

SVT	Thème 1A : Génétique et évolution	Term Spé
Activité	<b>Chapitre 4 : Des mécanismes contribuant à la diversité du vivant</b>	ESTHER

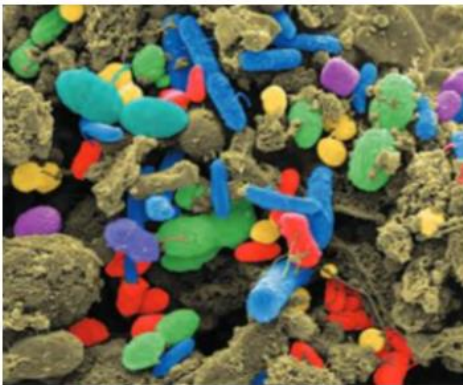
## Activité – Le microbiote intestinal et diversification non génétique

Longtemps peu étudiées, les bactéries hébergées dans l'intestin et constituant le microbiote intestinal font l'objet depuis quelques années d'un important effort de recherche.

**Identifiez le type de relation entre le microbiote et son hôte et montrez que cette relation est une source de diversification non génétique. Vous étudierez également les modalités de transmission du microbiote.**

*Vous appuierez votre travail sur vos connaissances et sur des données pertinentes tirées des documents.*

### Document 1 – 70 000 milliards de cellules !



■ Microorganismes du microbiote intestinal (observation au microscope électronique à balayage, fausses couleurs).

Selon une étude récente, un être humain adulte serait constitué de 30 000 milliards de cellules humaines, appartenant à 300 types cellulaires différents. Mais il hébergerait plus de 38 000 milliards de bactéries et autres microorganismes, appartenant à 500 espèces différentes. La plus grande partie de ce microbiote vit dans la bouche et le tube digestif.

• **Des effets bénéfiques**

- L'équipement enzymatique de l'être humain ne permet pas de digérer les fibres végétales, contrairement à celui de certaines bactéries.
- Certains microorganismes du microbiote produisent des molécules utiles : acides gras à chaîne courte, vitamines...
- Le déséquilibre de la flore intestinale est responsable de troubles appelés dysbioses : problèmes digestifs, inflammation de l'intestin, allergies, diminution de la réponse immunitaire, élévation du risque d'obésité et de diabète.

• **L'intestin : un biotope particulier**

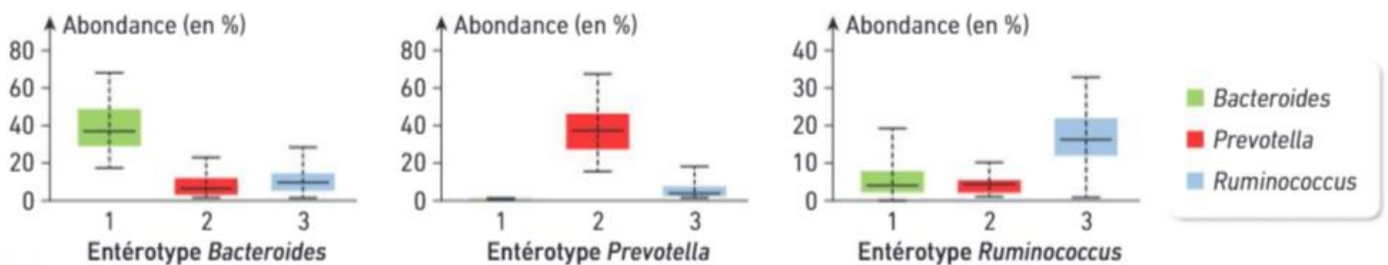
L'intestin est un milieu chaud, humide et abrité. Les matières organiques y abondent. Le milieu est pauvre en dioxygène, ce qui est favorable aux microorganismes anaérobies pour lesquels le dioxygène est un véritable poison.

### Document 2 – La composition du microbiote intestinal

En étudiant les bactéries intestinales de plus de 250 personnes d'origines européenne, américaine et japonaise, les chercheurs de l'équipe internationale MetaHIT ont montré que la population humaine se répartit en trois grands groupes caractérisés par les proportions relatives de différents genres bactériens. Ces groupes, nommés entérotypes, sont indépendants du lieu de résidence, de l'état de santé ou du sexe des individus. Chaque entérotipe est caractérisé par le groupe bactérien le plus représenté. Une étude portant sur 98 individus a démontré la corrélation importante entre ces entérotypes et le régime alimentaire

à long terme : ainsi, le groupe *Bacteroides* correspond à une alimentation riche en protéines et graisses animales, tandis que le groupe *Prevotella* est dominant dans le cas d'une alimentation riche en glucides. Les chercheurs ont alors étudié l'effet sur 10 jours d'un changement de régime alimentaire :

- dès le 1<sup>er</sup> jour, la composition du microbiote change de façon significative ;
- l'identité de l'entérotipe se maintient néanmoins tout au long de la période de 10 jours.



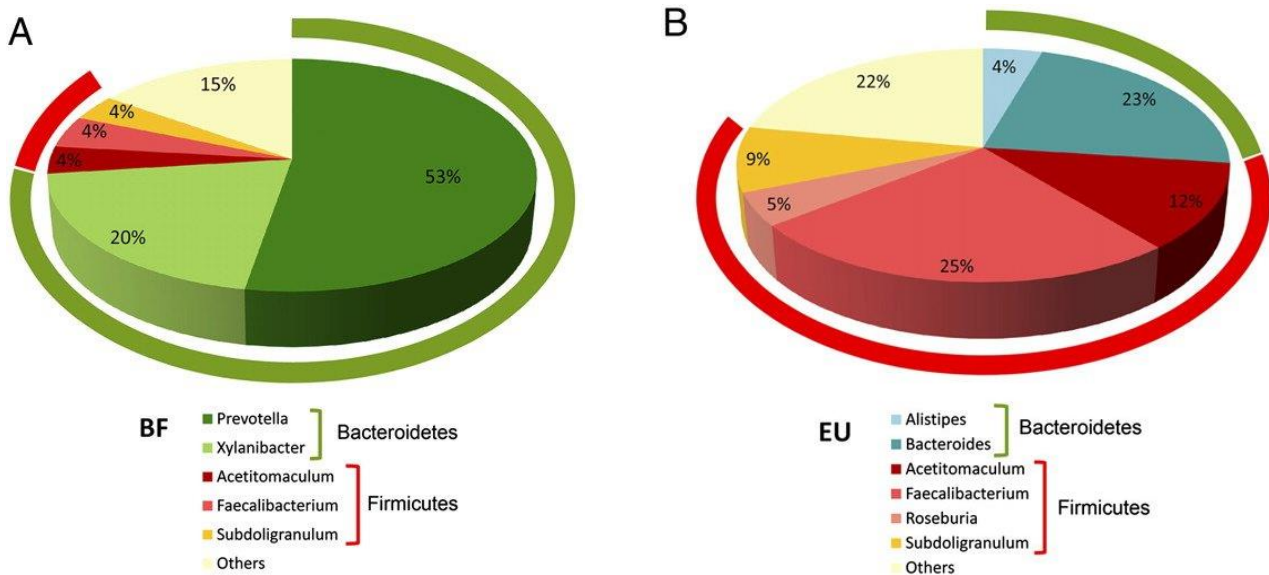
■ Abondance relative de trois genres bactériens dans les trois entérotypes.

**Document 3 – Une comparaison du microbiote dans deux régions différentes et selon deux modes d'alimentation**

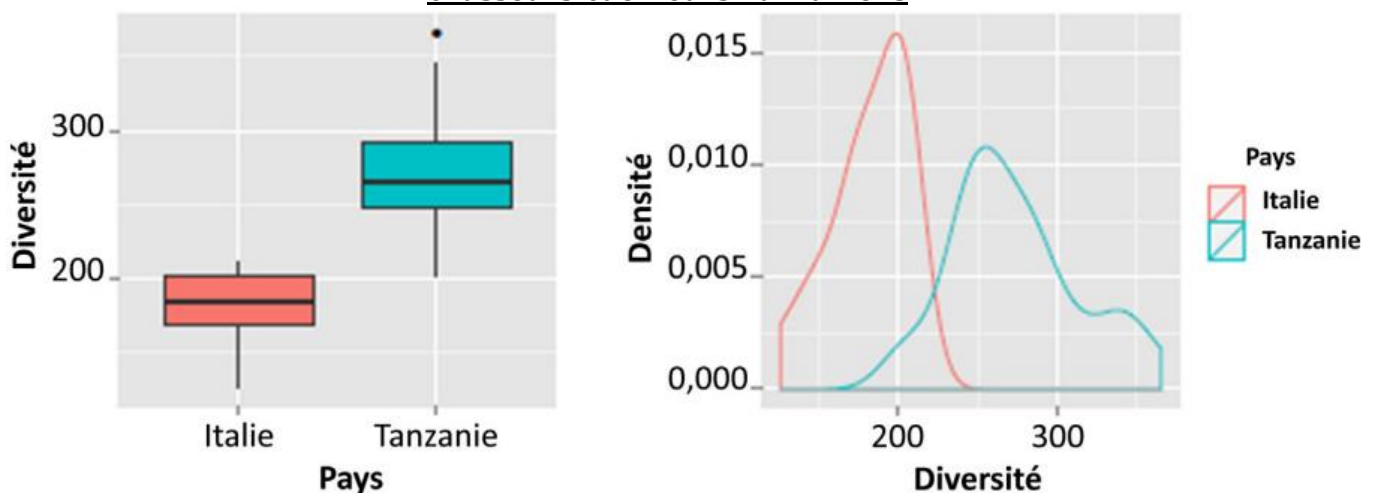
Extraits d'un article comparant le régime alimentaire puis la composition et la diversité du microbiote d'enfants vivant en Europe en zone urbaine (EU) et en Afrique, au Burkina-Faso, en zone rurale avec une agriculture locale (BF).

“The BF children from Boulpon village were selected as representative consumers of a traditional rural African diet. The diet of BF children is low in fat and animal protein and rich in starch, fiber, and plant polysaccharides, and predominantly vegetarian (Table S2). All food resources are completely produced locally, cultivated and harvested nearby the village by women. The BF diet consists mainly of cereals (millet grain, sorghum), legumes (black-eyed peas, called Niébé), and vegetables, so the content of carbohydrate, fiber and nonanimal protein is very high. Millet and sorghum are ground into flour on a flat stone and made into thick porridge called millet-based Tô, dipped into a sauce made of local vegetables (Néré) and herbs. Although the intake of animal protein is very low, sometimes they eat a small amount of meat (chicken) and termites that we verified to be occasionally part of the BF children's diet in the rainy season. Children are breast-fed up to the age of 2 y as a complement to a mixed diet. The average amount of fiber in BF diet is 10.0 g/d (2.26%) in 1- to 2-y-old children and 14.2 g/d (3.19%) in 2- to 6-y-old children (Table S2).

To represent a Western population (EU), we selected children of the same age who are generally concordant for growth, socially homogeneous and eating the diet and living in an environment typical of the developed world. EU children were breast-fed for up to 1 y of age. They were eating a typical western diet high in animal protein, sugar, starch, and fat and low in fiber. The fiber average content in EU diet is 5.6 g/d (0.67%) in 1- to 2-y-old children and 8.4 g/d (0.9%) in 2- to 6-y-old children. ”



**Document 4 – Comparaison de la diversité génétique entre des citoyens Italiens et des chasseurs-cueilleurs Tanzaniens**



## Document 5 - Le microbiote et la relation mère-enfant

Une équipe américaine a étudié la composition du microbiote intestinal de quatre mères et de leur nourrisson, en se limitant à un groupe de bactéries du genre *Bifidobacterium*. Les quatre mères ont accouché par voie naturelle et allaitent leur enfant.



	Mère 1	Enfant 1	Mère 2	Enfant 2	Mère 3	Enfant 3	Mère 4	Enfant 4
<i>B. adolescentis</i>			X	X			X	
<i>B. angulatum</i>				X			X	X
<i>B. bifidum</i>	X		X					
<i>B. breve</i>	X	X				X	X	X
<i>B. dentium</i>	X			X			X	X
<i>B. longum longum</i>	X	X	X	X	X	X	X	X
<i>B. longum suis</i>				X	X	X		
<i>B. pseudolongum</i>	X	X	X	X	X	X	X	X
<i>B. reuteri</i>								
<i>B. thermacidophilum</i>	X	X						

Différents facteurs influencent la composition initiale du microbiote :

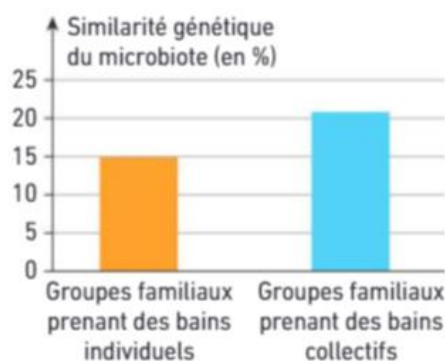
- Le liquide amniotique dans lequel vit le fœtus est un milieu stérile. Le développement du microbiote des enfants nés par césarienne est beaucoup plus lent que celui des enfants nés par voie naturelle.
- La colonisation de l'intestin est plus rapide chez les nourrissons nés dans des conditions d'hygiène moins strictes que dans un milieu hospitalier.
- Les enfants allaités présentent un microbiote plus riche en *Bifidobacterium* que celui des enfants nourris au lait artificiel.

Étude comparative de la composition du microbiote de quatre mères et de leur enfant.

## Document 6 - Le rituel du bain japonais

Au Japon, le bain est une tradition, que celui-ci soit public ou privé. Considéré comme un espace de détente et de lien social, on ne se lave jamais dans le bain, mais avant ou après. L'eau chaude du bain n'est pas renouvelée pour chacun, on se met dans le même bain que les autres. Le bain en famille resserre les liens entre générations : parents et grands-parents se baignent régulièrement avec les enfants jusqu'à 7 ou 8 ans.

- Des chercheurs ont voulu déterminer si le bain japonais pouvait jouer un rôle de vecteur de souches du microbiote. Une première étude a eu pour objectif de comparer la ressemblance génétique des microbiotes des membres de plusieurs groupes familiaux prenant soit des bains collectifs, soit des bains individuels.



Comparaison du microbiote de familles pratiquant ou non le bain collectif.



Le bain familial : une pratique courante au Japon.

- Une autre étude a porté sur l'analyse du microbiote des individus d'une même famille et de la composition bactériologique de l'eau du bain. Les chercheurs se sont plus particulièrement intéressés au groupe des bifidobactéries du microbiote intestinal.

	Eau du bain	Microbiotes			
		Père	Mère	Fille	Fils
<i>B. longum 1</i>					
<i>B. longum 2</i>					
<i>B. breve</i>					
<i>B. pseudocatenulatum 1</i>					
<i>B. pseudocatenulatum 2</i>					

Comparaison de l'analyse génétique de souches de bifidobactéries identifiées dans l'eau du bain. (Chaque case colorée indique une similitude supérieure à 99,5 %.)

[https://www.medecinesciences.org/en/articles/medsci/full\\_html/2017/10/medsci20173311p984/medsci20173311p984.html](https://www.medecinesciences.org/en/articles/medsci/full_html/2017/10/medsci20173311p984/medsci20173311p984.html)

[https://www.cell.com/current-biology/pdf/S0960-9822\(15\)00537-0.pdf](https://www.cell.com/current-biology/pdf/S0960-9822(15)00537-0.pdf)

<https://www.pnas.org/doi/10.1073/pnas.1005963107>