

Chapitre V. Catabolisme des autres composés organiques

1- Catabolisme des lipides

Les microorganismes utilisent souvent des lipides comme d'énergie. Des triglycérides ou triacylglycérols, des esters de glycérol et des acides gras sont des sources énergétiques courantes.

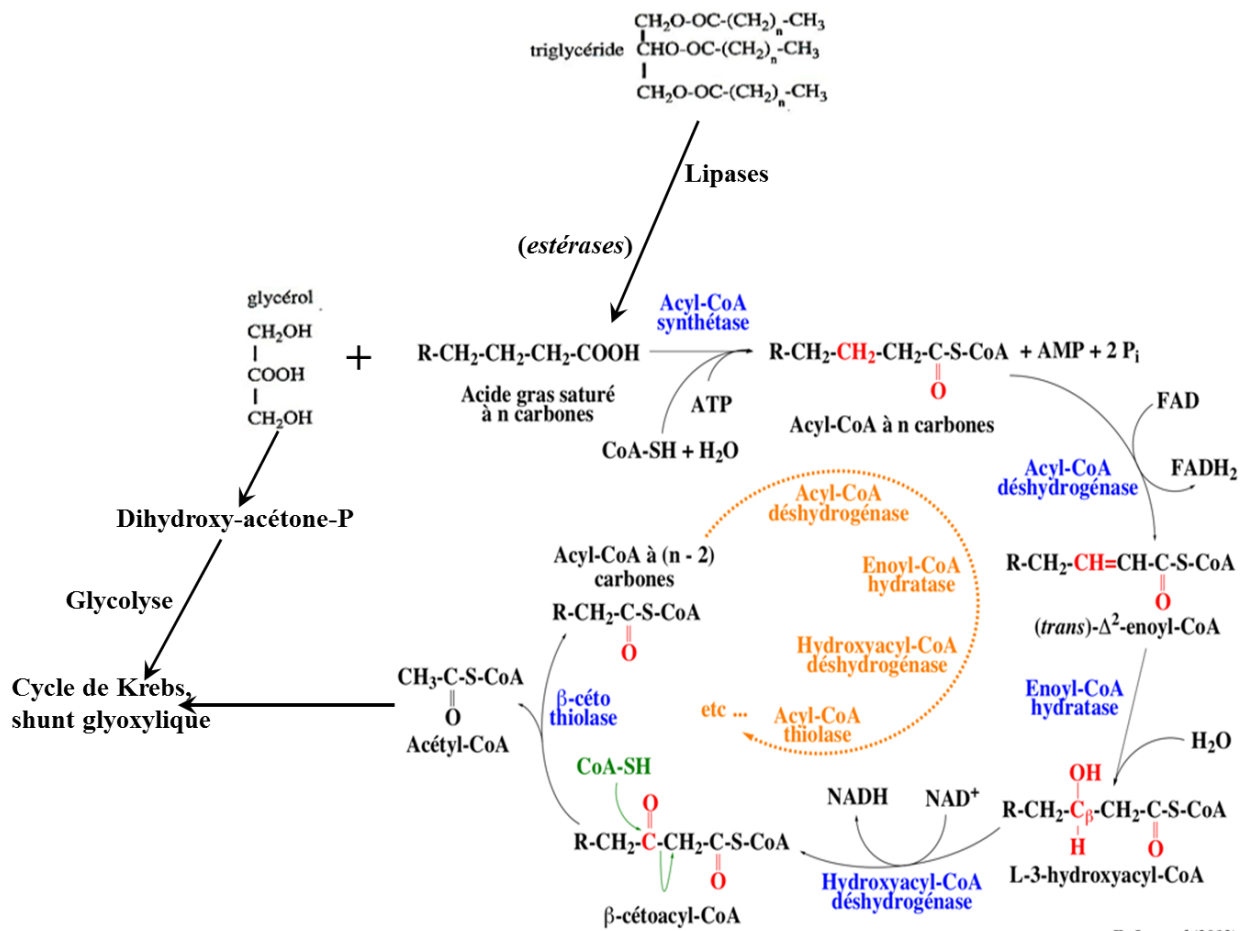
Les triglycérides sont hydrolysés en **acides gras** et **glycérol**, grâce à des **lipases** ou à des **estérases** moins spécifiques, souvent **exocellulaires**. Ces lipases se rencontrent chez les **moisissures** (*Aspergillus*, *Penicillium*, *Rhizopus*, *Geotrichum*...), les **levures** (*Candida*, *Torulopsis*, *Saccharomyces*, *Saccharomycopsis*...) et les **bactéries** (*Serratia*, *Pseudomonas*, *Xanthomonas*, *Chromobacterium*, *Alcaligenes*, *Staphylococcus*...).

Le **glycérol** est phosphorylé et oxydé en dihydroxyacétone-P et dégradé dans la **glycolyse**.

Les **acides gras**, quant à eux, sont catabolisés par un **processus (cycle)** appelé **β -oxydation**. Ils sont d'abord activés par l'ATP en présence de coenzyme A pour former un acyl-CoA, lequel est oxydé en β -céto-acyl-CoA. Après hydrolyse, il se forme de l'acétyl-CoA et un acyl-CoA possédant deux carbones de moins. Les réactions d'oxydation se poursuivent autant qu'il est nécessaire selon la longueur de la chaîne carbonée.

L'acétyl-CoA formé peut être incorporé dans le **cycle de Krebs** et le **shunt glyoxylique**. Le NADH et le FADH₂ produits respectivement peuvent être oxydés par la chaîne de transfert des électrons pour produire de l'ATP.

Les acides gras constituent une source énergétique riche pour la croissance microbienne.



E. Jaspard (2013)

Figure 1 : β-oxydation des acides gras.

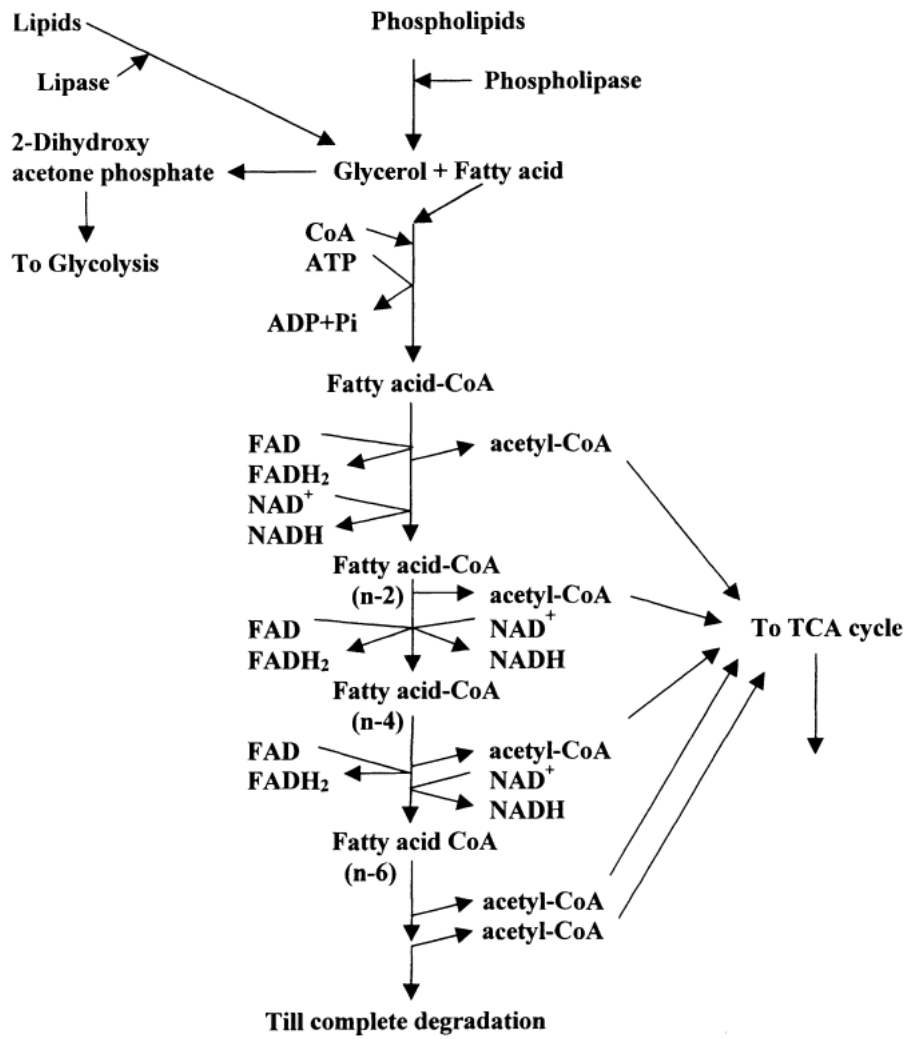


Figure 2. Schéma simplifié de l'utilisation des lipides et phospholipides

2- Catabolisme des protéines

Les protéines sont des composés organiques de haut poids moléculaire, constituées d'acide aminés liés entre eux par des liaisons peptidiques. Leur dégradation comporte les étapes suivantes :

2-1- Protéolyse : protéases et peptidases

Il existe de nombreuses **protéases microbiennes** (généralement exocellulaires) plus ou moins spécifiques : collagénases, gélatinases...

Elles agissent aussi bien sur les protéines que sur les oligopeptides. Elles scindent la molécule protéique en fragments polypeptidiques, constitués de quelques acides aminés seulement. Les espèces protéolytiques les plus connues appartiennent aux genres bactériens *Clostridium*, *Bacillus*, *Proteus*, *Streptomyces*, *Pseudomonas*, *Aeromonas*... ainsi qu'à de nombreux genres **fongiques**.

Les peptidases hydrolysent les polypeptides et les transforment en leurs sous-unités constitutives, les acides aminés. De petits polypeptides pénètrent dans les cellules : chez la **levure**, il s'agit essentiellement de di- et tripeptides.

L'entrée des acides aminés dépend de la présence de systèmes « perméase » nombreux et variés.

Les peptidases sont de deux types, les **endopeptidases** et les **exo-peptidases**, en fonction de leur mode d'attaque de la chaîne polypeptidique. Les exopeptidases sont elles-mêmes subdivisées en deux catégories :

- Les **amino-peptidases** commencent leur action par l'extrémité $-NH_2$ libre du polypeptide et leur activité dépend souvent de la présence d'ions métalliques.
- Les **carboxypeptidases** débutent leur attaque par l'extrémité $-COOH$ libre du polypeptide.

L'activité de ces différentes enzymes conduit à la libération de di- et tripeptides qui sont ensuite hydrolysés en acides aminés.

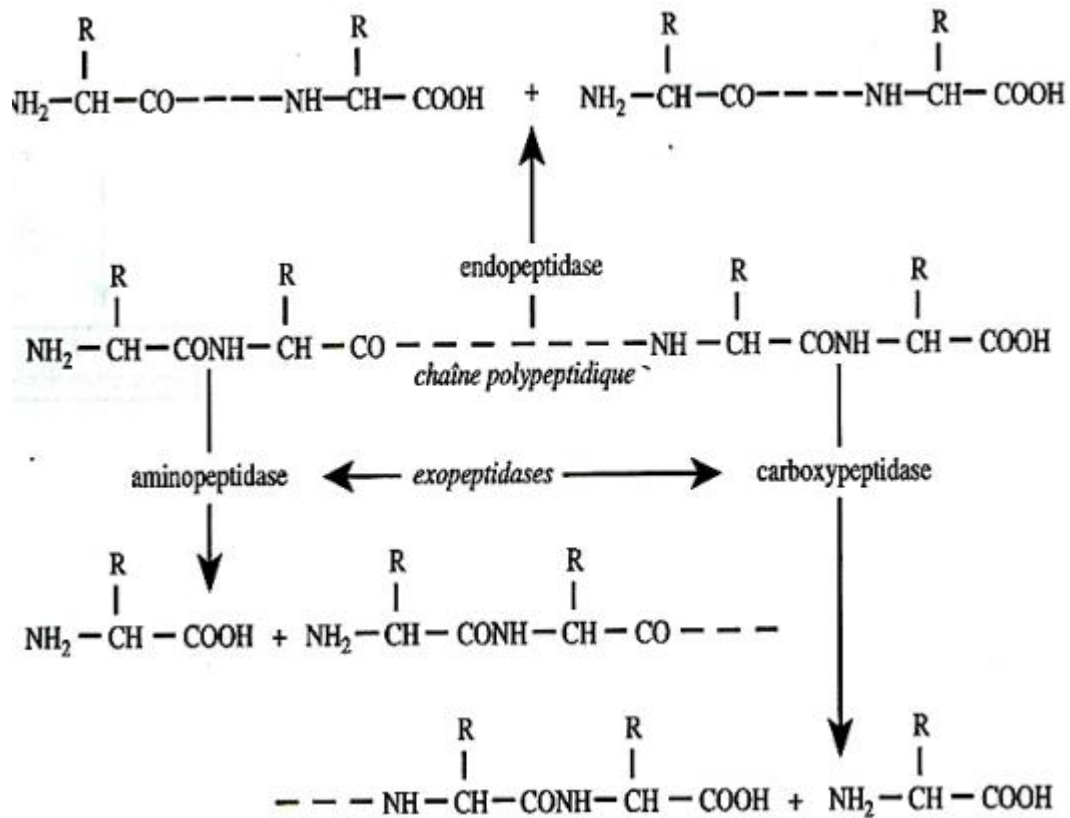


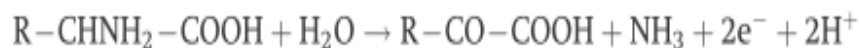
Figure 3. Mode d'attaque de la chaîne polypeptidique

2-2- Catabolisme des acides aminés libérés

Il existe deux voies principales : **la désamination et la décarboxylation.**

A- La désamination

a- La désamination oxydative conduit à la formation d'un **iminoacide** (molécule possédant à la fois un groupe fonctionnel **-COOH** (carboxyle) et un groupe fonctionnel **>C=N-** (**imine**) qui est ensuite hydrolysé en ammoniacque et en acide α -cétonique : elle fait intervenir des coenzymes flaviniques (FAD).



b- La désamination non oxydative. Peut être de trois types :

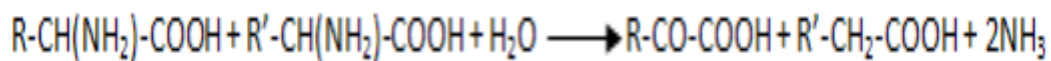
-**La désamination désaturante** produit l'ammoniacque et un acide insaturé (exemple : aspartate se transforme en fumarate).

-**La désamination par déshydratation** est particulière aux acides aminés hydroxylés (serine), elle est exclusivement microbienne. Il y a formation d'ammoniacque et d'un acide

cétonique. La dégradation de la cystéine se fait par une réaction voisine mais il y a libération de SH₂ (cystéine sulfhydrase).

-**La désamination réductive** consiste en une réduction de l'acide aminé en acide saturé correspondant, avec formation d'ammoniaque.

c- Désamination couplée (réaction de Stickland). Il s'agit d'une réaction d'oxydoréduction couplée entre deux acides aminés, l'un jouant le rôle d'accepteur d'hydrogène, l'autre de donneur :

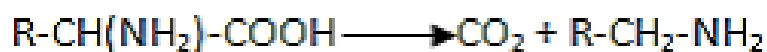


Elle est réalisée par un grand nombre de bactéries anaérobies strictes sporulées (*Clostridium* : elle fait intervenir un coenzyme à NAD. Les *Clostridium* qui ne réalisent pas cette réaction dégradent les acides aminés grâce à un processus catalytique de transamination proche de celui des animaux supérieurs.

Les acides issus de la désamination intègrent les voies du métabolisme glucidique : pyruvate (alanine, glycine, sérine, cystéine...), acétyl-CoA (leucine, isoleucine, lysine...), oxaloacétate (aspartate) ...

B- La décarboxylation

Les décarboxylases agissent sur les aminoacides pour former du CO₂ et une **amine** :



Cette réaction est effectuée par un grand nombre de microorganismes protéolytiques ou non. Les amines sont des composés nauséabonds, parfois toxiques (histamine).

La manière de dégrader un aminoacide est contrôlée en partie par le pH du milieu. Un milieu acide favorise la formation de décarboxylases alors que le milieu alcalin stimule celle de désaminases.

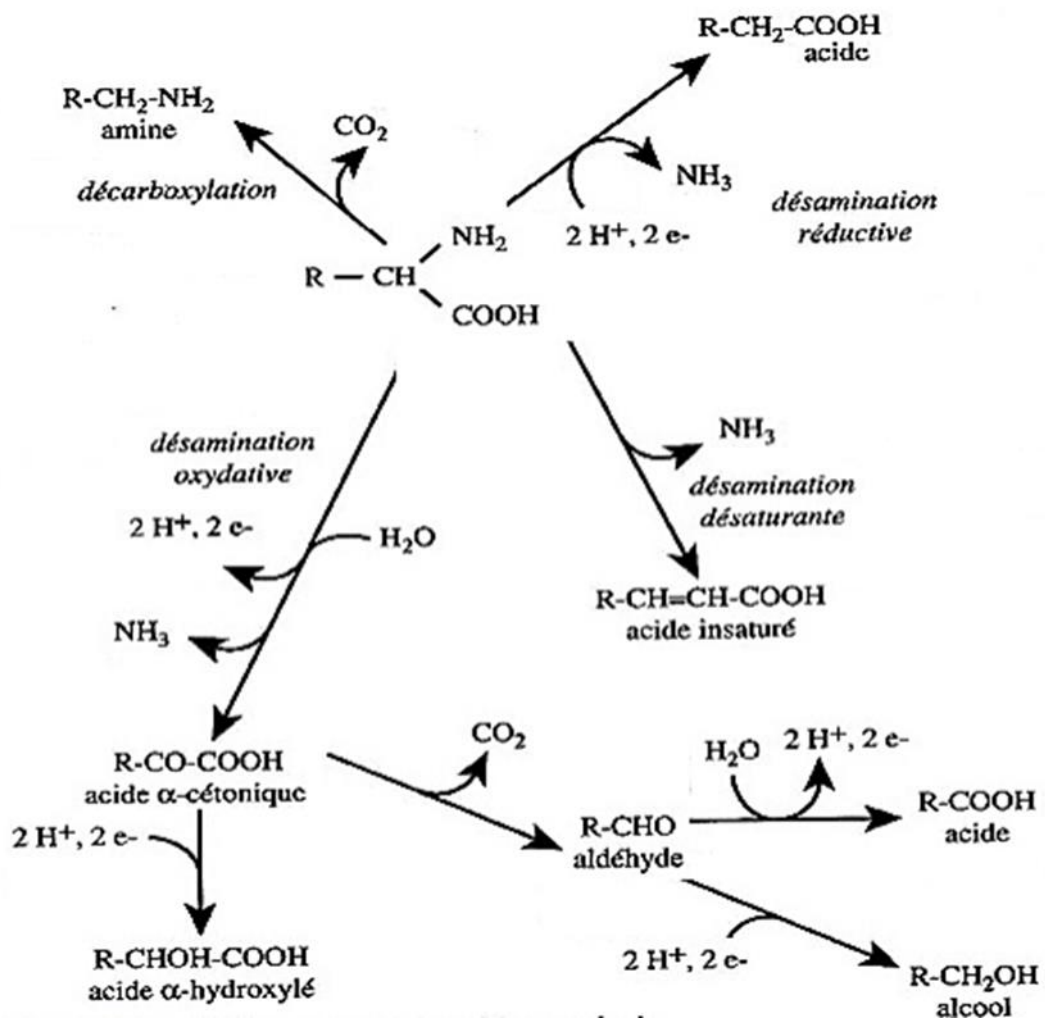


Figure 4. Dégradation des acides aminés

3- Dégradation des autres sucres que le glucose

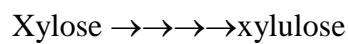
- Pentoses

La dégradation des pentoses a été très bien étudiée chez les **Entérobactéries** et les **Lactobacilles**.

Quel que soit le pentose métabolisé, sa dégradation aboutit à la formation de **D-xylulose-5P**, lequel est ensuite métabolisé soit par la **voie de l'hexose monophosphate** (cycle des pentoses) soit par celle des pentoses-phosphates (voie des bactéries hétérolactiques) avec intervention de la **phosphocétolase**.

Selon le pentose de départ, il y a intervention d'**isoméras**, **transcétolases** et **transaldolases**, avant d'aboutir au xylulose-5P.

L'assimilation du **xylose** chez les bactéries fait intervenir une isomérase :



Alors que chez les levures, il y a une étape intermédiaire :

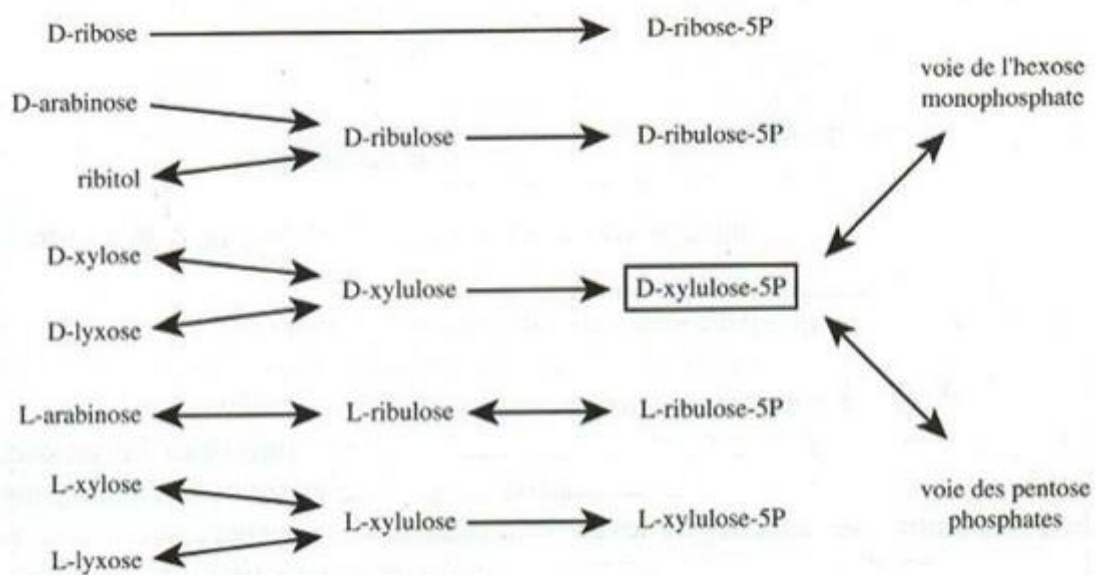


Figure 5. Schéma général du métabolisme des pentoses

- Fructose

Le fructose peut être soit oxydé en **5-céto-D-fructose** par la **D-fructose-NADP-5oxydo-réductase** (*Acetobacter cerinus*, bactérie aérobie stricte), soit phosphorylé en **fructose-1P** (*Escherichia coli*, *Zymomonas*, *Clostridium*) ou plus rarement en **fructose-6P**.

La première phosphorylation est suivie d'une seconde qui aboutit au fructose-1,6 diphosphate, celui-ci est ensuite dégradé par la voie de la glycolyse.

-Mannose

Le mannose peut être catabolisé par deux mécanismes différents : un mécanisme cyclique et un mécanisme non cyclique. Les deux mécanismes existent pour l'isomère D, alors que l'isomère L semble n'être catabolisé que par le mécanisme non cyclique.

Dans le mécanisme cyclique (*Aerobacter aerogenes*), le D-mannose est phosphorylé en mannose-6P, qui est ensuite transformé en fructose-6P (métabolisé ensuite par la glycolyse). La phosphorylation du mannose se fait par transfert du phosphate du glucose-6P au mannose. Le glucose 6P est ensuite régénéré soit par isomérisation du mannose-6P en fructose-6P, soit par phosphorylation directe du glucose, grâce à une **glucokinase**.

L'utilisation du L-mannose fait intervenir le mécanisme non cyclique. Le L-mannose est d'abord converti en **L-fructose** par une **isomérase**. Il y a ensuite phosphorylation du fructose en fructose-1P, lequel est coupé en **dihydroxyacétone-phosphate** et en **L-glycéraldéhyde**, dont la métabolisation s'effectue par la glycolyse.

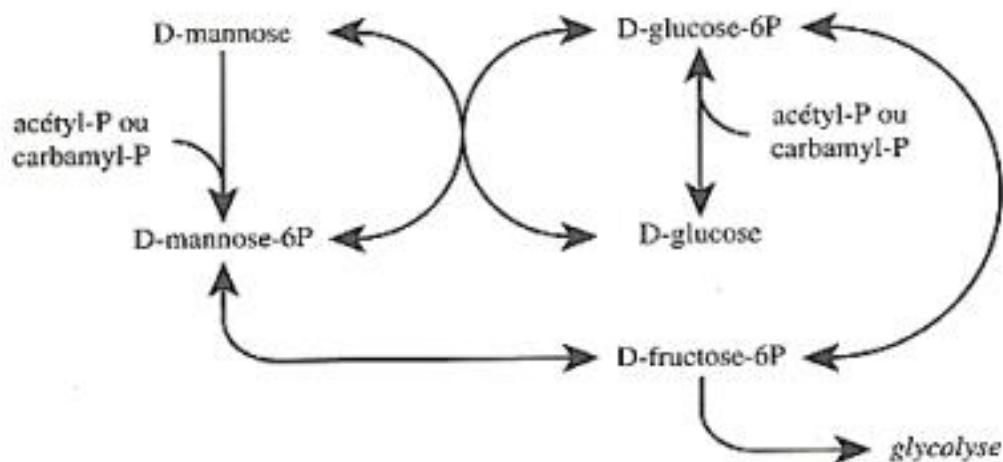


Figure 6. Métabolisme cyclique du manose

- Saccharose

Le saccharose est d'abord hydrolysé en **glucose** et **fructose** par *l'invertase* présente chez de nombreuses levures (*Candida utilis*, *Saccharomyces cerevisiae*...), de nombreuses moisissures (*Aspergillus niger*, *Penicillium chrysogenum*...) et de nombreuses bactéries (*Clostridium pasteurianum*, *Streptococcus*...). Le glucose et le fructose sont dégradés par les voies précédemment décrites.

Le saccharose est hydrolysé à l'extérieur de la cellule chez **les levures** et **moisissures**. Chez de nombreuses bactéries (**bactéries lactiques, *Bacillus subtilis***), le saccharose est transporté à l'intérieur de la cellule sous forme de saccharose-P et ensuite hydrolysé en glucose-6P et fructose. Chez diverses bactéries (*Bacillus subtilis, Zymomonas*), il existe en outre une levane saccharase qui contribue à la synthèse des levanes :



- Lactose et galactose

De nombreux microorganismes possèdent une β -galactosidase : des levures (***Kluyveromyces, Candida***...), des moisissures (*Aspergillus*...), des bactéries (*E. coli, Lactobacillus, Bacillus*...).

Après hydrolyse du lactose, le glucose formé est dégradé par l'une des voies précédemment décrites. Quant au galactose, il est dégradé, notamment chez les levures, par la voie de **Leloir-Kalchar**. Il est d'abord phosphorylé puis transformé en glucose-1P, métabolite directement utilisable par la cellule après isomérisation en glucose-6P. Les réactions d'isomérisation font intervenir l'uridine diphospho-glucose (UDPG) et l'uridine diphospho-galactose (UDP-Gal) :

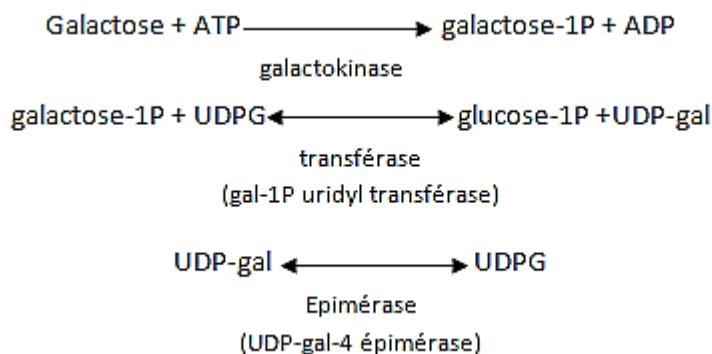
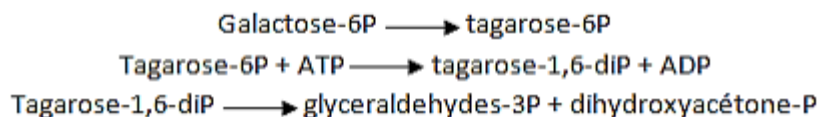


Figure 7. Métabolisme du galactose par la voie de Leloir

Chez *Escherichia coli*, le métabolisme du lactose dépend d'une perméase spécifique et utilise la voie de Leloir comme chez la levure.

Chez *Lactobacillus casei*, le lactose est phosphorylé par un système phosphotransférase en lactose-P qui est scindé dans la cellule en glucose et en galactose-6P ; la métabolisation a lieu par la voie du **tagarose** :

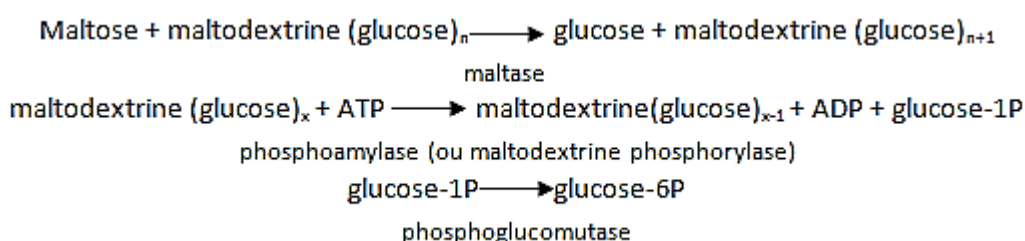


La voie du **tagarose** est également utilisée chez *Staphylococcus aureus* pour le métabolisme du lactose et du galactose.

- Maltose

Il est généralement hydrolysé en 2 molécules de glucose par une maltase (ou glucoamylase).

Chez *E. coli*, il est métabolisé avec intervention d'une transglycosylation :



4- Catabolisme des Alcools

-Dégradation du glycérol

Le catabolisme du glycérol a été étudié chez les Entérobactéries, les lactobacilles, les bactéries acétiques et chez *Clostridium butyricum*.

Le glycérol est dégradé, en particulier chez les bactéries acétiques, par deux voies (figure).

Acetobacter suboxydans, qui ne possède pas de cycle de Krebs, peut cependant métaboliser le glycérol. Cette bactérie est utilisée pour la production de dihydroxyacétone, intermédiaire de la dégradation du glycérol.

La dihydroxyacétone est employée comme agent tannant et en cosmétologie.

Les *Entérobactéries* catabolisent le glycérol en le transformant en dihydroxyacétone ou en glycéraldéhyde-3P, lesquels sont ensuite dégradés par la voie de la glycolyse.

Le processus est uniquement fermentaire.

Le catabolisme du glycérol chez *Escherichia coli* fait intervenir une **glycérol kinase** qui donne naissance à l' α -glycérophosphate, qui est encore transformé en dihydroxyacétone-phosphate.

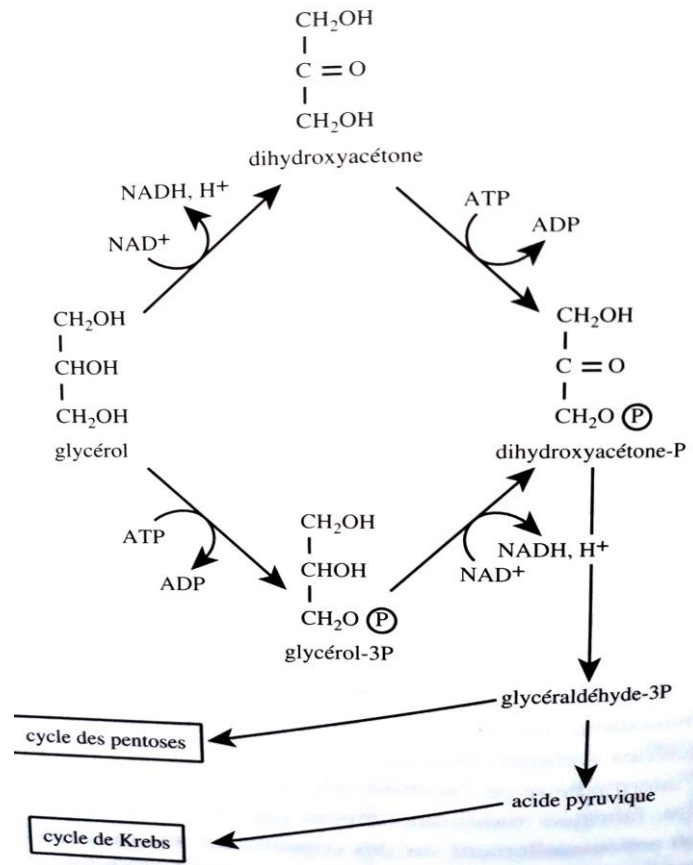


Figure 8 .catabolisme de Glycérol

- Dégradation de l'éthanol

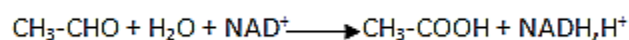
L'éthanol peut être dégradé totalement en CO_2 et H_2O comme chez certaines levures (*Brettanomyces*, *debaryomyces*, *Hansenula*, *Pichia*...) comme il peut être transformé en acide acétique (*Acetobacter*, *Gluconobacter*). Dans les deux cas, la première étape conduit à la formation d'acétaldéhyde :



Dans le cas des levures, l'acétaldéhyde est incorporé dans le cycle de Krebs par oxydation en acétyl-CoA.



Cette dégradation est aérobie. Dans le cas des bactéries acétiques, l'acétaldéhyde est transformé directement en acide acétique.



Cette fermentation (base de la fabrication du vinaigre) est aérobie. Certaines bactéries acétiques peuvent ensuite transformer l'acide acétique en CO_2 et H_2O par l'intermédiaire de l'acétyl-CoA.