

Chapitre III : Éléments de microbiologie du tube digestif

- I. La microflore digestive de l'homme
- II. La microflore du tube digestif des ruminants

I. La microflore digestive de l'homme

Des commensaux sont régulièrement retrouvés dans certains microbiotopes humains. La microflore humaine normale est donc la totalité de ces commensaux. Les bactéries constituent la composante prédominante de la flore normale. Ils prolifèrent à profusion variées sur la muqueuse et plus particulièrement dans le tractus gastro-intestinal, où plus de 400 espèces différentes ont été dénombrées. Le nombre de bactéries par gramme de contenu intestinal est de 10^1 à 10^5 dans le duodénum, de 10^3 à 10^7 dans l'intestin grêle et de 10^{10} à 10^{12} dans le côlon.

Les coliformes, dont *Escherichia coli*, font partie de la famille des *Enterobacteriaceae*. Ces bactéries représentent environ 10 % des micro-organismes intestinaux des humains et d'autres animaux et sont largement utilisées comme organismes indicateurs. Ils perdent leur viabilité en eau douce à un rythme plus lent que la plupart des principaux pathogènes bactériens intestinaux.

Plus de 99 % de la flore muqueuse normale est constituée d'anaérobies obligatoires, dominées par les Gram(-) anaérobies. Bien que la vie soit possible sans flore normale (par exemple, des animaux de laboratoire exempts d'agents pathogènes), les commensaux profitent certainement à leurs hôtes. Cela se produit notamment lorsque des organismes de la flore normale parviennent à pénétrer dans l'hôte par le biais de microtraumatismes, ce qui entraîne une stimulation continue du système immunitaire. Les commensaux sont également en compétition pour l'espace vital avec des espèces pathogènes, une fonction connue sous le nom de résistance à la colonisation. D'un autre côté, un effet potentiellement nocif de la flore normale est qu'elle peut également provoquer des infections chez les individus immunodéprimés.

De l'entrée à la sortie, le tube digestif est constitué de la bouche, du pharynx, de l'œsophage, de l'estomac, de l'intestin grêle (lui-même constitué successivement du duodénum, du jéjunum et de l'iléon), du côlon (ascendant, puis transversal et enfin descendant), du rectum et de l'anus.

1 Bouche

Le microbiote normal de la bouche ou de la cavité buccale contient des organismes capables de résister à l'élimination mécanique en adhérant à des surfaces comme les gencives et les dents. Ceux qui ne peuvent pas s'attacher sont éliminés par rinçage mécanique du contenu de la cavité buccale vers l'estomac où ils sont détruits par l'acide chlorhydrique. La desquamation continue des cellules épithéliales élimine également les micro-organismes. Les micro-organismes capables de coloniser la bouche trouvent un environnement très confortable grâce à la disponibilité d'eau et de nutriments, à l'adéquation du pH et de la température et à la présence de nombreux autres facteurs de croissance.

La cavité buccale est colonisée par des micro-organismes du milieu environnant quelques heures après la naissance d'un être humain. Initialement, le microbiote est principalement constitué des genres *Streptococcus*, *Neisseria*, *Actinomyces*, *Veillonella* et *Lactobacillus*. Certaines levures sont également présentes. La plupart des micro-organismes qui envahissent initialement la cavité buccale sont des aérobies et des anaérobies obligatoires. Lors de l'éruption des premières dents, les anaérobies (*Porphyromonas*, *Prevotella* et *Fusobacterium*) deviennent dominants en raison de la nature anaérobie de l'espace entre les dents et les gencives.

2 Oropharynx

L'oropharynx est la division du pharynx située entre le palais mou et le bord supérieur de l'épiglotte. Comme le nez, un grand nombre de *Staphylococcus aureus* et *S. epidermidis* habite cette région. Les bactéries les plus importantes trouvées dans l'oropharynx sont les différents streptocoques alpha-hémolytiques (*S. oralis*, *S. milleri*, *S. gordonii*, *S. salivarius*) ; un grand nombre de diphtéroïdes (*Branhamella catarrhalis*) et petits coques à Gram négatif liés à *Neisseria meningitidis*.

3 Estomac

Comme indiqué précédemment, de nombreux micro-organismes passent de la bouche à l'estomac. En raison du pH très acide (2 à 3) du contenu gastrique, la plupart des micro-organismes sont tués. En conséquence, l'estomac contient généralement moins de 10 bactéries viables par millilitre de liquide gastrique. Il s'agit principalement des *Sarcina*, *Streptococcus*, *Staphylococcus*, *Lactobacillus*, *Peptostreptococcus*, et des levures comme *Candida* spp. Les

micro-organismes peuvent survivre s'ils traversent rapidement l'estomac ou si les organismes ingérés avec les aliments sont particulièrement résistants au pH gastrique (mycobactéries). Normalement, le nombre de micro-organismes augmente après un repas, mais diminue rapidement à mesure que le pH acide fait des ravages. Des modifications du microbiote gastrique surviennent également en cas d'augmentation du pH gastrique suite à une occlusion intestinale, ce qui permet un reflux des sécrétions duodénales alcalines dans l'estomac. Si le pH gastrique augmente, le microbiote de l'estomac est susceptible de refléter celui de l'oropharynx et, en outre, de contenir à la fois des bactéries aérobies et anaérobies à Gram négatif.

4 Intestin grêle

L'intestin grêle est divisé en trois zones anatomiques : le duodénum, le jéjunum et l'iléon. Le duodénum (les 25 premiers cm de l'intestin grêle) contient peu de micro-organismes en raison de l'influence combinée des sucs acides de l'estomac et de l'action inhibitrice des sécrétions biliaires et pancréatiques. Parmi les bactéries présentes, les cocci et bâtonnets à Gram positif constituent la majeure partie du microbiote. *Enterococcus faecalis*, les lactobacilles, les diphtéroïdes et la levure *Candida albicans* se trouvent occasionnellement dans le jéjunum. Dans la partie distale de l'intestin grêle (iléon), le microbiote commence à adopter les caractéristiques du microbiote du côlon. C'est au sein de l'iléon que le pH devient plus alcalin. En conséquence, des bactéries anaérobies à Gram négatif et des membres de la famille des *Enterobacteriaceae* s'établissent.

5 Gros Intestin (Côlon)

Le gros intestin ou côlon abrite la plus grande communauté microbienne du corps. Leur nombre approche 10^{12} microorganismes par gramme de poids humide de matières fécales. Plus de 400 espèces différentes ont été isolées des excréments humains. Le côlon peut être considéré comme un grand récipient de fermentation et le microbiote est principalement constitué de bactéries anaérobies, à Gram négatif et non sporogènes, et de bâtonnets à Gram positif, sporogènes et non sporogènes. Les micro-organismes anaérobies sont dominants en quantité et également en nombre d'espèces ; de nombreuses espèces différentes sont présentes en grand nombre. Le rapport entre les bactéries anaérobies et les bactéries anaérobies facultatives est d'environ 300 pour 1. Même la plus abondante de ces dernières, *Escherichia coli*, ne représente qu'environ 0,1 % de la population totale.

Outre les nombreuses bactéries présentes dans le gros intestin, la levure *Candida albicans* et certains protozoaires (*Trichomonas hominis* et *Entamoeba hartmanni*) peuvent être présents comme commensaux non-pathogènes.

Divers processus physiologiques déplacent le microbiote dans le côlon, de sorte qu'un adulte élimine environ 3×10^{13} micro-organismes par jour. Ces processus comprennent le péristaltisme et la desquamation des cellules épithéliales de surface auxquelles les micro-organismes sont attachés, ainsi qu'un flux continu de mucus qui entraîne avec lui les micro-organismes adhérents. Pour maintenir l'homéostasie du microbiote, l'organisme doit continuellement remplacer les micro-organismes perdus. La population bactérienne du côlon humain double généralement une à deux fois par jour. Dans des conditions normales, la communauté microbienne résidente s'autorégule. La compétition et le mutualisme entre différents micro-organismes et entre les micro-organismes et leur hôte servent à maintenir un statu quo. Or, si le milieu intestinal est perturbé, le microbiote normal peut fortement changer. Les facteurs perturbateurs comprennent le stress, la famine, les organismes parasites, la diarrhée et l'utilisation d'antibiotiques ou de probiotiques. Enfin, il convient de souligner que les proportions réelles des populations bactériennes individuelles au sein du microbiote indigène dépendent largement du régime alimentaire d'une personne.

II. La microflore du tube digestif des ruminants

Les ruminants sont un groupe d'animaux herbivores qui ont un estomac divisé en quatre compartiments et qui remâchent les aliments régurgités et partiellement digérés, tels que les bovins, les cerfs, les chameaux, les moutons, les chèvres, les girafes, ... Cette méthode d'alimentation est très favorable pour les animaux qui ont besoin de manger rapidement de grandes quantités de nourriture, la mastication étant effectuée plus tard dans un endroit plus confortable ou plus sûr. Parce que les ruminants ne peuvent pas synthétiser les cellulases, ils ont établi une relation mutualiste avec les micro-organismes anaérobies qui produisent ces enzymes. Les cellulases hydrolysent les liaisons β (1 \rightarrow 4) entre les résidus D-glucose successifs de la cellulose et libèrent du glucose, qui est ensuite fermenté en acides organiques tels que l'acétate, le butyrate et le propionate. Ces acides organiques constituent la véritable source d'énergie du ruminant.

La partie supérieure de l'estomac d'un ruminant se dilate pour former une grande poche appelée rumen ainsi qu'un plus petit réticulum en forme de nid d'abeille. La partie inférieure de

l'estomac est constituée d'une antichambre appelée l'omasum, avec le « vrai » estomac (la caillette) derrière elle.

Les polysaccharides insolubles et la cellulose consommés par le ruminant se mélangent à la salive et pénètrent dans le rumen. Dans le rumen, les aliments sont barattés dans un mouvement de rotation constant et finalement réduits en une masse pulpeuse, partiellement digérée et fermentée par des micro-organismes. Plus tard, la nourriture pénètre dans le réticulum. Il est ensuite régurgité sous forme d'un bol alimentaire, qui est soigneusement mâché pour la première fois. La nourriture est mélangée à de la salive, avalée à nouveau et réintègre le rumen tandis qu'un autre bol alimentaire est transmise à la bouche. Au fur et à mesure que ce processus se poursuit, la matière végétale partiellement digérée devient de nature plus liquide. Le liquide commence alors à s'écouler hors du réticulum et dans les parties inférieures de l'estomac : d'abord l'omasum, puis la caillette. C'est dans la caillette que la nourriture rencontre les enzymes digestives normales de l'hôte et le processus digestif se poursuit selon la voie habituelle des mammifères.

Le rumen contient une communauté microbienne importante et diversifiée (environ 10^{12} organismes par millilitre), notamment des procaryotes, des champignons anaérobies tels que *Neocallimastix*, des ciliés et d'autres protozoaires. Les aliments qui pénètrent dans le rumen sont rapidement attaqués par les procaryotes anaérobies cellulolytiques, les champignons et les protozoaires. Bien que les masses de procaryotes et de protozoaires soient à peu près égales, le traitement du contenu du rumen est effectué principalement par les procaryotes. Les micro-organismes décomposent le matériel végétal. Le potentiel de réduction dans le rumen étant de -30 mV, tous les micro-organismes indigènes s'engagent dans un métabolisme anaérobie. Les bactéries fermentent les glucides en acides gras, en dioxyde de carbone et en hydrogène. Les archées (méthanogènes) produisent du méthane (CH_4) à partir d'acétate, de CO_2 et de H_2 .

Les glucides alimentaires dégradés dans le rumen comprennent les sucres solubles, l'amidon, la pectine, l'hémicellulose et la cellulose. Le plus grand pourcentage de chaque glucide est fermenté en acides gras volatils (acétique, propionique, butyrique, formique et valérique), CO_2 , H_2 et méthane. Les acides gras produits par les organismes du rumen sont absorbés dans la circulation sanguine et sont oxydés par l'animal qui constitue sa principale source d'énergie. Le CO_2 et le méthane sont produits à raison de 200 à 400 litres par jour chez une vache. L'ATP produit pendant la fermentation est utilisé pour soutenir la croissance des micro-organismes du rumen. Ces micro-organismes produisent à leur tour la plupart des

vitamines nécessaires au ruminant. Dans les deux estomacs restants, les micro-organismes, après avoir accompli leur tâche symbiotique, sont digérés pour produire des acides aminés, des sucres et d'autres nutriments destinés aux ruminants.

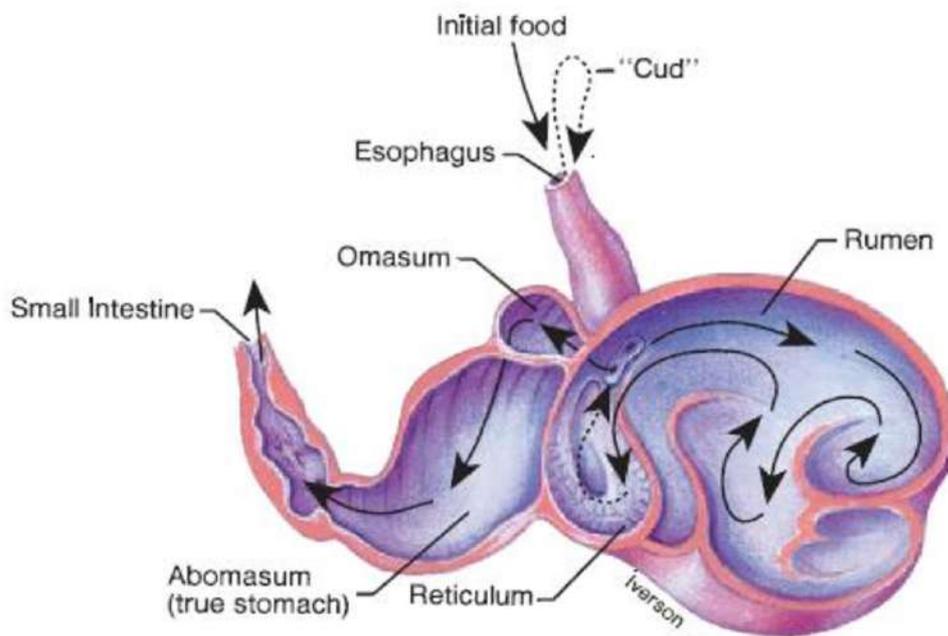
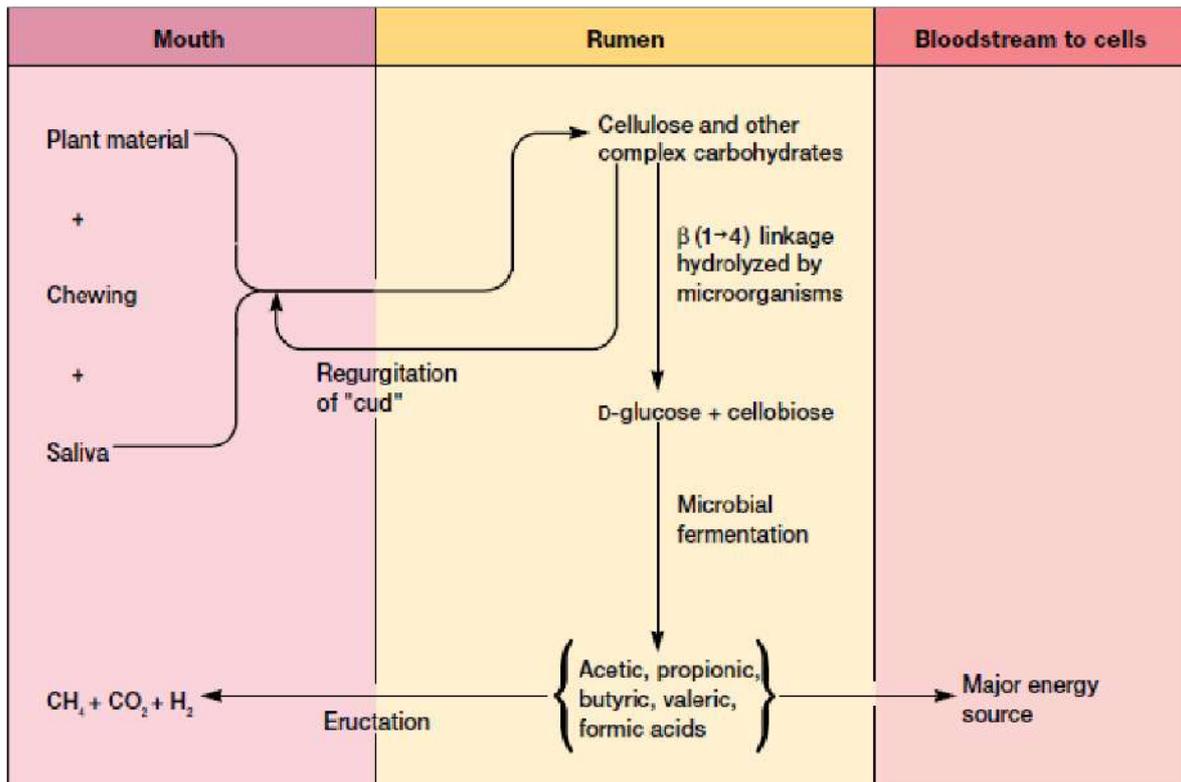


Figure 28.7 Ruminant Stomach. The stomach compartments of a cow. The microorganisms are active mainly in the rumen. Arrows indicate direction of food movement.



Chapitre III : Éléments de microbiologie

Digestif

