

Une étude conduite par BGI-Research révèle un nouveau paysage génomique pour les bactéries intestinales humaines

SHENZHEN, GUANGDONG, CHINE, April 3, 2023 /EINPresswire.com/ -- Une récente étude conduite par BGI-Research présente 3 324 ébauches de génomes de haute qualité provenant d'isolats sélectionnés à partir d'une culture à grande échelle d'isolats bactériens prélevés dans les échantillons fécaux de volontaires sains, ce qui aidera les chercheurs à mieux comprendre le processus du métabolisme des fibres alimentaires et de la synthèse des acides gras à chaîne courte des bactéries intestinales humaines. Cette étude a permis de découvrir d'importantes grappes de gènes biosynthétiques de métabolites secondaires dans le microbiote intestinal et de construire des liens phage-bactérie dans l'intestin humain. Cette étude a été publiée dans Nature Communications.

Le corps humain est composé de cellules humaines et de micro-organismes symbiotiques, notamment des bactéries, des archées, des champignons et des virus. Dans l'intestin humain, le nombre de cellules bactériennes peut atteindre 10^{13} , ce qui équivaut au nombre total de cellules humaines.

En 2019, une étude conduite par BGI-Research a présenté une collection de 1 520 génomes provisoires non redondants et de haute qualité, appelée Culturable Genome Reference (CGR), qui représentait à l'époque la plus importante collection de génomes bactériens de l'intestin humain au monde.

Quatre ans plus tard, l'équipe de recherche a présenté CGR2, un travail dans la continuité de l'étude précédente, offrant une plus grande banque de bactéries. En combinant les données du CGR, ce projet a analysé 144 échantillons fécaux récemment collectés auprès de volontaires sains et a obtenu 3 324 ébauches de génomes bactériens de haute qualité provenant de plus de 20 000 souches bactériennes cultivées sous près de 40 conditions.

Le CGR2 contient 527 groupes au niveau de l'espèce dans huit phyla, et identifie 179 groupes qui n'ont jamais été rapportés auparavant. Par rapport aux données du CGR, le CGR2 indique la présence de trois nouveaux embranchements et de 189 grappes.

Cette étude fournit également une cartographie complète des fonctions des bactéries intestinales dans le métabolisme des glucides. Elle révèle que 193 souches appartenant à 42 genres présentent un métabolisme complet des fibres alimentaires (y compris la pectine, la

cellulose et l'inuline) et des voies de synthèse des acides gras à chaîne courte, qui jouent un rôle important dans la santé humaine.

Bifidobacterium, l'un des probiotiques les plus abondants, est très répandu dans l'intestin des nourrissons allaités. L'étude montre que les souches de bifidobactéries cultivées par l'équipe de recherche disposent également d'une voie complète pour le métabolisme des oligosaccharides du lait humain, ce qui confirme le rôle des oligosaccharides du lait humain en tant que prébiotiques dans la régulation du microbiote intestinal et l'amélioration de la santé humaine.

Cette étude permet de démontrer que les micro-organismes intestinaux présentent également un potentiel riche et diversifié pour synthétiser des métabolites secondaires. Auparavant, les chercheurs exploraient principalement les métabolites secondaires dans les ressources microbiennes marines ou du sol. Cette étude suggère que les micro-organismes intestinaux humains peuvent servir de réserves de substances actives telles que les peptides antimicrobiens et les inhibiteurs de protéase, ce qui est crucial pour la recherche et le développement de médicaments.

Les métabolites secondaires désignent des composés organiques produits par tout organisme vivant et qui ne sont pas directement impliqués dans la croissance, le développement ou la reproduction normale de l'organisme. Ce sont des substances non essentielles à la croissance bactérienne, mais qui ont un large éventail d'applications en médecine, en agriculture et dans l'alimentation.

L'étude a permis de découvrir le réseau phage-bactérie dans l'intestin humain, qui aide à maintenir la stabilité du microbiome intestinal. Sur la base de l'ensemble de données CGR2, l'étude a prédit 2 820 séquences de bactériophages de haute qualité, dont la plupart n'avaient jamais été signalées auparavant. Il est important de noter que CGR2 a pu fournir des informations précises sur les hôtes de ces bactériophages.

En mettant en évidence les liens entre les phages et les bactéries, les chercheurs ont révélé une intervention complexe entre les deux et ont constaté que plus de la moitié des bactériophages étaient capables d'infecter plusieurs espèces bactériennes. L'étude a notamment permis de découvrir quatre groupes de virus capables d'infecter des bactéries de différents phylums, ce qui révolutionne la compréhension actuelle de la spécificité des bactériophages.

L'étude a également montré que les bactériophages peuvent être responsables du transfert horizontal de gènes entre les bactéries hôtes, ce qui peut entraîner la propagation de gènes de résistance aux antibiotiques et d'autres gènes nocifs.

Cette étude fournit des connaissances et des données importantes pour les études futures sur les fonctions in vitro du microbiote humain et de ses produits fonctionnels, ainsi que pour le développement et l'industrialisation des probiotiques. Une autorisation d'examen éthique a été obtenue pour cette étude.

Pour en savoir plus sur cette étude: <https://www.nature.com/articles/s41467-023-37396-x>

Richard Li

BGI Group

[email us here](#)

Visit us on social media:

[Facebook](#)

[Twitter](#)

[LinkedIn](#)

This press release can be viewed online at: <https://www.einpresswire.com/article/625737420>

EIN Presswire's priority is source transparency. We do not allow opaque clients, and our editors try to be careful about weeding out false and misleading content. As a user, if you see something we have missed, please do bring it to our attention. Your help is welcome. EIN Presswire, Everyone's Internet News Presswire™, tries to define some of the boundaries that are reasonable in today's world. Please see our Editorial Guidelines for more information.

© 1995-2023 Newsmatics Inc. All Right Reserved.