



**HAL**  
open science

## Comment le microbiote pourrait améliorer la santé des vaches et des cochons - Interview CÉCILE THIBERT

Diego Morgavi, Claire Rogel Gaillard

### ► To cite this version:

Diego Morgavi, Claire Rogel Gaillard. Comment le microbiote pourrait améliorer la santé des vaches et des cochons - Interview CÉCILE THIBERT. Le Figaro, 2017. hal-02620759

**HAL Id: hal-02620759**

**<https://hal.inrae.fr/hal-02620759>**

Submitted on 25 May 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.

## SCIENCES

# Plongée dans la cité des bactéries intestinales

Au Salon de l'Agriculture, l'Inra met à l'honneur les bactéries, cruciales pour la santé humaine et animale.

CÉCILE THIBERT @CecileThibss  
JOUY-EN-JOSAS

**MICROBIOTE** On ne peut pas les toucher, ni les voir ou les entendre, mais c'est sans complexe qu'elles s'affichent aux côtés des habituels vœux, vaches, cochons. Pour la première fois, le Salon de l'agriculture, qui ouvre ses portes aujourd'hui à Paris, dédie un stand de 400 mètres carrés à des invités un peu particulières : les bactéries. A cette occasion, *Le Figaro* s'est rendu à l'Institut national de la recherche agronomique (Inra) de Jouy-en-Josas, en charge du stand, où plusieurs laboratoires sont dédiés à ces microbes.

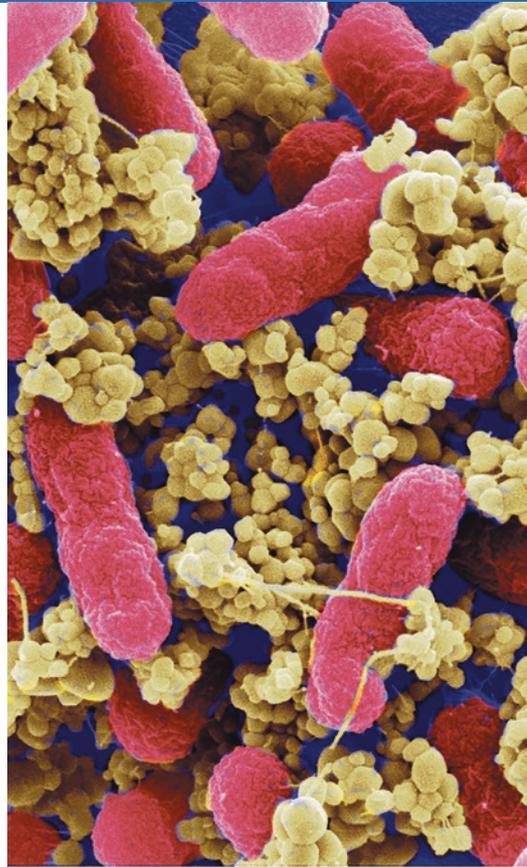
L'un d'eux, installé dans un bâtiment solitaire entouré de grands arbres, est connu sous le nom de MetaGenoPolis, « la cité de tous les gènes ». Ce centre de recherche unique au monde, lancé en 2012, s'est donné une mission de taille : identifier et comprendre le rôle des 100 000 milliards de bactéries installées dans nos intestins, plus connues sous le nom de « microbiote intestinal », et cela grâce à l'analyse de leurs gènes.

Sur le perron du laboratoire nous attendent les deux principaux instigateurs du projet, Dusko Ehrlich et Joël Doré. Respectivement chimiste et biologiste de formation, les deux hommes, aujourd'hui directeurs de recherche, sont tombés très tôt dans la marmite bactérienne. Force est de constater que les technologies balbutiantes de leurs débuts dans les années 1980 n'ont plus grand-chose à voir avec celles développées dans les années 2000. Désormais, place à l'ère de la métagenomique.

« Autrefois, nous dépendions de notre capacité à faire pousser des bactéries en laboratoire. Or la plupart des micro-organismes qui vivent dans nos intestins sont anaérobies, c'est-à-dire qu'ils sont sensibles à l'oxygène. Moins de la moitié de l'écosystème bactérien qui peuple nos in-

testins était alors prise en compte », nous explique Joël Doré, tandis que nous arpentons les couloirs du bâtiment où une quarantaine de chercheurs, techniciens et ingénieurs s'activent. « Grâce à la métagenomique, nous avons désormais accès à toute l'information génétique issue de ces bactéries, ce qui nous permet de savoir qui elles sont et combien elles sont », poursuit Joël Doré.

Comment les chercheurs obtiennent-ils ce microbiote ? À quoi ressemble-t-il ? Les deux scientifiques nous conduisent jusqu'à d'immenses congélateurs. « Nous recueillons et conservons dans des microtubes 7000 échantillons de selles par an, à -80 °C », explique Joël Doré. Ils proviennent principalement de personnes incluses dans des essais cliniques. » Constitués pour moitié de leur poids en bactéries, les matières fécales représentent l'unique façon de se faire une idée des microbes qui peuplent notre tube digestif. « Cette année, nous espérons inaugurer une biobanque pouvant contenir un million d'échantillons individuels. Nous sommes actuellement en discussion avec l'Assistance publique des Hôpitaux de Paris afin d'obtenir des



échantillons fécaux de leurs patients », confie le microbiologiste.

Les échantillons subissent ensuite une série de transformations qui conduisent au précieux code recelant les secrets de nos intestins : l'ADN de toutes les bacté-

ries. C'est en décryptant ces génomes, véritables étiquettes des espèces bactériennes, que les scientifiques de MetaGenoPolis parviennent à broser un portrait de famille de cette microscopique mais très abondante communauté.

## Une carte de France de la diversité microbienne des sols

Prenez une poignée de terre à deux mains et portez-la à vos yeux. Vous y apercevez sans doute quelques vers de terre, fourmis et cloportes. Mais vous ne pouvez y voir les 200 milliards de microbes qui grouillent. Longtemps méconnus, ces derniers jouent un rôle déterminant dans la croissance et la santé des plantes auprès desquelles ils vivent en association depuis plusieurs centaines de millions d'années. Des chercheurs de l'Inra ont récemment publié la première carte de France

de la biodiversité microbienne des sols. « Jusqu'à récemment, seules les propriétés physico-chimiques des sols étaient prises en compte. Désormais, grâce aux techniques moléculaires, nous pouvons également décrire les communautés microbiennes », explique Philippe Lemanceau, directeur de l'unité de recherche en agroécologie de l'Inra à Dijon. Qu'apportent ces nouvelles données ? « Nous les recoupons avec d'autres, le type de sols et de cultures, afin de faire un diagnostic de la qualité

biologique des sols. L'objectif est de proposer des actions favorisant la biodiversité et de faire des micro-organismes des alliés », répond le chercheur. Réduction de l'utilisation des pesticides et engrais, biofiltration de l'eau, les microbes influencent également le cycle du carbone et donc son stockage dans les sols, contribuant ainsi à la régulation du climat. Enfin, Les microbes du sol, producteurs naturels d'antibiotiques, ont également un rôle clé à jouer dans la santé de demain. C. T.

## Comment le microbiote pourrait améliorer la santé des vaches et des cochons

DEPUIS la naissance de l'élevage au néolithique (8 500 ans avant notre ère), l'homme a orienté le choix des animaux selon ses propres besoins. Les vaches qui faisaient le meilleur attelage étaient préférées, de même que les porcs qui produisaient le plus de suif. De nos jours, les éleveurs recherchent les animaux les plus « durables », c'est-à-dire ceux résistant le mieux aux maladies et présentant la meilleure croissance possible.

Ces dernières années, un nouveau levier d'intervention a fait son apparition dans les laboratoires de recherche en agronomie : le microbiote digestif des

animaux. Car comme chez l'homme, ce dernier est impliqué dans de nombreuses fonctions influant sur la santé, comme la digestion ou la maturation du système immunitaire.

### Quête de l'idéal

Depuis quelques mois, le premier catalogue de gènes du microbiote intestinal du porc est désormais disponible. Fruit du travail d'un consortium international impliquant l'Inra, il a permis d'identifier 7,7 millions de gènes. « En voyant tous les travaux menés sur le microbiote intestinal humain, nous avons eu l'idée de séquencer

le métagénome des microbes intestinaux du porc », raconte Claire Rogel-Gaillard, directrice de l'unité génétique animale et biologique intégrative à Jouy-en-Josas. Nous avons recueilli des échantillons fécaux de 287 animaux venant de France, de Chine et du Danemark. » Les résultats ont notamment montré que les porcs chinois avaient le plus de gènes de résistance aux antibiotiques. « Pour le moment, c'est très exploratoire, nous n'avons pas encore les marqueurs permettant d'identifier les microbiotes les plus favorables », explique Claire Rogel-Gaillard. Néanmoins, nous avons découvert que les porcs porteurs de certaines bactéries ont une croissance améliorée. »

À l'unité mixte de recherche sur les herbivores de l'Inra (Auvergne-Rhône-Alpes), les chercheurs s'intéressent au microbiote des vaches. Récemment, ils ont montré que l'ajout de lipides comme l'huile de lin dans leur alimentation permettait de faire chuter la production de méthane de 20 %. « Une vache laitière produit entre 500 et 600 litres de méthane par jour. Ce gaz à effet de serre est produit par des micro-organismes présents dans leur microbiote, les archées », explique Diego Morgavi, chercheur au sein de cette unité. Nous essayons de comprendre le rôle du microbiote dans la digestion et la place des archées méthanogènes dans ce processus, afin de diminuer la production de ce gaz d'une part, et d'améliorer la qualité du lait et de la viande d'autre part », conclut-il. ■ C. T.



Des cochons sur un stand du Salon de l'agriculture, vendredi à Paris. B. TESSIER/REUTERS

Vue en microscopie électronique à balayage des interactions entre nanoparticules alimentaires de dioxyde de titane et bactéries *Escherichia coli*. INRA

« Nous utilisons des séquenceurs, des robots perfectionnés capables de produire 50 millions de séquences génétiques par échantillon », explique Dusko Ehrlich. Dans une grande pièce à l'étage du bâtiment, un ingénieur introduit dans une machine une plaque de 2 cm creusée de millions de puits invisibles où sont déposés les fragments d'ADN. Au total, trois heures sont nécessaires pour analyser les 600 000 gènes d'un microbiote. A côté, les 23 000 gènes de l'ADN humain font pâle figure. « Nous parvenons à décoder 4 000 à 5 000 échantillons par an et projetons de passer à 10 000 l'année prochaine. Nous voudrions faire plus, mais il faudrait travailler nuit et jour, sourit le chercheur. La limite de ces technologies reste leur coût : 1 000 euros par analyse. »

Le petit échantillon d'excrément s'est désormais transformé en une montagne d'informations. Trois imposants serveurs informatiques, situés au détour d'un couloir, moulinent 40 gigaoctets de données chaque seconde. Derrière leurs or-

## À côté des 600 000 gènes d'un microbiote, les 23 000 gènes de l'ADN humain font pâle figure

dinateurs, près de vingt biostatisticiens les analysent afin de trouver des liens entre l'état de santé de la personne et ses microbes intestinaux. « Notre but est de développer des algorithmes qui pourraient permettre de personnaliser les traitements ou de diagnostiquer des maladies plus tôt ! », s'enthousiasme Dusko Ehrlich.

Pas un jour ne passe sans que l'on ne prête au microbiote intestinal de nouvelles vertus. Tantôt on le découvre coach de nos défenses immunitaires, tantôt on apprend qu'il communique abondamment avec notre cerveau, jouant ainsi un rôle dans le stress. Plus récemment, des travaux menés conjointement par l'Inra et par l'Institut national de la santé et de la recherche médicale (Inserm) ont montré que la bactérie *Faecalibacterium prausnitzii*, très abondante dans l'intestin des personnes en bonne santé, a des propriétés anti-inflammatoires et antidouleur. Une découverte qui pourrait permettre de soulager les personnes souffrant de maladies inflammatoires chroniques de l'intestin (Mici).

« La science du microbiote est très jeune, elle se développe si vite que les livres de biologie ne sont pas encore actualisés et que les enseignants ne sont pas formés », explique Dusko Ehrlich. « La grande majorité des médecins connaît très peu ce domaine, renchérit Joël Doré. Nous avons un gros travail d'information à faire. » ■

➤ Lire aussi PAGES 2, 3 ET 18

## ARTCURIAL



Expertises gratuites et confidentielles sur rendez-vous  
ART D'ASIE

Vente en préparation  
Clôture du catalogue: début mai

7 Rond-Point  
des Champs-Élysées  
75008 Paris

Contact:  
Qinghua Yin  
+33 (0)1 42 99 20 32  
qyin@artcurial.com

Expert: Philippe Delalande