

# Acides aminés à chaîne ramifiée et insulino-sensibilité : amis ou ennemis?

Sergio Polakof

## ► To cite this version:

Sergio Polakof. Acides aminés à chaîne ramifiée et insulino-sensibilité : amis ou ennemis ?. Cahiers de Nutrition et de Diététique, 2019, 54 (3), pp.164-171. 10.1016/j.cnd.2019.01.003 . hal-02167522

# HAL Id: hal-02167522 https://hal.science/hal-02167522

Submitted on 25 Oct 2021

**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.



Distributed under a Creative Commons Attribution - NonCommercial 4.0 International License

Version of Record: https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0007996019300033 Manuscript\_e0df3085c171e2c616945364fb9983e1

1	
2	
3	
4	
5	Acides aminés à chaîne ramifiée et insulino-sensibilité : amis ou ennemis
6	?☆
7	Branched-chained amino acids and insulin sensitivity: friend or foe?
8	
9	
10	
11	Sergio Polakof <sup>*</sup>
12	
13	
14	Université Clermont Auvergne, INRA, UNH, Unité de Nutrition Humaine, CRNH Auvergne,
15	F-63000 Clermont-Ferrand, France
16	
17	
18	
19	Article ayant fait l'objet d'une conférence lors des Journées Francophones de Nutrition de
20	2017
21	
22	
23	Dr. Sergio Polakof
24	INRA, UMR 1019, UNH, F-63000 CLERMONT-FERRAND
25	Tel: 33 (0) 473624895; Fax: 33 (0) 473624638; e-mail: sergio.polakof@inra.fr

#### Résumé

Les acides aminés à chaîne ramifiée (AACR) jouent un rôle primordial dans la régulation de l'homéostasie énergétique et du métabolisme nutritionnel. Mais les AACR ne sont pas seulement des substrats pour la synthèse protéique car ils servent également de molécules de signalisation régulant le métabolisme du glucose, des lipides et des protéines, via les voies PI3K/AKT/mTOR. Bien qu'il ait été montré que les AACR peuvent améliorer la santé métabolique, une augmentation de leur taux plasmatique a été également associée à un risque élevé de diabète de type 2 (DT2). L'une des explications proposées concerne la suractivation de mTORC1 par les AACR. Alternativement, un modèle de dysmétabolisme propose que l'accumulation des métabolites dérivés des AACR favoriserait le dysfonctionnement mitochondrial des cellules β et adipocytaires exprimées lors du DT2. Cette revue se concentre donc sur les découvertes récentes associées aux voies métaboliques et de régulation des AACR, et les mécanismes sous-jacents à la relation entre les AACR et les processus pathologiques associés.



métabolisme 

#### Abstract

Branched-chain amino acids (BCAA) are essential amino acids, and play a key role in the regulation of energy homeostasis and nutritional metabolism. However, BCAA are not only substrates for protein synthesis, as they also serve as signalling molecules regulating the metabolism of glucose, lipids and proteins, via the PI3K/AKT/mTOR signalling pathways. Although it has been shown that BCAA can improve metabolic health, an increase in their plasma levels has also been associated with a high risk of future type 2 diabetes (T2D). One of the proposed explanations for this phenotype concerns the overactivation of mTORC1 by BCAA, as it has been shown that could induce insulin resistance. Alternatively, a model of dysmetabolism also proposes that the accumulation of BCAA-derived metabolites would favour the mitochondrial dysfunction of  $\beta$  cells and adipocytes expressed during T2D. This review will therefore focus on recent insights associated with metabolic and regulatory pathways of BCAA, and the mechanisms underlying the relationship between BCAA and the associated pathological processes.

- Key words: branched-chain amino acids, obesity, type 2 diabetes, insulin resistance, biomarkers, metabolism

83	Abréviations
84	3-HIB, 3-hydroxyisobutyrate
85	AA, acides aminés
86	AACR, acides aminés à chaîne ramifiée
87	AKT, protéine kinase B
88	ATAACR, aminotransférase d'acides aminés à chaîne ramifiée
89	CIC, α-cétoisocaproate
90	CIV, α-kétoisovalérate
91	CMV, α-céto-β-méthylvalérate
92	DHCACR, complexe enzymatique déshydrogénase des cétoacides à chaîne ramifiée
93 94	DHCACRK, kinase du complexe enzymatique déshydrogénase des cétoacides à chaîne ramifiée
95 96	DHCACRP, phosphatase du complexe enzymatique déshydrogénase des cétoacides à chaîne ramifiée
97	DT2, diabète de type 2
98	eIF4E-eIF4G, facteur eucaryotes d'initiation de la translation de type 4E et 4G
99	HOMA, index d'évaluation du modèle d'homéostasie de la résistance à l'insuline
100	IGF-1, facteur de croissance 1 ressemblant à l'insuline
101	IRS-1, IRS-2, récepteur substrat de l'insuline de type 1 et 2
102	mTOR, cible mammalienne de la rapamycine
103	PI3K, phosphoinositide 3-kinase
104	RI, résistance à l'insuline
105	S6K1, protéine ribosomale de type de S6 kinase
106	
107	
108	
109	
110	
111	
112	
113	

#### 114 Introduction

Les acides aminés (AA) sont les unités de base de la composition d'une protéine. Chez 115 l'homme en bonne santé, neuf AA sont considérés comme essentiels, car ils ne peuvent pas 116 être synthétisés de manière endogène et doivent donc être ingérés par le biais de 117 l'alimentation. Parmi les AA essentiels, les trois AA à chaîne ramifiée (AACR), à savoir la 118 119 leucine, la valine et l'isoleucine, ont une concentration plasmatique moyenne de 120, 220 et 120 63 mM respectivement et une concentration intramusculaire sous forme libre moyenne de 133, 253 et 68 mM d'eau intracellulaire. Les AACR représentent environ 35% des AA 121 essentiels des protéines musculaires et, comme la masse musculaire humaine représente 122 123 environ 40 à 45% de la masse corporelle totale, il a été constaté qu'une grande quantité des 124 AACR est présente dans les protéines musculaires [1]. Chez les adultes, les AACR sont importants pour le maintien des protéines corporelles en plus d'être une source d'azote pour 125 la synthèse de l'alanine et de la glutamine. Il existe des preuves démontrant le rôle clé des 126 127 AACR - en particulier de la leucine - dans la régulation des processus anaboliques impliquant 128 à la fois la synthèse et la dégradation des protéines musculaires. De plus, les AACR ont des effets thérapeutiques potentiels, car ils peuvent atténuer la perte de masse maigre lors de la 129 130 réduction de la masse corporelle, promouvoir le processus de guérison, améliorer l'équilibre musculaire des protéines chez les personnes âgées et avoir des effets bénéfiques dans le 131 132 traitement des pathologies hépatiques et rénales [2, 3].

Bien que les AA soient surtout connus en tant que substrats pour la synthèse des protéines, ils peuvent également avoir des fonctions de molécules bioactives dans le métabolisme. Les AACR ne sont pas une exception et constituent des signaux nutritionnels importants ayant des effets majeurs sur la synthèse des protéines, l'homéostasie du glucose, le développement de l'obésité, notamment à travers des voies de signalisation « senseurs de nutriments », comme celle de la phosphoinositide 3-kinase -protéine kinase B (PI3K-AKT), et la cible mammalienne de la rapamycine (mTOR) [4].

Il a été démontré qu'il existe une association positive entre un régime alimentaire riche en AACR et la santé métabolique, notamment la régulation du poids corporel, la synthèse des protéines musculaires et l'homéostasie du glucose [5, 6]. Malgré ces effets positifs des AACR sur la santé métabolique, leur élévation au niveau circulant a été corrélée à un risque accru de résistance à l'insuline (RI) et de diabète de type 2 (DT2) chez l'homme et chez plusieurs modèles de rongeurs (rats Zucker, souris *db/db*, souris *high fat*) [7]. Ce rôle paradoxal des AACR dans le métabolisme soulève plusieurs interrogations, incluant un effet bénéfique ou nocif possible sur la santé des régimes riches en AACR, le rôle positif ou
négatif des AACR dans l'homéostasie de l'insuline et du glucose, ou le rôle
cause/conséquence des AACR dans le contexte des maladies métaboliques.

Dans cet article, les résultats récents sur le métabolisme des AACR seront abordés, leurs fonctions physiologiques et les voies de signalisation, ainsi que les mécanismes sousjacents potentiels de déclenchement des maladies métaboliques et leur utilisation comme des biomarqueurs de la RI et du DT2.

## 154 Métabolisme des acides aminés à chaîne ramifiée

En ce qui concerne le métabolisme des AACR, il est important de souligner les voies 155 156 biochimiques impliquées dans leur catabolisme. Contrairement aux autres AA, qui sont principalement oxydés dans le tissu hépatique, le système enzymatique le plus actif pour 157 l'oxydation des AACR est situé de façon prédominante dans le muscle squelettique. Bien que 158 le foie ne puisse cataboliser directement les AACR, il possède un système très actif pour la 159 dégradation de leurs cétoacides. Cette distribution tissulaire spécifique du catabolisme des 160 AACR découle de la distribution unique des deux premières enzymes impliquées dans leur 161 catabolisme, c'est-à-dire l'aminotransférase d'acides aminés à chaîne ramifiée (ATAACR) -162 qui catalyse la transamination des AACR dans une réaction réversible - et du complexe 163 enzymatique déshydrogénase des cétoacides à chaîne ramifiée (DHCACR) -qui catalyse la 164 décarboxylation oxydative des cétoacides à chaîne ramifiée dans une réaction irréversible [2, 165 8, 9] (Figure 1). 166

167 La première réaction impliquée dans le catabolisme des AACR est donc la transamination par les isoenzymes de l'ATAACR, qui sont des enzymes dépendantes du 168 169 pyridoxal-phosphate (vitamine B6) et qui acceptent les trois AACR comme substrats. En ce 170 qui concerne l'activité tissulaire de l'enzyme ATAACR, il existe une activité élevée dans le 171 cœur et les reins, une activité intermédiaire dans le muscle squelettique et une activité plus faible dans le foie. Dans les cellules de mammifères, deux ATAACR sont présentes, l'une 172 mitochondriale et l'autre cytosolique. À partir de la réaction catalysée par l'ATAACR, les 173 AACR sont convertis en leurs cétoacides respectifs, c'est-à-dire que la leucine est convertie 174 en  $\alpha$ -cétoisocaproate (CIC) ; l'isoleucine en  $\alpha$ -céto- $\beta$ -méthylvalérate (CMV) ; et la valine en 175 α-kétoisovalérate (CIV). Parallèlement, il a été montré que dans la réaction catalysée par 176 l'ATAACR, il existe une conversion de l'a-cétoglutarate - accepteur d'azote provenant de 177 l'AACR - en glutamate. À partir du glutamate, d'autres AA, tels que l'alanine et la glutamine, 178

peuvent être synthétisés. Ainsi, la transamination des AACR est un mécanisme de transfert
d'azote des AACR en fonction du besoin des tissus en glutamate et d'autres AA non
essentiels. Notamment, il convient de noter que les isoenzymes d'ATAACR des mammifères
sont très spécifiques pour les AACR et le glutamate, les affinités des substrats étant les
suivantes : leucine, isoleucine > valine > glutamate [10, 11].

Après la réaction catalysée par l'enzyme ATAACR et la formation consécutive des cétoacides à chaîne ramifiée, ceux-ci peuvent subir une décarboxylation oxydative catalysée par le complexe enzymatique DHCACR - présent à la surface interne de la membrane mitochondriale (**Figure 1**). Au cours de cette réaction, les cétoacides CIC, CMV et CIV sont convertis en isovaléryl-CoA, 3-méthylbutyryl-CoA et isobutyryl-CoA, respectivement. L'activité du complexe DHCACR est plus élevée dans le foie, intermédiaire dans les reins et le cœur et comparativement plus faible dans les muscles, le tissu adipeux et le cerveau [12].

191 Le complexe DHCACR est la principale enzyme régulatrice de la voie catabolique 192 des AACR, considérée comme l'étape limitante du flux du catabolisme des AACR. L'activité 193 du complexe DHCACR - contrairement à l'ATAACR - est fortement régulée par un cycle de 194 phosphorylation/déphosphorylation. L'enzyme DHCACR kinase (DHCACRK) favorise 195 l'inactivation du DHCACR par phosphorylation de la sous-unité E1 $\alpha$ , tandis que la DHCACR 196 phosphatase (DHCACRP) est responsable de l'activation du complexe par déphosphorylation 197 de la sous-unité E1 $\alpha$  [10, 13].

198 L'activation du complexe DHCACR sur le court terme peut être réalisée par une 199 inhibition de l'activité de l'enzyme DHCACRK par le CIC, qui résulte de la transamination de la leucine. Les analogues structuraux du CIC, notamment l'octanoate, le α-chloro-isocaproate 200 201 et l'acide clofibrique, favorisent également l'activation du complexe DHCACR par inhibition directe de la DHCACRK. Les mécanismes de contrôle sur le long terme comprennent : (i) 202 203 une diminution de l'expression génique des sous-unités du DHCACR par un apport faible en protéines ; (ii) l'augmentation de l'expression de la DHCACRK induite par un régime pauvre 204 205 en protéines et par les hormones thyroïdiennes ; et (iii) une diminution de l'expression de la DHCACRK en raison d'un apport élevé en protéines, par une situation de jeûne, ou par une 206 207 augmentation des glucocorticoïdes ou du clofibrate. Par conséquent, il a été montré que l'activité du complexe DHCACR est significativement réduite chez des animaux nourris avec 208 des régimes hypoprotéiques ou traités avec des hormones thyroïdiennes, mais que son activité 209 210 augmente chez les animaux soumis au jeûne, au diabète, au sepsis, au cancer, à l'urémie, aux

211 infections et aux maladies inflammatoires causées par l'endotoxémie ou les cytokines [14,
212 15].

Après la deuxième étape du catabolisme des AACR induite par le complexe 213 DHCACR, les produits de cette réaction - les dérivés d'acyl-CoA à chaîne ramifiée -214 subissent une oxydation par le biais de deux déshydrogénases différentes. Après cette étape, 215 les voies cataboliques de chacun des AACR commencent à diverger. La leucine est cétogène 216 car elle produira de l'acétyl-CoA et de l'acétoacétate, tandis que la valine est glycogénique, du 217 fait qu'elle est convertie en succinyl-CoA - intermédiaire du cycle de Krebs. L'isoleucine et la 218 valine sont toutes deux métabolisées en succinate via le méthylmalonyl-CoA. L'acétoacétate 219 est l'autre produit du métabolisme de l'isoleucine et peut donc être considéré comme un acide 220 221 aminé glycogénique et cétogène [16].

#### 222 Processus affectant les niveaux circulants d'AACR

Pour comprendre les résultats apparemment contradictoires concernant les niveaux 223 circulants d'AACR et la santé, il est utile de comprendre les processus qui contribuent aux 224 taux d'apparition et de disparition des AACR dans la circulation. Les processus contribuant à 225 leur apparition comprennent l'alimentation et la dégradation des protéines tissulaires. 226 Cependant, dans le cas de l'association rapportée entre les AACR et la RI, le phénotype n'est 227 pas dû à une surnutrition récente (par exemple, quelques heures après le repas). De plus, 228 presque toutes les études ont été conduites a jeun. Cela ne veut pas dire que la 229 suralimentation n'est pas la cause de l'augmentation du taux des circulants des AACR, mais 230 231 que d'autres processus influençant les échanges de ces AA modifient leurs concentrations plasmatiques chez les individus a jeun, y compris ceux souffrant d'obésité. 232

233 La dégradation des protéines peut être régulée par des modifications de l'autophagie 234 ou de la dégradation induite par le protéasome. Les taux de dégradation des protéines dans les 235 muscles et le foie peuvent être inhibés par l'insuline, le facteur de croissance analogue à l'insuline (IGF-1) et les AACR via une altération de l'autophagie induite par mTORC1 et 236 AKT [17, 18] et de la voie protéasomique de l'ubiquitine [19-21]. Les AACR et l'insuline 237 agissent généralement en complément ou en synergie pour activer mTORC1. Cet ajout, en 238 plus de l'action plus spécifique de l'insuline sur la dégradation des protéines, pourrait 239 240 expliquer le fait que les niveaux d'AACR et la dégradation des protéines sont fréquemment augmentés chez les individus a jeun souffrant d'obésité et de RI, ainsi que chez ceux 241 242 présentant un DT2 mal contrôlé [22, 23].

Les principaux processus affectant la disparition des AACR du compartiment 243 plasmatique incluent la synthèse des protéines, leur excrétion et leur catabolisme et/ou leur 244 oxydation. En fait, l'insuline et les AA stimulent la synthèse protéique pendant la croissance 245 [24]. Chez l'homme adulte dont le poids est stable, cet effet de l'insuline est soit moins 246 important, soit non apparent (bien que la dégradation des protéines soit affectée), alors que 247 les AA et l'IGF-1 stimulent la synthèse des protéines [25]. Paradoxalement, plusieurs études 248 249 suggèrent qu'en cas d'obésité, de RI et de DT2, la synthèse des protéines musculaires reste soit inchangée, soit augmentée [22, 23]. L'excrétion des AACR pourrait également être 250 251 affectée par l'obésité ou la RI, en raison de l'augmentation des taux d'AA circulants [26], mais il reste à déterminer dans quelle mesure ce processus sont affectés chez l'homme. 252

## 253 Les effets positifs des AACR sur la santé métabolique

Bien que l'association entre les niveaux élevés des AACR et la RI ait été démontrée dans de nombreuses études chez l'homme et l'animal, une augmentation du niveau des AACR peut également entraîner des effets positifs, notamment une amélioration de certains paramètres métaboliques tels que la composition corporelle, les niveaux de glycémie et la satiété [27].

259 Les AACR contrôlent ainsi la libération d'hormones dans le tractus gastro-intestinal et 260 dans le tissu adipeux. Par exemple, chez des souris obèses, la consommation de leucine pendant six semaines a entraîné une augmentation de l'adiponectine et une diminution du 261 262 cholestérol au niveau plasmatique, sans aucune modification du poids corporel ni de la masse 263 adipeuse [28]. Les AACR et les protéines alimentaires ont été aussi capables d'améliorer la libération du glucagon-like peptide-1 et de réduire les niveaux d'expression des gènes 264 265 nécessaires à la synthèse et à l'absorption des acides gras dans une lignée cellulaire intestinale humaine (NCI-H716), suggérant un mécanisme intestinal pour l'effet bénéfique des AACR 266 267 [29]. En outre, les taux élevés d'AACR sont capables d'induire des réponses insulinémiques et des effets insulinotropes chez la souris [30], ce qui peut se traduire par une amélioration de 268 269 la glycémie.

Avec l'insuline, les AACR agissent également en tant que signaux anaboliques pour moduler la croissance des tissus consommateurs d'énergie tels que le muscle squelettique et le tissu adipeux. Les AA sont nécessaires à la synthèse des protéines et en particulier les AACR stimulent également la voie de signalisation de mTORC1 pour réguler la traduction des ARNm [31]. Ainsi l'activation de mTOR par la leucine résulte en une augmentation du 275 complexe eIF4E-eIF4G, en facilitant la disponibilité d'eIF4E et en phosphorylant eIF4G, ce qui entraîne une accélération de la synthèse protéique [31]. L'administration orale de leucine 276 à des rats augmente la synthèse des protéines dans le tissu adipeux, le muscle gastrocnémien 277 et les reins, mais pas dans le foie ou le cœur. À l'inverse, les repas riches en glucides 278 n'altèrent la synthèse protéique dans aucun tissu, mais ils entraînent une augmentation 279 robuste de l'insuline, suggérant que la leucine est un signal nutritionnel direct capable 280 281 d'induire la synthèse de protéines [32]. De plus, la leucine inhibe partiellement l'atrophie musculaire en réduisant la protéolyse et l'autophagie [18]. La synthèse protéique induite par 282 283 les AA montre aussi une corrélation positive avec la dépense énergétique [33]. Les suppléments en AACR peuvent avoir également un effet bénéfique sur certaines maladies 284 hépatiques, en stimulant la synthèse protéique, la sécrétion du facteur de croissance hépatique 285 et en inhibant la protéolyse [34]. L'augmentation de la leucinémie par le biais de sa 286 consommation dans l'eau de boisson a été aussi démontré comme étant capable d'entraîner, 287 chez des souris nourries avec un régime riche en lipides, une amélioration de la tolérance au 288 glucose et de la sensibilité à l'insuline, ainsi qu'une diminution de la stéatose hépatique et de 289 l'inflammation au niveau du tissu adipeux, sans affecter la prise alimentaire ni la prise de 290 poids [35]. 291

Dans l'ensemble, les régimes riches en AACR et la supplémentation en AACR semblent donc jouer un rôle positif dans le contrôle du poids et de l'homéostasie du glucose, ce qui corrobore la recommandation alimentaire de majorer les apports en protéines pour augmenter les niveaux d'AACR.

## 296 Les effets négatifs des AACR sur le métabolisme

Des études métaboliques récentes et des études approfondies de profilage métabolomique ont régulièrement montré une perturbation du métabolisme normal des AA et une augmentation de certains d'entre eux, souvent des AACR, dans des modèles d'obésité ou de DT2 chez les rongeurs, ainsi que chez les patients obèses ou DT2 (voir réf. 5 pour plus de détails). Compte-tenu des effets bénéfiques des AACR sur le métabolisme et la santé en général mentionnés ci-dessus, la corrélation entre les AACR circulants et la RI, l'obésité et le DT2 semble être contradictoire.

Newgard et al. ont montré que les niveaux d'AACR, d'AA aromatiques et de certains
sous-produits des AACR étaient plus fortement corrélés à la sensibilité à l'insuline et à
l'indice HOMA de RI que certaines espèces lipidiques (acides gras à chaîne longue, corps

307 cétoniques et acylcarnitines à chaîne moyenne) [36]. Ils ont ainsi mesuré la concentration de plus d'une centaine de métabolites chez des sujets obèses et RI et des sujets minces et 308 sensibles à l'insuline. Les données ont été soumises à des analyses de composantes 309 principales pour constituer la signature responsable de la RI (groupe de métabolites parmi 310 ceux mesurés fortement associés à la RI). Par ailleurs, cette association préférentielle des 311 AACR avec la RI a été démontrée chez des sujets sains et de poids normal [37]. La 312 313 quantification de 191 métabolites par spectrométrie de masse a révélé que la diminution du taux des AACR, conjointement avec celle du glycérol, est un facteur fortement prédictif de la 314 315 sensibilité à l'insuline. Conformément à ces résultats, Hattersley et al. ont montré que la signature métabolique composée de certains AA, et notamment des AACR était modulée par 316 un régime pauvre en lipides en comparaison avec un régime normal et isoénergétique en 317 absence de changement de poids, impliquant que ces signatures métaboliques pouvaient être 318 utilisées pour évaluer un risque possible de diabète [38]. L'association entre la signature des 319 AACR et la RI a été également corroborée par l'étude de Fiehn et al. qui montrait que parmi 320 plus de 350 métabolites, la leucine et la valine présentaient des valeurs augmentées chez les 321 femmes afro-américaines atteintes de DT2 [39]. Depuis, plusieurs études longitudinales dans 322 différentes cohortes ont révélé que les AACR anticipaient la probabilité future de développer 323 324 une RI ou un DT2 [6, 40].

Malgré les effets positifs des AACR sur le métabolisme, la forte association de leurs taux avec la RI et le syndrome métabolique suggère qu'une augmentation des niveaux des AACR pourrait entraîner une RI et *in fine* du DT2, bien que cela reste à démontrer, car le mécanisme sous-jacent à cette corrélation n'est pas encore complètement compris.

329

## 330 Mécanismes possibles de résistance à l'insuline médiés par mTOR

Plusieurs études ont montré qu'une activation persistante des voies de signalisation 331 des nutriments pourrait entraîner une RI par le biais de l'activation de la voie de mTORC1 par 332 les ACCR [41, 42] (Figure 2). Ainsi une suractivation des sérine kinases S6K1 et mTORC1 333 favoriserait la RI par le biais d'une phosphorylation sur la sérine des substrats du récepteur de 334 l'insuline (IRS)-1 et de l'IRS-2, qui pourrait survenir en réponse à une hyperinsulinémie ou à 335 une aminoacidémie chroniques. Cependant, bien que certaines preuves expérimentales 336 appuient cette hypothèse, un certain nombre d'observations ne soutiennent pas le concept 337 338 d'activation de mTORC1 par les AACR. Bien que les AACR soient associés à la signalisation 339 mTORC1 dans le muscle squelettique, cette voie est également activée par l'exercice, un facteur connu dans la prévention et la régression des phénotypes de DT2 insulinorésistants. 340 Par ailleurs, comme expliqué plus haut, plusieurs études ont montré que des supplémentations 341 en AACR étaient capables d'induire des améliorations métaboliques tout en activant la voie 342 de signalisation de mTORC1 [35]. De plus, dans une grande partie des études soutenant ce 343 modèle, de fortes doses de leucine ont été administrées par voie orale [32], et de ce fait, il 344 345 n'est pas clair si les changements faibles observés dans les taux d'AACR chez les patients atteints de RI ou d'obésité suffisent pour affecter de façon indépendante la phosphorylation 346 347 de la sérine des IRS-1 et IRS-2.

#### 348 Dysmétabolisme des AACR

Outre l'activation persistante de mTORC1, des altérations du métabolisme des AACR sont liées à la RI et au DT2 par l'accumulation dans la circulation d'intermédiaires éventuellement toxiques et de ces AA.

Comme expliqué plus haut, l'isoforme mitochondriale d'ATAACR catalyse la première étape du métabolisme des AACR dans la plupart des tissus périphériques. Ainsi, les concentrations des métabolites des AACR sont réduites dans les tissus périphériques des souris ATAACR2<sup>-/-</sup> [43]. Cependant, malgré l'activation persistante de mTORC1, les souris ATAACR2<sup>-/-</sup> ne présentent pas un phénotype de RI. Au lieu de cela, elles présentent une amélioration du contrôle de la glycémie et de la sensibilité à l'insuline avec une dépense énergétique élevée, probablement en raison de la perte de précurseurs gluconéogéniques.

359 L'étape suivante de la voie métabolique des AACR est catalysée par le complexe DHCACR. Dans le tissu adipeux des patients souffrant d'obésité et de DT2 présentant une RI, 360 361 l'expression des gènes codant pour les enzymes du métabolisme des AACR est significativement diminuée, notamment ceux codant pour les enzymes catalysant les deux 362 premières étapes conduisant à une augmentation du taux plasmatique (ATAACR/DHCACR) 363 [44, 45]. Étant donné que le métabolisme des AACR au niveau du corps entier est fortement 364 dépendant des échanges entre les organes, l'expression de ces mêmes enzymes dans d'autres 365 organes, tels que le foie et les muscles, ne doit pas être négligée. Ainsi, l'expression des gènes 366 codant pour les enzymes du métabolisme des AACR a été montrée comme étant réduite dans 367 les tissus musculaires et hépatiques des patients atteints de DT2 [46]. En revanche, l'activité 368 de la DHCACR dans le foie est effectivement accrue et pourrait compenser la diminution de 369 370 l'activité dans le tissu adipeux [47].

#### 371 Les AACR comme biomarqueurs de maladies métaboliques

La RI est définie comme une diminution de l'efficacité de l'insuline lors de 372 l'absorption et de l'utilisation du glucose. Dans un contexte de surnutrition ou d'obésité, la 373 dérégulation du métabolisme du glucose et des acides gras peut donc conduire à un 374 dysfonctionnement mitochondrial entraînant une RI. Plus concrètement, une réduction de 375 l'oxydation des acides gras dans le tissu adipeux chez l'obèse a été associée à un catabolisme 376 élevé des AACR dans le muscle ainsi qu'à une accumulation d'intermédiaires lipidiques tels 377 que l'acylcarnitine, capable d'altérer l'action de l'insuline [41]. Par conséquent, la 378 concentration d'acylcarnitine circulante pourrait être considérée comme un biomarqueur 379 d'une RI. Dans une autre étude, Allam-Ndoul et al. ont montré que les concentrations 380 plasmatiques d'AACR avaient une meilleure performance comme biomarqueurs de la RI que 381 382 les taux de glucose plasmatique chez les patients pré-diabétiques [48].

D'autres biomarqueurs candidats des défauts de métabolisme des AACR sont les 383 intermédiaires de leur catabolisme, comme le 3-hydroxyisobutyrate (3-HIB), sécrété par les 384 385 cellules musculaires et capable de réguler le transport des acides gras trans-endothéliaux et de favoriser l'accumulation de lipides dans le muscle chez la souris RI [49]. Par ailleurs, les taux 386 de 3-HIB sont augmentés dans les muscles de souris et d'hommes diabétiques par rapport à 387 leurs témoins respectifs [50]. Ces résultats suggèrent donc que le 3-HIB pourrait servir de 388 biomarqueur de défaut métabolique associé aux AACR dans des maladies métaboliques 389 comme le DT2 ou la RI. 390

391 Comme expliqué plus haut, des modifications du catabolisme des AACR chez les patients diabétiques ont déjà été rapportées il y a plusieurs décennies. Depuis, de nombreuses 392 393 études ont essayé de mettre en évidence des associations entre les AACR et la maladie et d'utiliser les taux circulants de ces AA comme biomarqueurs d'un développement précoce du 394 395 diabète. Ainsi, une étude d'association entre la consommation cumulée d'AACR et le risque 396 de développer le DT2 suggère que des apports alimentaires élevés en AACR sont associés à 397 un risque accru de DT2 dans trois cohortes prospectives [51]. Des associations similaires ont été observées dans une population asiatique [52]. Les sources de protéines alimentaires sont 398 399 étroitement liées à l'adiposité corporelle et à la santé métabolique, notamment dans un 400 contexte de diabète. Dans une étude explorant les conséquences d'un changement de régime vers une diète de type végane a également montré que lors de cette transition, les taux 401 d'AACR étaient significativement réduits, et associés à une diminution du risque de 402

développer du diabète. Ceci suggère donc que les AACR pourraient aussi fonctionner comme
des biomarqueurs de transitions alimentaires associées au développement de certaines
maladies métaboliques, comme le DT2 ou l'obésité [53].

406 De la même facon, de nombreuses études indiquent que les AACR ont un fort potentiel de prédire le développement du diabète sur le long terme. Les profils d'AA 407 plasmatiques, en particulier les taux d'AACR, ont été montrés comme altérés bien avant 408 l'installation du DT2 et sont associés de manière significative à un futur diagnostic positif de 409 la maladie [6]. Ces altérations du profil des AA pourraient résulter principalement du 410 changement métabolique provoqué par la pathogenèse précoce du diabète. Dans une étude 411 récente, les profils des métabolites, y compris les AA, les AACR et d'autres métabolites 412 polaires ont été déterminés chez 2 422 sujets normoglycémiques dont 201 avaient développé 413 un diabète au cours des 12 années suivantes. Les résultats montrent que les trois AACR et 414 deux AA aromatiques (tyrosine et phénylalanine) avaient des associations très significatives 415 416 avec un diabète futur. Ces résultats soulignent l'importance potentielle des profils des AA 417 dans l'évaluation du risque de diabète [54].

## 418 Conclusions

L'association entre les AACR, l'obésité, la RI et le DT2 a incité à considérer les taux
circulants de ces AA comme prédicteurs d'une RI ou d'un DT2 à venir, malgré les effets
bénéfiques de la supplémentation en AACR et d'un régime alimentaire riche en ces AA.

Deux mécanismes ont été proposés pour expliquer comment des niveaux élevés 422 423 d'AACR pourraient être liés à certaines maladies métaboliques. Le premier concerne l'activation persistante du complexe de détection de nutriments, mTORC1. Des AACR élevés 424 425 stimulent mTORC1, un complexe de détection des nutriments, et entraînent, après la 426 phosphorylation de la sérine d'IRS-1, une RI et d'autres troubles métaboliques. Cependant, 427 des travaux récents ont soulevé des questions concernant le fait que l'activation de mTOR par des changements physiologiques du niveau des AACR pourrait être suffisante ou insuffisante 428 pour provoquer une RI et des troubles métaboliques ultérieurs. Alternativement, un 429 430 dysmétabolisme des AACR ou une oxydation incomplète de ceux-ci pourraient favoriser l'installation d'un stress anaplérotique et d'un déséquilibre anaplérose-cataplérose 431 contribuant à une fonction mitochondriale sous-optimale dans le cas d'un DT2. Bien que les 432 modèles d'obésité chez les rongeurs et l'homme souffrant d'une RI présentent 433 434 universellement des taux réduits d'enzymes catabolisant les AACR dans le tissu adipeux par rapport à des témoins métaboliquement sains, il a été prouvé que ces réductions de la capacité
métabolique dans le tissu adipeux pourraient s'étendre à d'autres tissus ou être compensées
par l'augmentation de l'activité du complexe DHCACR dans le foie.

En résumé, des études récentes proposent une association étroite entre les AACR et la 438 RI. Plusieurs mécanismes par lesquels une augmentation des AACR induit une RI ont été 439 proposés. Les nouvelles découvertes relatives à la voie de signalisation des AACR et à leur 440 métabolisme élargissent notre compréhension de la RI. Toutefois, il reste à déterminer si les 441 AACR sont simplement des biomarqueurs de la RI ou s'ils contribuent directement à son 442 installation. Cette question suscite un intérêt accru pour la recherche. Ainsi, bien que des 443 mécanismes aient été proposés pour expliquer comment une augmentation des niveaux des 444 AACR pourrait conduire à une RI ou à l'obésité, il convient de noter que des niveaux élevés 445 446 d'AACR sont plus susceptibles de constituer un biomarqueur de la RI et non, en tant que tels, une cause. 447

448

#### 449 Déclaration d'intérêts

450 L'auteur déclare ne pas avoir de conflits d'intérêts en relation avec cet article.

451

#### 452 Légendes

453 Figure 1. Principale voie de catabolisme des acides aminés à chaîne ramifiée. Adapté de
454 Brosnan et Brosnan, 2006 [16]

455 Figure 2. Relation entre la sur-activation de la voie de signalisation de mTOR et la résistance
456 à l'insuline. AACR, acides aminés à chaîne ramifiée. Adapté de Lynch et Adams, 2014 [5].

457

#### 458 **Références**

- 459 [1] Wagenmakers AJ. Muscle amino acid metabolism at rest and during exercise: role in
  460 human physiology and metabolism. Exerc Sport Sci Rev. 1998;26:287-314.
- 461 [2] Shimomura Y, Harris RA. Metabolism and physiological function of branched-chain
  462 amino acids: discussion of session 1. J Nutr. 2006;136:232S-233S.

- 463 [3] Tom A, Nair KS. Assessment of branched-chain amino acid status and potential for
  464 biomarkers. J Nutr. 2006;136:324S-330S.
- [4] Nakamura H, Jinzu H, Nagao K, Noguchi Y, Shimba N, Miyano H, et al. Plasma
  amino acid profiles are associated with insulin, C-peptide and adiponectin levels in
  type 2 diabetic patients. Nutr Diabetes. 2014;4:e133.
- 468 [5] Lynch CJ, Adams SH. Branched-chain amino acids in metabolic signalling and
  469 insulin resistance. Nat Rev Endocrinol. 2014;10:723-736.
- Wang TJ, Larson MG, Vasan RS, Cheng S, Rhee EP, McCabe E, et al. Metabolite
  profiles and the risk of developing diabetes. Nat Med. 2011;17:448-453.
- 472 [7] Giesbertz P, Daniel H. Branched-chain amino acids as biomarkers in diabetes. Curr
  473 Opin Clin Nutr Metab Care. 2016;19:48-54.
- 474 [8] Shimomura Y, Yamamoto Y, Bajotto G, Sato J, Murakami T, Shimomura N, et al.
  475 Nutraceutical effects of branched-chain amino acids on skeletal muscle. J Nutr.
  476 2006;136:529S-532S.
- 477 [9] Shimomura Y, Honda T, Shiraki M, Murakami T, Sato J, Kobayashi H, et al.
  478 Branched-chain amino acid catabolism in exercise and liver disease. J Nutr.
  479 2006;136:250S-253S.
- 480 [10] Harris RA, Joshi M, Jeoung NH. Mechanisms responsible for regulation of branched481 chain amino acid catabolism. Biochem Biophys Res Commun. 2004;313:391-396.
- 482 [11] Hutson SM, Sweatt AJ, LaNoue KF. Branched-chain amino acid metabolism:
  483 implications for establishing safe intakes. The Journal of Nutrition. 2005;135:1557S484 1564S.
- 485 [12] Harper AE, Miller RH, Block KP. Branched-chain amino acid metabolism. Annu Rev
  486 Nutr. 1984;4:409-454.
- 487 [13] Shimomura Y, Murakami T, Nakai N, Nagasaki M, Harris RA. Exercise promotes
  488 BCAA catabolism: effects of BCAA supplementation on skeletal muscle during
  489 exercise. J Nutr. 2004;134:1583S-1587S.
- 490 [14] Shiraki M, Shimomura Y, Miwa Y, Fukushima H, Murakami T, Tamura T, et al.
  491 Activation of hepatic branched-chain alpha-keto acid dehydrogenase complex by
  492 tumor necrosis factor-alpha in rats. Biochem Biophys Res Commun. 2005;328:973493 978.
- 494 [15] Torres N, Lopez G, De Santiago S, Hutson SM, Tovar AR. Dietary protein level
  495 regulates expression of the mitochondrial branched-chain aminotransferase in rats. J
  496 Nutr. 1998;128:1368-1375.

- 497 [16] Brosnan JT, Brosnan ME. Branched-chain amino acids: enzyme and substrate
  498 regulation. J Nutr. 2006;136:207S-211S.
- 499 [17] May ME, Buse MG. Effects of branched-chain amino acids on protein turnover.
  500 Diabetes Metab Rev. 1989;5:227-245.
- 501 [18] Dodd KM, Tee AR. Leucine and mTORC1: a complex relationship. Am J Physiol
  502 Endocrinol Metab. 2012;302:E1329-1342.
- 503 [19] Maki T, Yamamoto D, Nakanishi S, Iida K, Iguchi G, Takahashi Y, et al. Branched504 chain amino acids reduce hindlimb suspension-induced muscle atrophy and protein
  505 levels of atrogin-1 and MuRF1 in rats. Nutr Res. 2012;32:676-683.
- 506 [20] Glass DJ. Signaling pathways perturbing muscle mass. Curr Opin Clin Nutr Metab
  507 Care. 2010;13:225-229.
- 508 [21] Greenhaff PL, Karagounis LG, Peirce N, Simpson EJ, Hazell M, Layfield R, et al.
  509 Disassociation between the effects of amino acids and insulin on signaling, ubiquitin
  510 ligases, and protein turnover in human muscle. Am J Physiol Endocrinol Metab.
  511 2008;295:E595-604.
- 512 [22] Guillet C, Masgrau A, Boirie Y. Is protein metabolism changed with obesity? Curr
  513 Opin Clin Nutr Metab Care. 2011;14:89-92.
- 514 [23] Nilsson MI, Dobson JP, Greene NP, Wiggs MP, Shimkus KL, Wudeck EV, et al.
  515 Abnormal protein turnover and anabolic resistance to exercise in sarcopenic obesity.
  516 FASEB J. 2013;27:3905-3916.
- 517 [24] O'Connor PM, Bush JA, Suryawan A, Nguyen HV, Davis TA. Insulin and amino
  518 acids independently stimulate skeletal muscle protein synthesis in neonatal pigs. Am J
  519 Physiol Endocrinol Metab. 2003;284:E110-119.
- 520 [25] Fryburg DA, Jahn LA, Hill SA, Oliveras DM, Barrett EJ. Insulin and insulin-like
  521 growth factor-I enhance human skeletal muscle protein anabolism during
  522 hyperaminoacidemia by different mechanisms. J Clin Invest. 1995;96.
- 523 [26] She P, Olson KC, Kadota Y, Inukai A, Shimomura Y, Hoppel CL, et al. Leucine and
  524 protein metabolism in obese Zucker rats. PLoS ONE. 2013;8:e59443.
- 525 [27] Yoon MS. The Emerging Role of Branched-Chain Amino Acids in Insulin Resistance526 and Metabolism. Nutrients. 2016;8.
- 527 [28] Torres-Leal FL, Fonseca-Alaniz MH, Teodoro GF, de Capitani MD, Vianna D,
  528 Pantaleao LC, et al. Leucine supplementation improves adiponectin and total
  529 cholesterol concentrations despite the lack of changes in adiposity or glucose

- homeostasis in rats previously exposed to a high-fat diet. Nutr Metab (Lond).
  2011;8:62.
- 532 [29] Chen Q, Reimer RA. Dairy protein and leucine alter GLP-1 release and mRNA of
  533 genes involved in intestinal lipid metabolism in vitro. Nutrition. 2009;25:340-349.
- [30] Sener A, Malaisse WJ. The stimulus-secretion coupling of amino acid-induced insulin
  release: insulinotropic action of branched-chain amino acids at physiological
  concentrations of glucose and glutamine. Eur J Clin Invest. 1981;11:455-460.
- 537 [31] Vary TC, Lynch CJ. Nutrient signaling components controlling protein synthesis in
  538 striated muscle. J Nutr. 2007;137:1835-1843.
- [32] Lynch CJ, Patson BJ, Anthony J, Vaval A, Jefferson LS, Vary TC. Leucine is a
  direct-acting nutrient signal that regulates protein synthesis in adipose tissue. Am J
  Physiol Endocrinol Metab. 2002;283:E503-513.
- 542 [33] Giordano M, Castellino P. Correlation between amino acid induced changes in energy
  543 expenditure and protein metabolism in humans. Nutrition. 1997;13:309-312.
- 544 [34] Tajiri K, Shimizu Y. Branched-chain amino acids in liver diseases. Transl
  545 Gastroenterol Hepatol. 2018;3:47.
- 546 [35] Macotela Y, Emanuelli B, Bang AM, Espinoza DO, Boucher J, Beebe K, et al.
  547 Dietary leucine: an environmental modifier of insulin resistance acting on multiple
  548 levels of metabolism. PLoS One. 2011;6:e21187.
- [36] Newgard CB, An J, Bain JR, Muehlbauer MJ, Stevens RD, Lien LF, et al. A
  branched-chain amino acid-related metabolic signature that differentiates obese and
  lean humans and contributes to insulin resistance. Cell Metab. 2009;9:311-326.
- 552 [37] Shaham O, Wei R, Wang TJ, Ricciardi C, Lewis GD, Vasan RS, et al. Metabolic
  553 profiling of the human response to a glucose challenge reveals distinct axes of insulin
  554 sensitivity. Mol Syst Biol. 2008;4:214.
- I Hattersley JG, Pfeiffer AF, Roden M, Petzke KJ, Hoffmann D, Rudovich NN, et al.
  Modulation of amino acid metabolic signatures by supplemented isoenergetic diets
  differing in protein and cereal fiber content. J Clin Endocrinol Metab.
  2014;99:E2599-2609.
- Fiehn O, Garvey WT, Newman JW, Lok KH, Hoppel CL, Adams SH. Plasma
  metabolomic profiles reflective of glucose homeostasis in non-diabetic and type 2
  diabetic obese African-American women. PLoS One. 2010;5:e15234.

- McCormack SE, Shaham O, McCarthy MA, Deik AA, Wang TJ, Gerszten RE, et al.
  Circulating branched-chain amino acid concentrations are associated with obesity and
  future insulin resistance in children and adolescents. Pediatr Obes. 2013;8:52-61.
- 565 [41] Newgard CB. Interplay between lipids and branched-chain amino acids in 566 development of insulin resistance. Cell Metab. 2012;15:606-614.
- 567 [42] Um S, D'Alessio D, Thomas G. Nutrient overload, insulin resistance, and ribosomal
  568 protein S6 kinase 1, S6K1. Cell Metab. 2006;3:393 402.
- 569 [43] She P, Reid TM, Bronson SK, Vary TC, Hajnal A, Lynch CJ, et al. Disruption of
  570 BCATm in mice leads to increased energy expenditure associated with the activation
  571 of a futile protein turnover cycle. Cell Metab. 2007;6:181-194.
- [44] Lackey DE, Lynch CJ, Olson KC, Mostaedi R, Ali M, Smith WH, et al. Regulation of
  adipose branched-chain amino acid catabolism enzyme expression and cross-adipose
  amino acid flux in human obesity. Am J Physiol Endocrinol Metab. 2013;304:E11751187.
- 576 [45] Herman MA, She P, Peroni OD, Lynch CJ, Kahn BB. Adipose tissue branched chain
  577 amino acid (BCAA) metabolism modulates circulating BCAA levels. J Biol Chem.
  578 2010;285:11348-11356.
- 579 [46] Shin AC, Fasshauer M, Filatova N, Grundell LA, Zielinski E, Zhou JY, et al. Brain
  580 insulin lowers circulating BCAA levels by inducing hepatic BCAA catabolism. Cell
  581 Metab. 2014;20:898-909.
- 582 [47] Kadota Y, Toyoda T, Kitaura Y, Adams SH, Shimomura Y. Regulation of hepatic
  583 branched-chain alpha-ketoacid dehydrogenase complex in rats fed a high-fat diet.
  584 Obes Res Clin Pract. 2013;7:e439-444.
- 585 [48] Allam-Ndoul B, Guénard F, Garneau V, Barbier O, Pérusse L, Vohl M-C.
  586 Associations between branched chain amino acid levels, obesity and cardiometabolic
  587 complications. Integr Obesity Diabetes. 2015.
- 588 [49] Nie C, He T, Zhang W, Zhang G, Ma X. Branched chain amino acids: beyond
  589 nutrition metabolism. Int J Mol Sci. 2018;19.
- [50] Jang C, Oh SF, Wada S, Rowe GC, Liu L, Chan MC, et al. A branched-chain amino
  acid metabolite drives vascular fatty acid transport and causes insulin resistance. Nat
  Med. 2016;22:421-426.
- 593 [51] Zheng Y, Li Y, Qi Q, Hruby A, Manson JE, Willett WC, et al. Cumulative
  594 consumption of branched-chain amino acids and incidence of type 2 diabetes. Int J
  595 Epidemiol. 2016;45:1482-1492.

- 596 [52] Xu F, Tavintharan S, Sum CF, Woon K, Lim SC, Ong CN. Metabolic signature shift
  597 in type 2 diabetes mellitus revealed by mass spectrometry-based metabolomics. J Clin
  598 Endocrinol Metab. 2013;98:E1060-1065.
- Elshorbagy A, Jerneren F, Basta M, Basta C, Turner C, Khaled M, et al. Amino acid
  changes during transition to a vegan diet supplemented with fish in healthy humans.
  Eur J Nutr. 2017;56:1953-1962.
- Mardinoglu A, Agren R, Kampf C, Asplund A, Uhlen M, Nielsen J. Genome-scale
  metabolic modelling of hepatocytes reveals serine deficiency in patients with nonalcoholic fatty liver disease. Nat Commun. 2014;5:3083.

605





FIGURE 2