



HAL
open science

Apport de la métabolomique à l'étude de la phase postprandiale

Marion Brandolini-Bunlon, Estelle Pujos-Guillot, Charlotte Joly,
Jean-François Lesgards, Jean-François Martin, Jean-François Huneau,
Dominique Dardevet, François Mariotti

► To cite this version:

Marion Brandolini-Bunlon, Estelle Pujos-Guillot, Charlotte Joly, Jean-François Lesgards, Jean-François Martin, et al.. Apport de la métabolomique à l'étude de la phase postprandiale. 10èmes Journées Scientifiques du Réseau Francophone de Métabolomique et Fluxomique, May 2016, Montpellier, France. , 158. p, 2016, Livret des résumés 10JS RFMF. hal-01598844

HAL Id: hal-01598844

<https://hal.science/hal-01598844>

Submitted on 2 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.

APPORT DE LA METABOLOMIQUE A L'ETUDE DE LA PHASE POSTPRANDIALE

Marion Brandolini-Bunlon⁽¹⁾, Estelle Pujos-Guillot⁽¹⁾, Charlotte Joly⁽¹⁾, Jean-François Lesgards⁽¹⁾, Jean-François Martin⁽¹⁾, Jean-François Huneau⁽²⁾, Dominique Dardevet⁽¹⁾, François Mariotti⁽²⁾.

(1) INRA, UMR1019 Unité de Nutrition Humaine, CRNH Auvergne, 63122, Saint Genès Champanelle, France;

(2) UMR Physiologie de la Nutrition et du Comportement Alimentaire, AgroParisTech, INRA, Université Paris-Saclay, 75005, Paris, France.

La métabolomique a ouvert de nouvelles perspectives dans les études des relations nutrition/santé : elle permet actuellement d'avoir une idée des changements métaboliques à l'échelle de l'organisme entier, et ainsi d'intégrer la complexité des effets métaboliques de l'alimentation. L'objectif du présent projet était d'explorer l'effet de différentes matières premières protéiques laitières sur la réponse postprandiale induite par un repas riche en graisse.

L'intervention a consisté en 3 journées d'exploration postprandiale sur 6 heures, selon un dispositif croisé, en ordre randomisé, chez 11 hommes volontaires sains en surpoids. Les volontaires ont consommé à jeun un des trois repas-tests apportant 1200 kcal, composé de 70% de lipides, 15% de glucides et 15% de protéines laitières (caséines, protéines solubles du lactosérum, ou protéines solubles enrichies en α -lactalbumine). Des prélèvements de sang ont été réalisés avant le repas-test, puis en cinétique à 30 min, 60 min, 90 min, 2h, 3h, 4h et 6h après pour le dosage des triglycérides et des apolipoprotéines B-48 plasmatiques. Des prélèvements d'urines ont été réalisés avant le repas-test, puis toutes les deux heures. Ces échantillons d'urines ont été randomisés puis analysés par une approche métabolomique non ciblée: les urines diluées ont été injectées sur un couplage UPLC/QToF, équipé d'une source électrospray. Les données brutes ont tout d'abord été extraites par XCMS avant analyses statistiques. Toutes les données collectées ont été traitées avec des modèles mixtes, avec ajustement de Bonferroni-Hochberg pour les données de métabolomique, et des tests a posteriori de Bonferroni. De plus, pour les données métabolomiques, des analyses multivariées sur tous les ions et sur des sous-groupes d'ions ont ensuite été effectuées tous temps confondus ou par temps de cinétique. Enfin, des corrélations entre données cliniques et données métabolomiques ont été réalisées.

Au niveau clinique, les aires sous courbes des cinétiques plasmatiques des triglycérides ou des apolipoprotéines B-48 sont diminuées après consommation du repas hyperlipidique avec des caséines, par rapport aux deux autres repas-tests, ce qui suggère une modification de l'absorption des lipides. Au niveau métabolomique, 139 ions sont significativement modulés en fonction des protéines testées, avec une capacité équivalente à discriminer les 3 types de repas-tests, mais notablement plus d'ions discriminant le repas riche en protéines du lactosérum des deux autres. 36 de ces 139 ions sont caractéristiques de l'interaction temps-type de protéine, dont 20 ions davantage discriminants dans les modèles multivariés (VIP>1). Par ailleurs, tous repas-tests confondus, les corrélations entre les données métabolomiques et cliniques sont significatives pour la moitié de ces ions caractéristiques de l'interaction temps-protéine, dont 8 ions avec VIP>1. Le nombre d'ions corrélés aux données cliniques est différent entre les repas-tests si nous les considérons séparément.

En conclusion, les 3 types de protéines consommées dans des repas-tests hyperlipidiques induisent des réponses postprandiales cliniques et métaboliques différentes. La métabolomique non ciblée effectuée sur des prélèvements urinaires a permis d'apporter des informations complémentaires aux mesures cliniques : l'identification des métabolites caractéristiques de l'interaction temps-protéines permettra de confirmer que ces protéines ont, entre autres, un effet différent en lien avec le métabolisme postprandial des lipides.