

LE MICROBIOTE INTESTINAL DES ANIMAUX D'ÉLEVAGE : EXEMPLE CHEZ PORC

par Claire **ROGEL-GAILLARD**¹

La durabilité des systèmes d'élevage est une priorité qui requiert l'amélioration de la robustesse des animaux et de leur capacité d'adaptation à des environnements changeants. Dans ce contexte, les objectifs en élevage évoluent. Ils visent dorénavant, outre le maintien des performances acquises, une amélioration du bien-être, de l'efficacité alimentaire et des défenses immunitaires tout en réduisant l'usage des antibiotiques, ainsi qu'une réduction de l'émission de méthane.

Les différentes fonctions remplies par le microbiote digestif suggèrent un impact important sur les principaux caractères des animaux à étudier pour progresser vers ces nouveaux objectifs. Le microbiote assure la maturation du tissu intestinal et du système immunitaire mais aussi leur régulation au cours de la vie de l'animal, fonctions faisant écho aux objectifs relatifs à l'amélioration des défenses immunitaires. Il permet la digestion de certains aliments, produisant ainsi des nutriments et du gaz, fonction faisant écho aux objectifs relatifs à l'efficacité alimentaire et à l'émission de méthane. Enfin, l'existence d'un axe de communication microbiote-intestin-cerveau fait écho aux caractères relatifs au bien-être. Dans ce contexte, de nombreux travaux ont été engagés pour étudier les relations entre composition du microbiote digestif et caractères à améliorer chez les animaux d'élevage, afin d'identifier des microbiotes favorables et des solutions pour les orienter. Nous illustrerons ces recherches par des travaux conduits chez le porc. Nous nous appuierons, d'une part, sur les résultats du projet ANR Sus-Flora et, d'autre part, sur les informations apportées par le premier catalogue de gènes du microbiote intestinal publié chez le porc.

Dans le cadre du projet Sus-Flora, nous avons caractérisé la diversité du microbiote fécal pour 518 porcelets de race Large White âgés de 60 jours, par séquençage d'une région variable du gène bactérien codant l'ARNr 16S. Nous avons mis en évidence une prédominance des genres bactériens *Prevotella* puis *Oscillibacter*, *Dialister*, *Roseburia* et *Treponema*, avec une stabilisation de la composition du microbiote après 36 jours d'âge. Les animaux se séparent en deux groupes sur la base de la composition de leur microbiote intestinal, évoquant les entérotypes identifiés chez l'homme. Ces deux groupes sont dominés par les genres *Prevotella* ou *Ruminococcaceae*, et des études d'associations montrent que, dans nos conditions expérimentales, l'entérotipe dominé par le genre *Prevotella* améliore la croissance (gain moyen quotidien) et l'immunité (production d'immunoglobulines A lumineuses). Ces résultats confirment que le microbiote intestinal est un acteur de la variabilité individuelle des phénotypes.

Afin d'affiner la caractérisation de la composition du microbiote intestinal du porc, un premier catalogue de 7,7 millions de gènes a été établi, grâce à une collaboration internationale entre l'INRA, l'Université de Copenhague et le BGI-Shenzhen. Ce catalogue de gènes est issu du séquençage de l'ADN fécal de 287 porcs provenant de France, du Danemark et de Chine. Les fonctions biologiques les plus représentées couvrent des mécanismes liés à la réplication et réparation de l'ADN, au métabolisme des acides aminés et des glucides, et au transport membranaire. 96% des fonctions biologiques identifiées dans le microbiote intestinal de l'homme sont présentes dans celui du porc,

¹ INRA, UMR1313 Génétique Animale et Biologie Intégrative.

confirmant le potentiel offert par l'utilisation des porcs pour la recherche biomédicale. Inversement, seulement 78% des fonctions identifiées dans le catalogue des gènes du porc sont retrouvées chez l'homme, suggérant des fonctions additionnelles dans le système digestif du porc. Les résultats montrent que le sexe, l'âge et la génétique de l'hôte influencent vraisemblablement la composition du microbiote intestinal. Cette étude a mis en évidence la présence de gènes de résistance aux antibiotiques chez tous les individus mais en quantité significativement plus faible chez les porcs européens, confirmant l'efficacité d'éliminer l'usage des antibiotiques de l'alimentation animale pour réduire le risque de dissémination dans l'environnement de gènes de résistance aux antibiotiques. Le catalogue des gènes du microbiote intestinal est une ressource de référence majeure, dans la continuité des informations apportées par le séquençage du génome. Il permet dorénavant d'aborder finement les fonctionnalités de l'écosystème microbien digestif du porc, en lien avec les variations physiologiques de l'hôte.

Ces approches participent aux recherches en biologie prédictive chez le porc et plus généralement les animaux, et s'intègrent dans la perspective d'identifier de nouveaux leviers d'actions en élevage, complémentaires de ceux qui existent déjà.