques permettant de dépolymériser les fibres complexes (ou polysides) en composés (oses et oligosides) métabolisables par l'ensemble de la communauté microbienne. *Bacteroides xylanisolvens* est une espèce bactérienne prévalente chez l'Homme et a la particularité de dégrader à la fois les pectines (fibres solubles présentes dans les fruits) et les xylanes (fibres insolubles présentes dans les céréales). La souche type

XB1A possède dans son génome 256 gènes codant des « carbohydre active enzymes » ou CAZymes qui sont pour une grande partie organisés en « clusters », et répartis dans 74 loci génomiques, aussi appelés « Polysaccharide Utilization Loci » ou PUL. Face à la complexité du système enzymatique de cette espèce, sa fonction pectinolytique et xylanolytique a été étudiée par une approche transcriptomique (RNAseq), protéomique, et par mutagenèse dirigée.

Résultats :

L'analyse du transcriptome de *B. xylanisolvens* XB1A^T a révélé l'existence de six PULs impliqués dans la dégradation des pectines et de deux dans celle des xylanes. L'analyse des 40 CAZymes codées par les PULs « pectinolytiques » a permis de proposer une cible polysidique (homogalacturonane, rhamnogalacturonane de type I et II, arabinane) à cinq des six PULs identifiés. Les deux PULs « xylanolytiques » codant 15 CAZymes cibleraient les xylanes de faible complexité (très peu branchés). La mutation du gène *susC-like* (transporteur membranaire) dans un des six PULs pectinolytiques (PUL 49) et du gène *HTCS* (régulateur) dans un des deux PULs xylanolytiques (PUL 43) a démontré l'importance respective de ces deux loci dans la fonction pectinolytique et xylanolytique de la bactérie. Le mutant *HTCS* a aussi permis de montrer pour la première fois une régulation croisée de deux PUL distants sur le génome. En présence de xylane, les données de protéomique ont souligné la surproduction par la bactérie d'une endo-xylanase particulière possédant deux CBMs (Carbohydre-Binding Modules). Cette enzyme modulaire peut être considérée comme un marqueur fonctionnel de la « xylanolyse » dans l'écosystème microbien intestinal. En conclusion, *B. xylanisolvens* déploie une machinerie enzymatique qui reflète la complexité des deux polysides constitutifs des parois de plantes. La plasticité métabolique de *B. xylanisolvens* vis-à-vis des fibres alimentaires contribue certainement à la survie et au maintien de cette bactérie dans le côlon humain.

Perspectives :

Des études d'écologie fonctionnelle ciblant la communauté fibrolytique intestinale sont encore nécessaires afin de mieux décrypter l'impact des fibres alimentaires et en particuliers des polysides pariétaux sur le métabolisme microbien intestinal pour pouvoir à terme orienter ce métabolisme dans le sens le plus favorable pour la santé humaine.

Valorisation :

Références bibliographiques :

Despres, J., Forano, E., Lepercq, P., Comtet-Marre, S., Jubelin, G., Yeoman, C. J., Miller, M. E. B., Fields, C. J., Terrapon, N., Le Bourvellec, C., Renard, C., Henrissat, B., White, B. A., Mosoni, P. (2016). Unraveling the pectinolytic function of *Bacteroides xylanisolvens* using a RNA-seq approach and mutagenesis. *BMC Genomics*, 17, 147. DOI : 10.1186/s12864-016-2472-1

Despres, J., Forano, E., Lepercq, P., Marre, S., Jubelin, G., Chambon, C., Yeoman, C. J., Miller, M. E. B., Fields, C. J., Martens, E., Terrapon, N., Henrissat, B., White, B., Mosoni, P. (2016). Xylan degradation by the human gut *Bacteroides xylanisolvens* XB1AT involves two distinct gene clusters that are linked at the transcriptional level. *BMC Genomics*, 17, 326. DOI : 10.1186/s12864-016-2680-8