



**HAL**  
open science

## Microbiote digestif des volailles

Irène Gabriel

► **To cite this version:**

Irène Gabriel. Microbiote digestif des volailles. Master. Master 2 DeQPA (Qualité et Environnement en Productions Animales), France. 2020, 95 diapo. hal-02790899v2

**HAL Id: hal-02790899**

**<https://hal.inrae.fr/hal-02790899v2>**

Submitted on 8 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.



# Microbiote digestif des volailles



**INRAE**

**Irène Gabriel**  
irene.gabriel@inrae.fr



Chercheur  
Equipe de rédaction de la revue  
INRAE Productions Animales



UMR BOA (Biologie des Oiseaux et Aviculture)  
INRAE Centre Val de Loire  
37 380 Nouzilly

*UE 10.2 Santé en élevage et sécurité sanitaire des produits ; Master 2 DeQPA  
Faculté des Sciences et Techniques, Université de Tours, 31/03/20*



La revue INRAE Productions Animales publie des **articles de synthèse** permettant la **mise à jour des connaissances** et des articles présentant des **résultats de recherche** avec leurs **applications possibles**, pour **toutes les espèces d'intérêt zootechnique** (herbivores, monogastriques et poissons).

Les articles sont **rédigés par des chercheurs INRAE** ou en collaboration avec eux et la revue publie occasionnellement des synthèses sur invitation.

Les **domaines étudiés** sont les suivants : nutrition et alimentation, génétique, physiologie, pathologie, techniques d'élevage, qualité des produits et économie des productions.

La revue publie régulièrement des **dossiers** sur des **sujets d'actualité** et/ou présentant des travaux de recherche.

## Politique d'accès libre

<https://productions-animales.org/>



INRAE Productions Animales permet un **accès libre et immédiat** à tous les articles publiés sur le principe que la mise à disposition des résultats scientifiques sous cette forme permet de mieux **partager la connaissance** et contribue à l'émergence d'un **monde meilleur**.





## Et le microbiote digestif ...



Gabriel, I., et al. (2005). La **microflore digestive** des volailles : facteurs de variation et conséquences pour l'animal. *Productions Animales* 18(5): 309-322.

Nicolas, J. L., et al. (2007). "What **alternatives to antibiotics** are conceivable for aquaculture?" *Productions Animales* 20(3): 253-258.

Gidenne, T., et al. (2008). **L'écosystème caecal** et la nutrition du lapin : interaction avec la santé digestive. *Productions Animales* 21(3): 239-249.

Montagne, L., et al. (2009). Comment favoriser par des voies nutritionnelles l'adaptation physiologique et **microbiologique** des porcelets au sevrage ? *Productions Animales* 22(1): 25-31.

Sadet-Bourgeteau, S. and V. Julliand (2012). La diversité de **l'écosystème microbien** de l'appareil digestif du cheval. *Inra Productions Animales* 25(5): 407-418.

Morgavi, D. P., et al. (2013). La **(méta)génomique microbienne** du rumen et ses applications à l'élevage des ruminants. *Inra Productions Animales* 26(4): 347-362.

Calenge, F., et al. (2014). Intégrer la caractérisation du **microbiote digestif** dans le phénotypage de l'animal de rente : vers un nouvel outil de maîtrise de la santé en élevage ?" *Inra Productions Animales* 27(3): 209-222.

# Problématique



Conditions optimales d'élevage

Pas de problème

Conditions sous-optimales d'élevage

Problèmes

2006 : Suppression des antibiotiques facteurs de croissance (AFC) en Europe

Après 2006 : sans AFC Matières premières utilisées dans les régimes

Ex: Interdiction des farines animales

K en excès avec les MP végétales

Ex : Introduction de nulle MP

Formulation (composition en nutriments)



Litières  
humides  
ET grasses

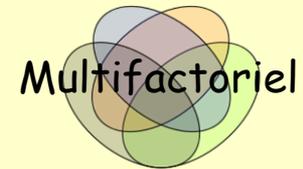
Augmentation des  
troubles digestifs  
non spécifiques



- ∨ Performances
- ∧ Variabilité des animaux
- ∨ Bien-être



# Hypothèses



## Facteurs de prédisposition

Génétique

Qualité du poussin

Étapes post-éclosion

## Facteurs déclencheurs

Facteurs environnementaux

Alimentation

Environnement d'élevage

BOITE  
NOIRE

Virus  
Autres microorganismes

Bactéries

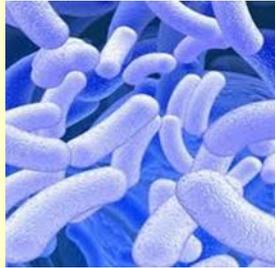
Métabolisme  
Système immunitaire

H1

- ↳ Qualité des litières (augm. eau) H2
- ↳ Performances de croissance (Absolue, Variabilité)

**H1** : Modification du microbiote bactérien à l'origine de ces TDnS

**H2** : L'augmentation de la teneur en eau des litières est liée à des troubles digestifs (≠ urinaire, environnementaux)



# Microbiote digestif des volailles

## 1. Microbiote digestif

1.1. Composition

1.2. Facteurs modulant le microbiote

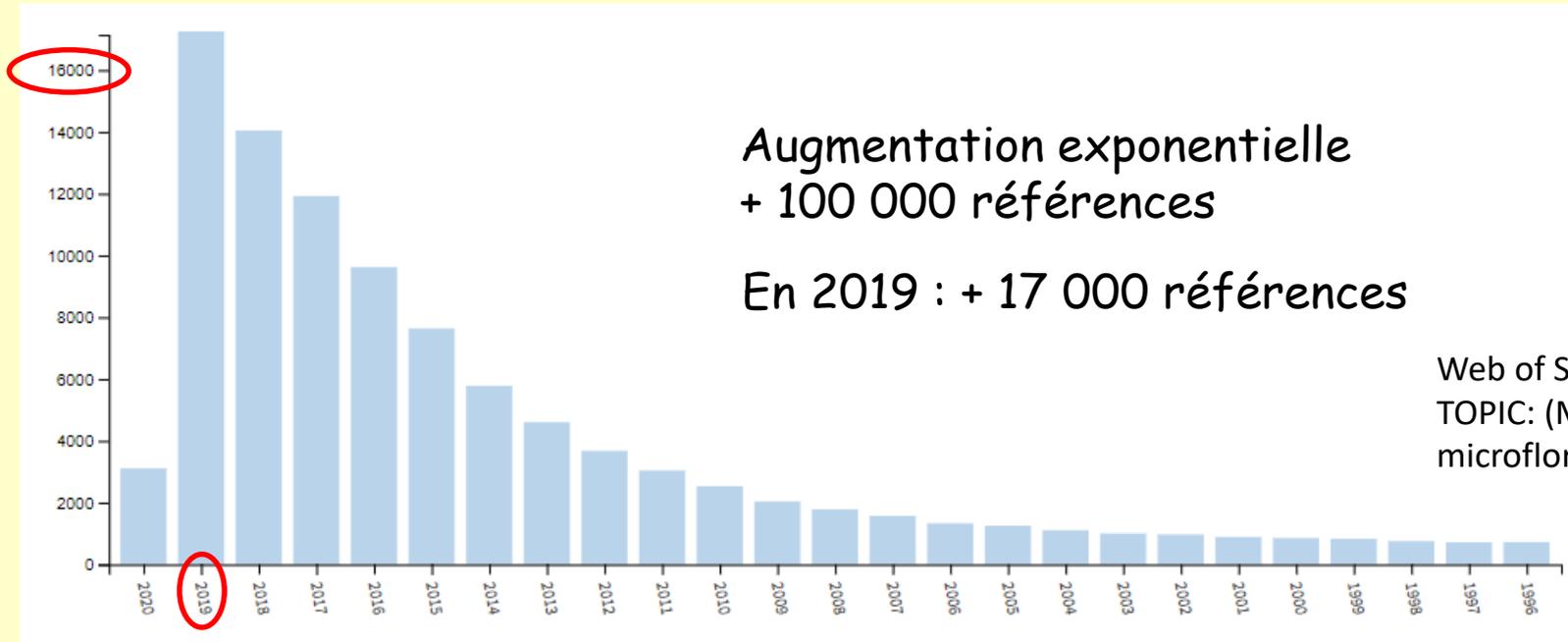
1.3. Effets du microbiote sur l'animal

1.4. Modes d'action du microbiote

## 2. Facteurs alimentaires pouvant moduler le microbiote digestif

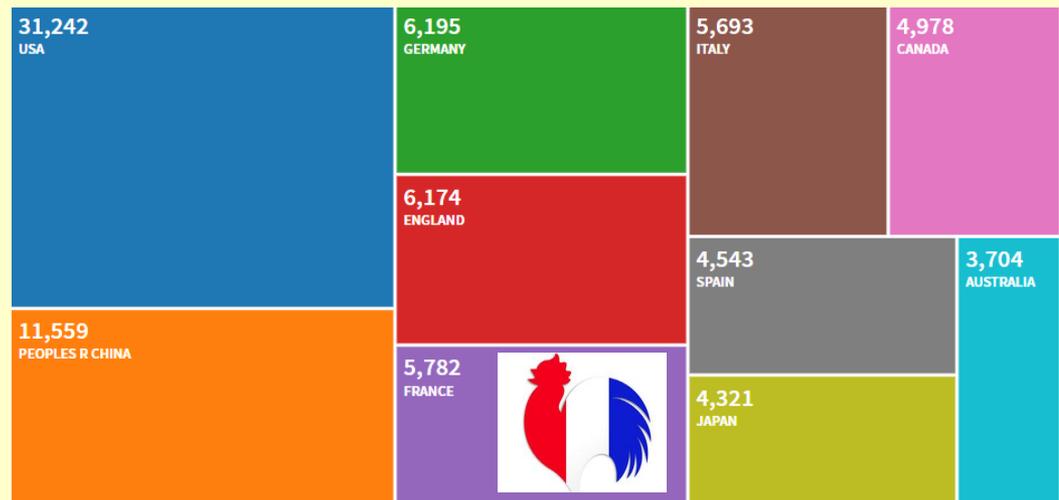
# Développement des travaux publiés sur le microbiote

## Tous les travaux sur le microbiote

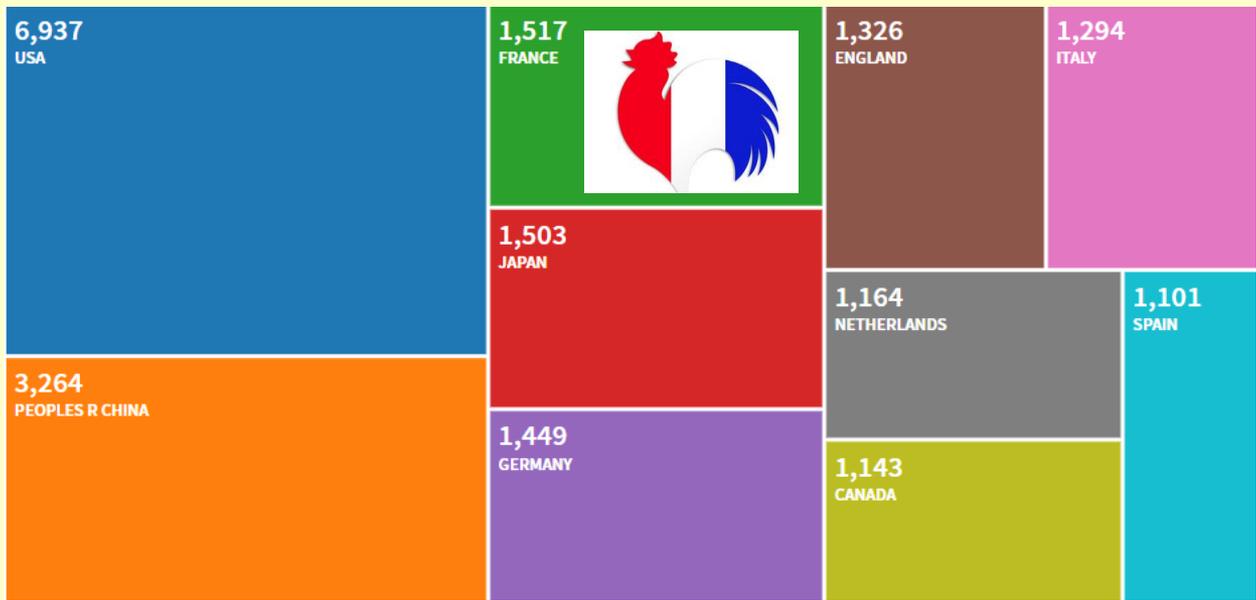
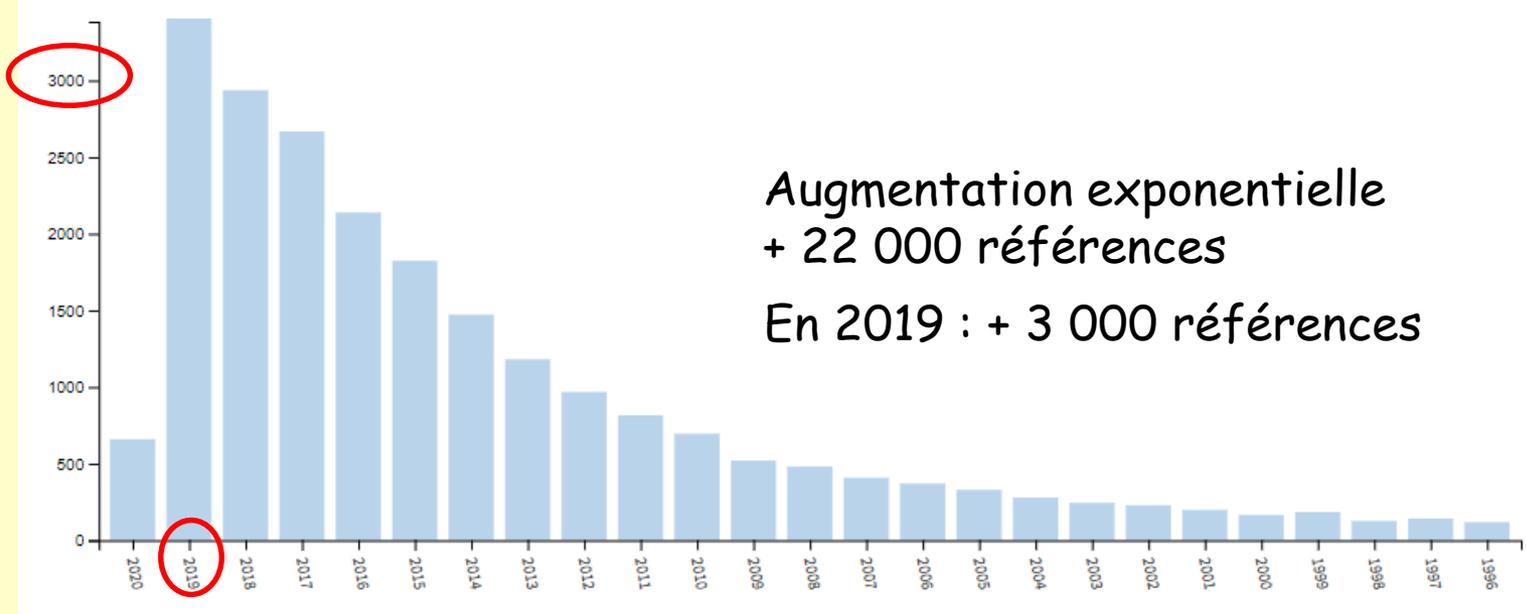


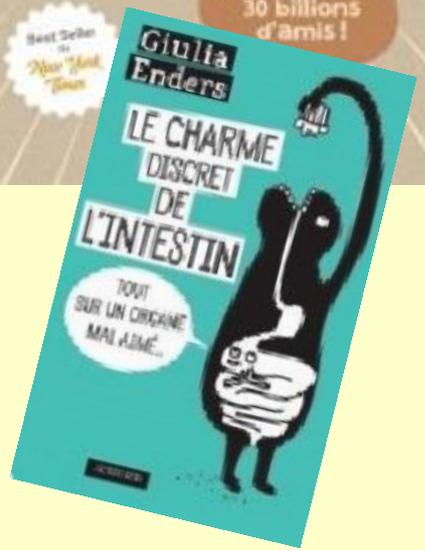
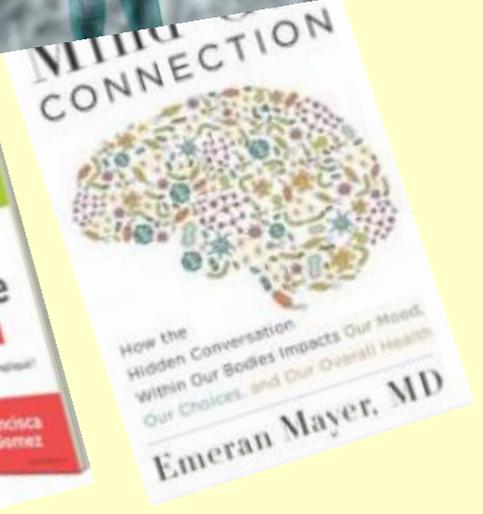
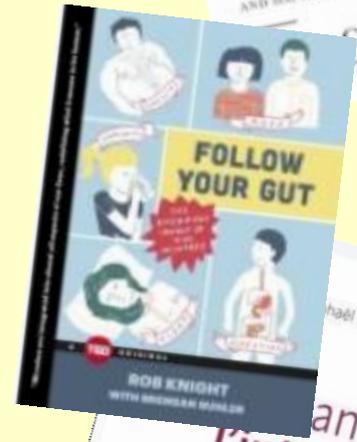
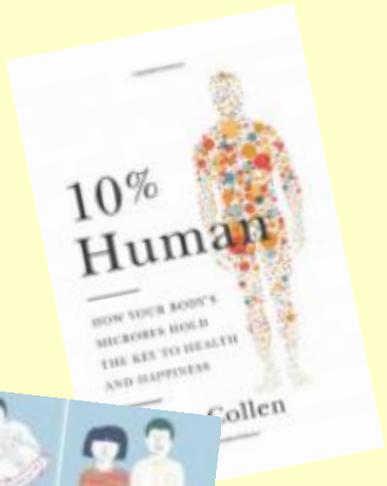
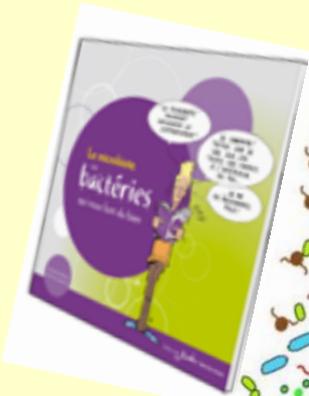
Web of Science (28/03/20)  
TOPIC: (Microbiota or  
microflora or microbiome)

Pays Union de pays	Habitants (million)
Europe (27)	446,8
France	67,8
USA	328,0
Canada	37,6
Chine	1 417,9
Australie	25,2

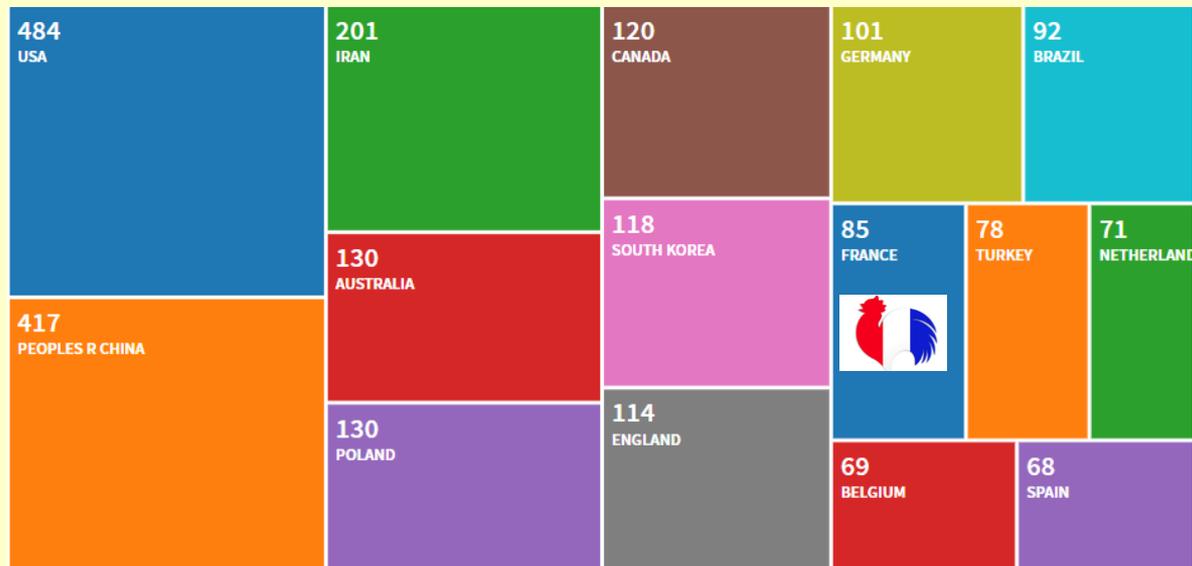
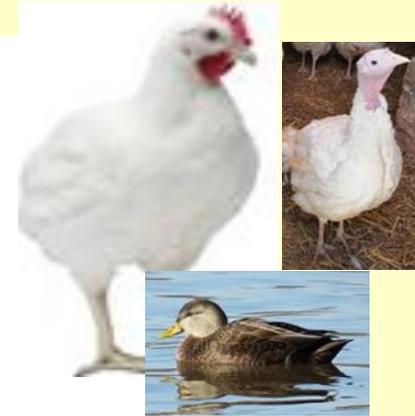
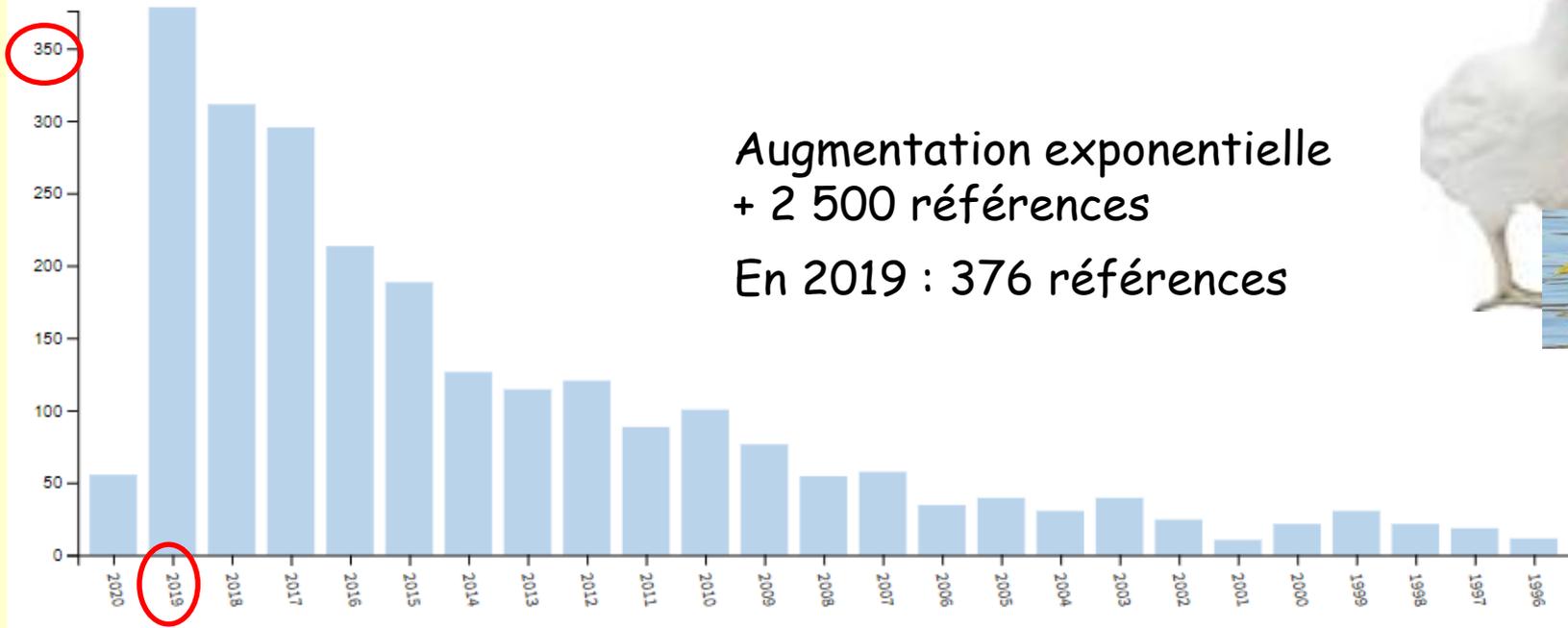


# Travaux sur le microbiote DIGESTIF chez l'HOMME / modèle MURIN



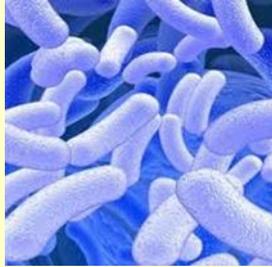


# Travaux sur le microbiote digestif chez les oiseaux dont VOLAILLES



# 1. Microbiote digestif

## 1.1. Composition du microbiote digestif des volailles



# Appareil digestif du poulet

Appareil digestif court → Temps de transit rapide  
Mouvements de rétroperistaltisme

Homme

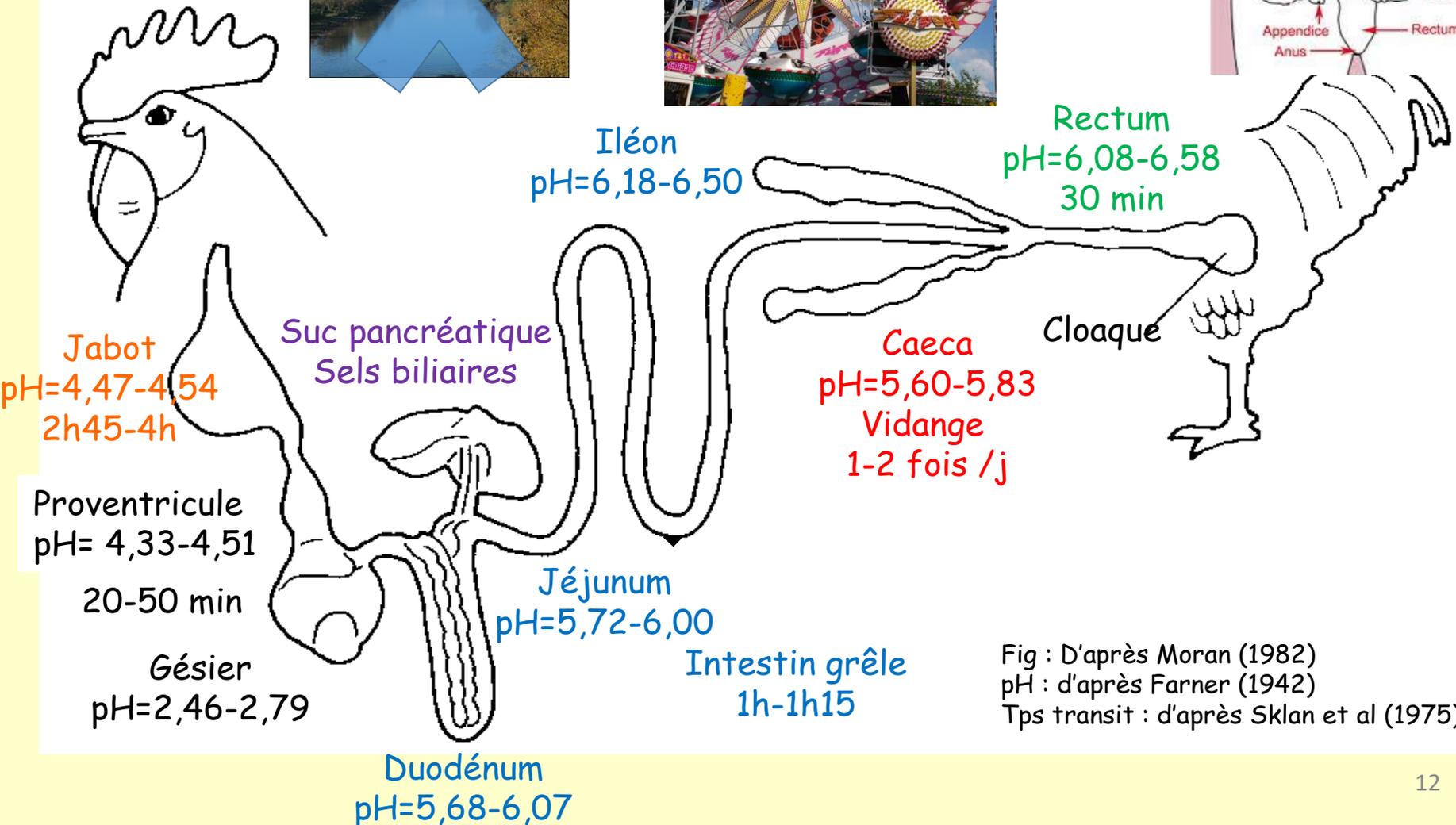
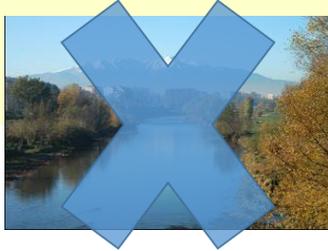
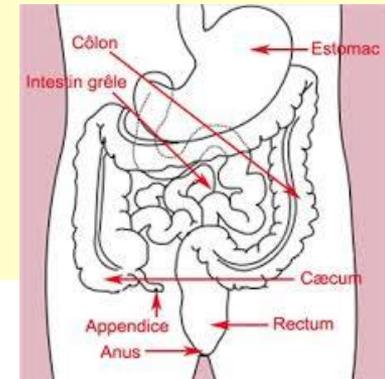
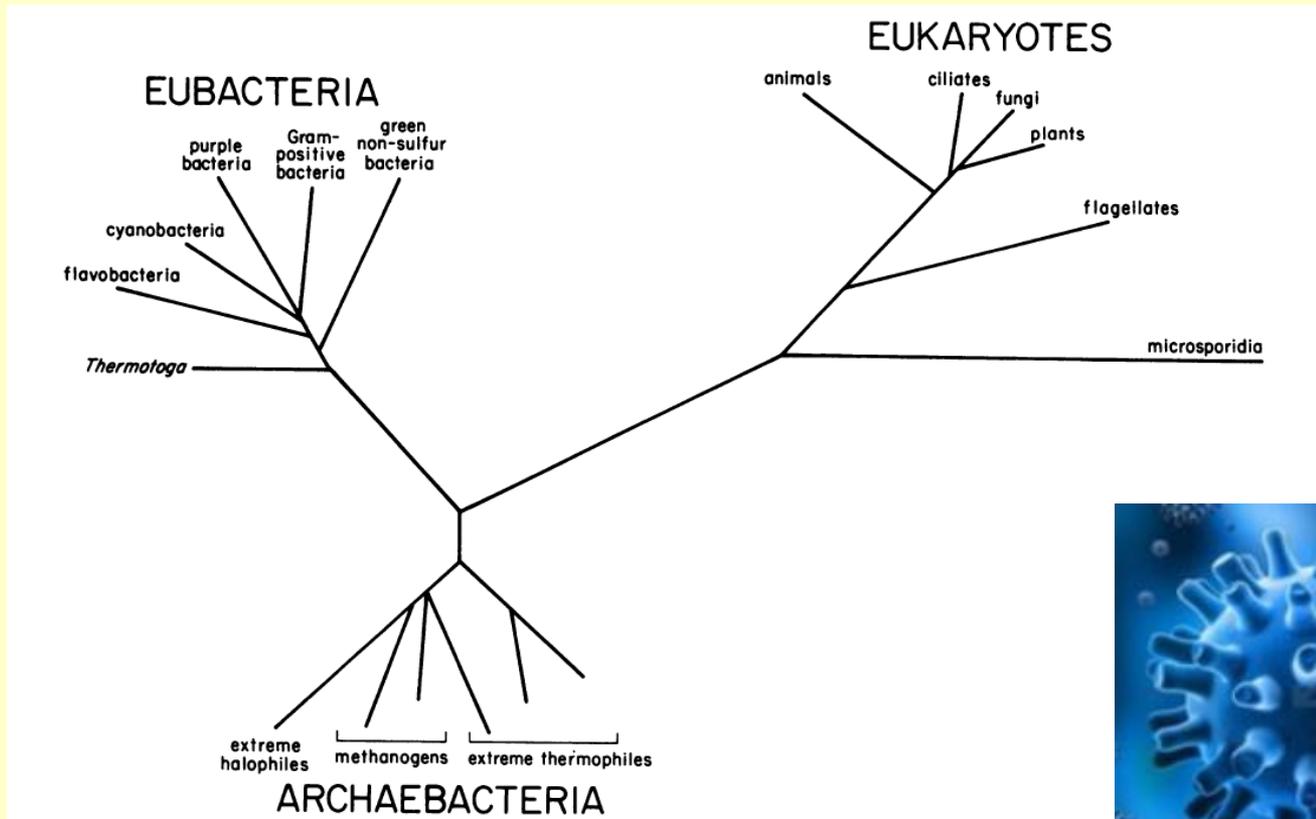


Fig : D'après Moran (1982)  
pH : d'après Farner (1942)  
Tps transit : d'après Sklan et al (1975)

# Les 3 domaines de la vie

Arbre phylogénétique universel déterminé à partir de comparaisons de séquences d'ARNr



Woese, 1987

# Organismes présents dans le TD des oiseaux

## Eucaryotes

### Cestodes

*Railletina* (intestin grêle)  
*Davainea* (duodénum)



### Nématodes

*Heterakis gallinarum* : petit ver nématode blanchâtre (caeca)  
 Capillaires (jabot, intestin grêle)  
*Acuarria* : *A. spiralis* et *A. nasata* (jabot, gésier)  
*Ascaridia galli*



*Heterakis gallinarum*



Capillaires



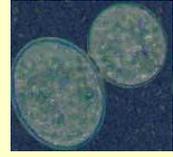
*Acuarria*



*Ascaridia galli*

### Protozoaires

Ex : Coccidies *Eimeria*

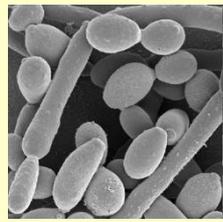


*Eimeria*

### Champignons

#### Levures

Ex : *Candida albicans*



*Candida albicans*

## Archées



*Methanobrevibacter*



## Procaryotes

### BACTERIES

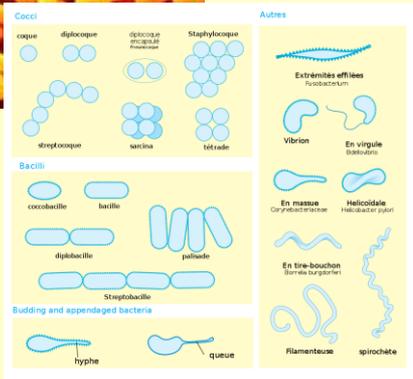
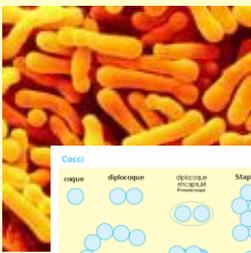
## Virus

$10^{10}$  /  $mm^3$  (Homme : Lepage, et al, 2008)

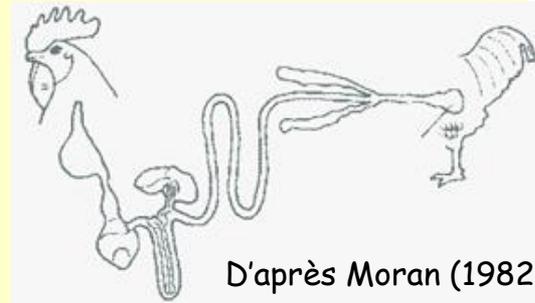
**Bactériophages** (Letarov et Kulikov, 2009; Reyes et al, 2012)



# Les microorganismes du TD des oiseaux



0,5 à 5  $\mu\text{m}$   
( $<0,2$  à  $500 \mu\text{m}$ )



D'après Moran (1982)

<https://fr.wikipedia.org/wiki/Bactérie>

## Intestin grêle

## Caeca

**Bactéries**

Archées

Eucaryotes

Virus

Kim et Mundt, 2011\*

92%

0,4%

4,2%

3,8%

Danzeisen et al, 2011

97,1%

2,1%

0,5%

0,3%

Sergeant et al, 2014\*\*

97,8%

0,04%

2,1%

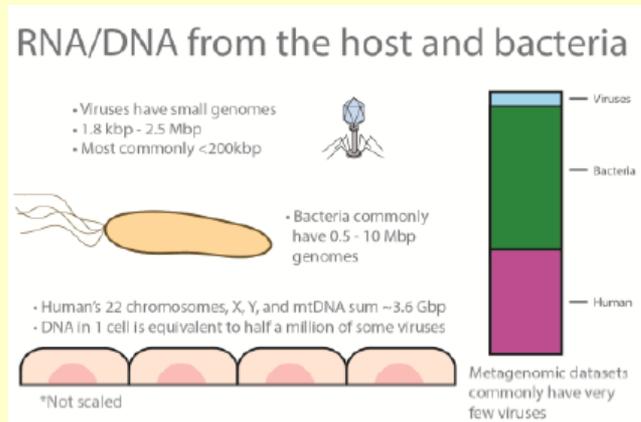
0,1%

\*50% de séquences assignées

\*\*47% de séquences assignées

## Proportions à relativiser (Taille des génomes)

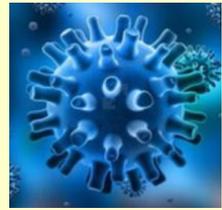
Garcia-Lopez R. et al (2019)



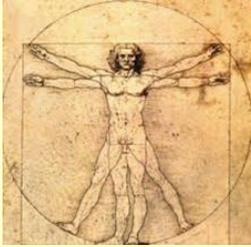
Whole genome sequence (WGS)

# Virus

# Virôme (Métagénome viral)



10 à 400 nm  
(... 1 000 nm)



Peu abondant : 0,1% des microorganismes

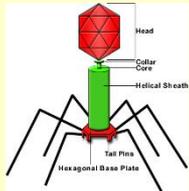
Essentiellement des **bactériophages** et des **inconnus**

## Bactériophages

## Relation Bactérie / Virus

Rq : Responsable du pouvoir pathogène de bactérie

Ex : Bactériophage CTX  $\phi$  : responsable du pouvoir pathogène de Vibrio cholerae (Toxine cholérique)

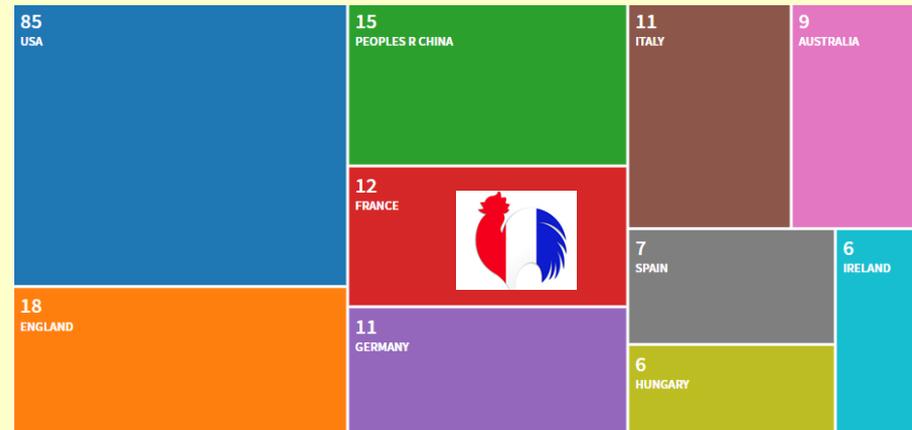
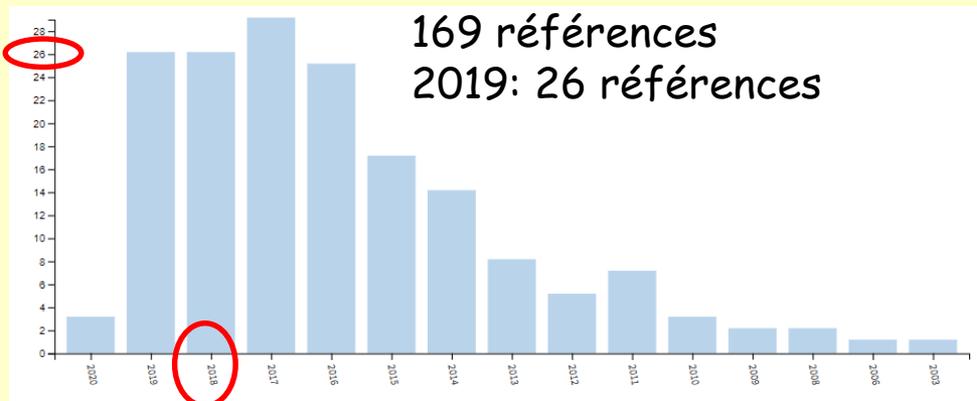


Proie / Prédateur

Impliqué dans la **régulation** du microbiote bactérien  
Pourrait porter des **fonctions bénéfiques** pour l'hôte

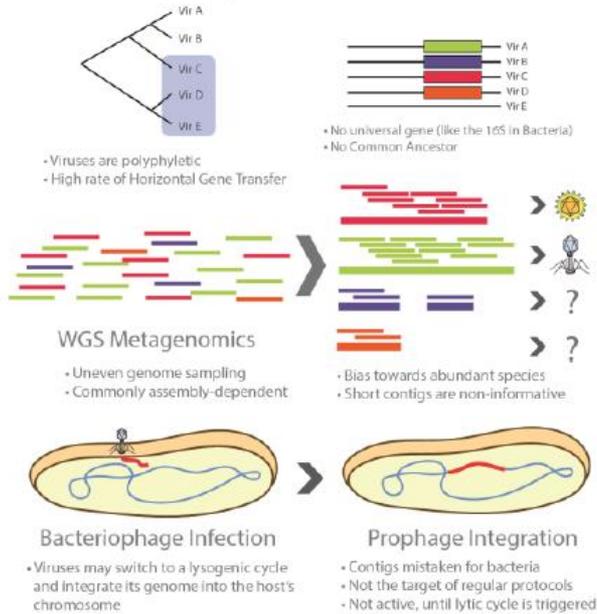
Bases de données très incomplètes

Sausset et al, 2020; Sumbria et al. (2019);  
De Sordi, L., et al. (2019)

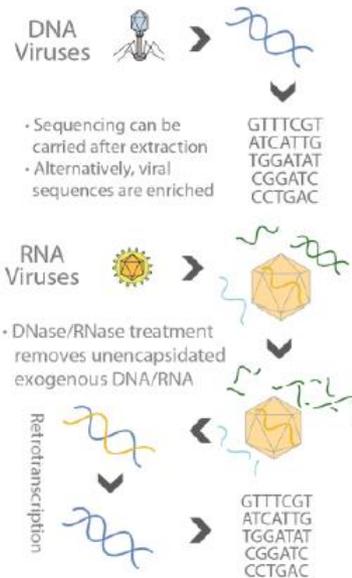


# Défis de l'étude du virome

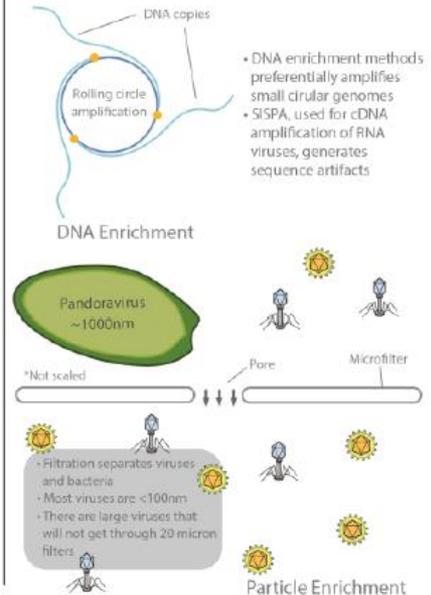
## 1) No universal gene exists, WGS required



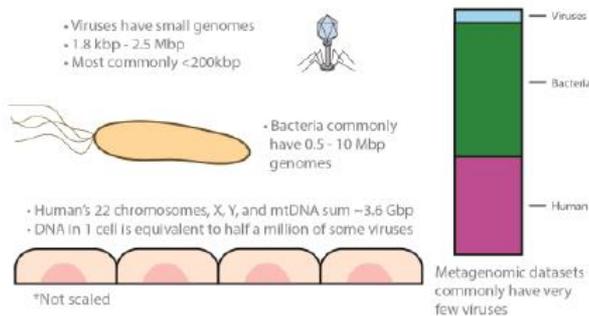
## 2) Viromics require DNA+RNA protocols



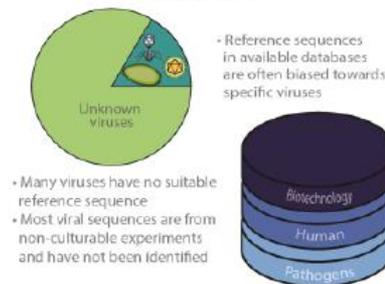
## 3) Experimental bias of enrichment methods



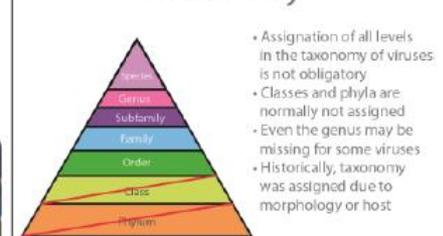
## 4) RNA/DNA from the host and bacteria



## 5) Uncharacterized viruses



## 6) Complex Taxonomy



# Virus

# Virôme (Métagénome viral)

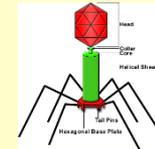


11 références  
La 1<sup>ère</sup> en 2011

Peu abondant :  
0,1-3,8% des microorganismes

Virus d'eucaryotes

## Bactériophages



Virus à ARN\* (RT-PCR), Virus à ADN (PCR)  
(Pantin-Jackwood et al, 2008; Poulet, Dinde)

Virus à ARN\* (pyroséquençage) (Day et al, 2010; Dinde)

\* Responsables de pathologies entériques et de maladies de production en aviculture

## Virus faisant partie du microbiote commensal



9 familles virales connues  
Un nouveau groupe de virus à ADN

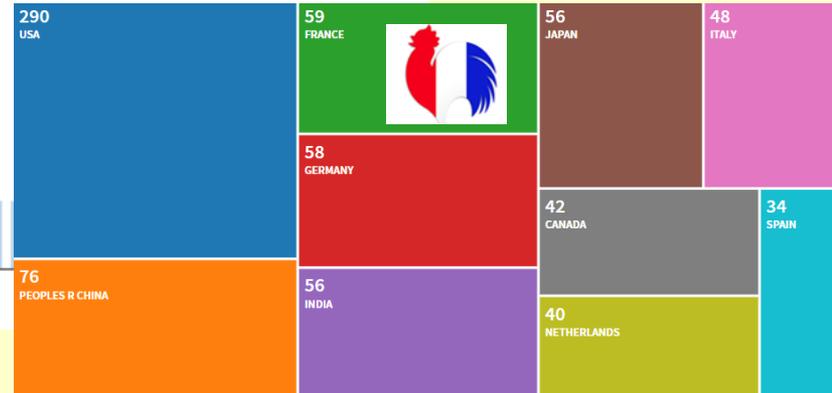
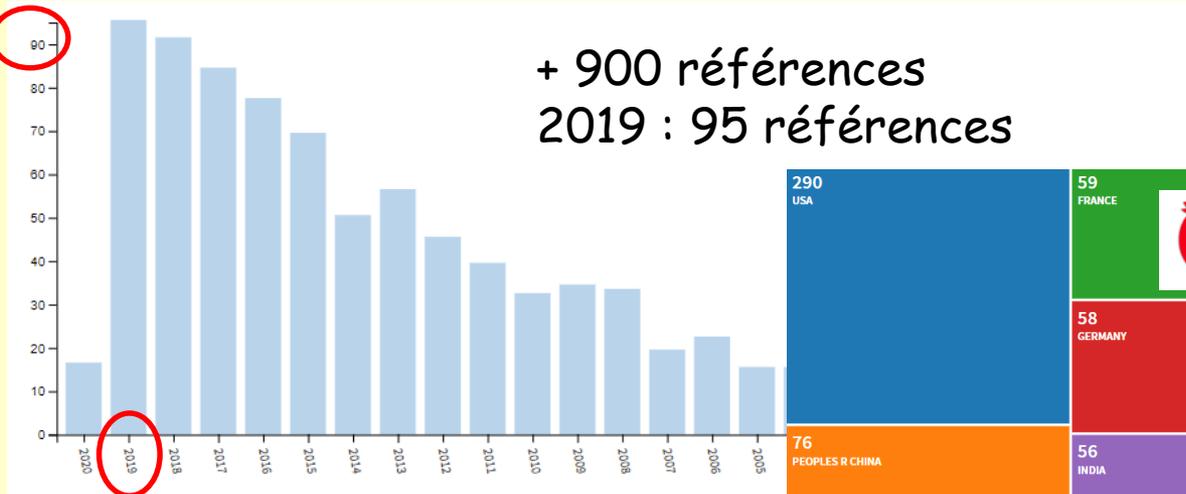
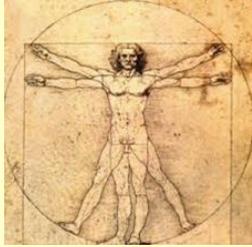
(Lima et al. 2017, 2019)



17-18 familles virales

(Zhao et al. 2018; Qiu et al. 2017,  
Fawaz et al. 2016)

# Champignons (Fungi) Mycobiome



## Quelques publications

Scupham, A. J., et al. 2007; Hume, M. E., et al. 2012;  
Lin, J., et al. 2013; Sokol, I., et al. 2017, 2018

Hume et al (2012)

Pyroséquencage ADNr 28S

23 espèces (2 sem) → 8 espèces (3 sem)



[http://ag.arizona.edu/PLP/alternaria/online/picture\\_library/alternaria/japonica/pages/2172002.htm](http://ag.arizona.edu/PLP/alternaria/online/picture_library/alternaria/japonica/pages/2172002.htm)

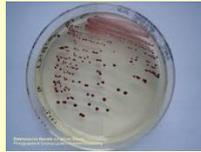


<http://extension.umaine.edu/ipm/ipddl/plant-disease-images/embellisia-pathogen-images/>



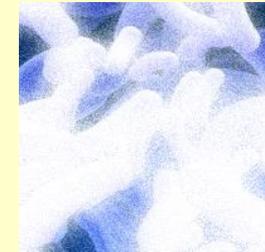
<http://mycota-crcc.mnhn.fr/site/espece.php?idE=102>

# Microbiote bactérien : Evolution des approches d'études

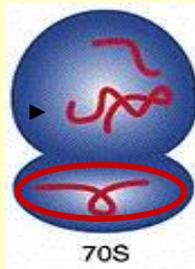


Approches  
culturales

Une grande majorité non facilement cultivable (70-90%)



Approches indépendantes de la culture  
Méthodes moléculaires basées sur un marqueur bactérien (ADNr 16S)



5S  
23S  
16S  
Méthodes qualitatives

Empreintes moléculaires (DGGE, SSCP, ...)

Méthodes quantitatives

Hybridation in situ par fluorescence (FISH)  
PCR quantitative

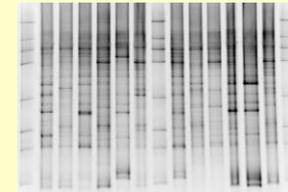


Image plus précise

+ Récemment : Séquençage à haut débit d'amplicons de l'ADNr 16S  
Pyroséquençage (Next Generation Sequencing, NGS)

Illumina MiSeq , HiSeq ...

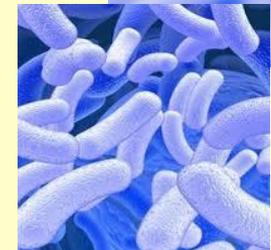
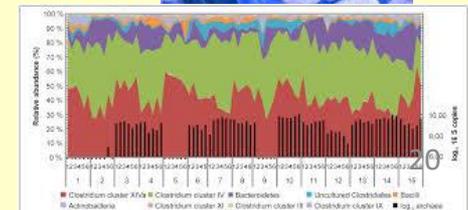
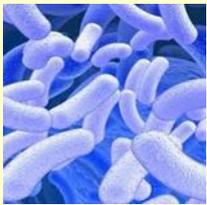


Image encore plus précise





# Microbiote bactérien digestif du poulet

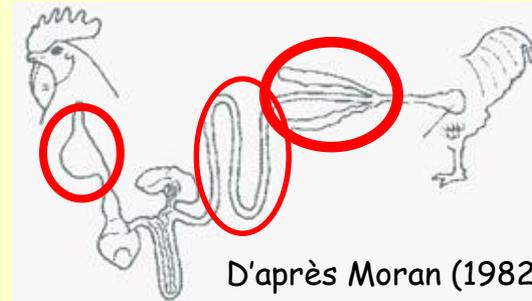


Contenus digestifs

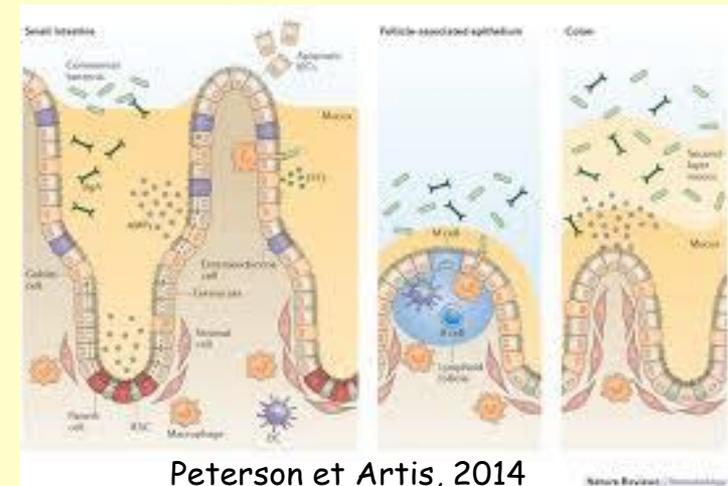
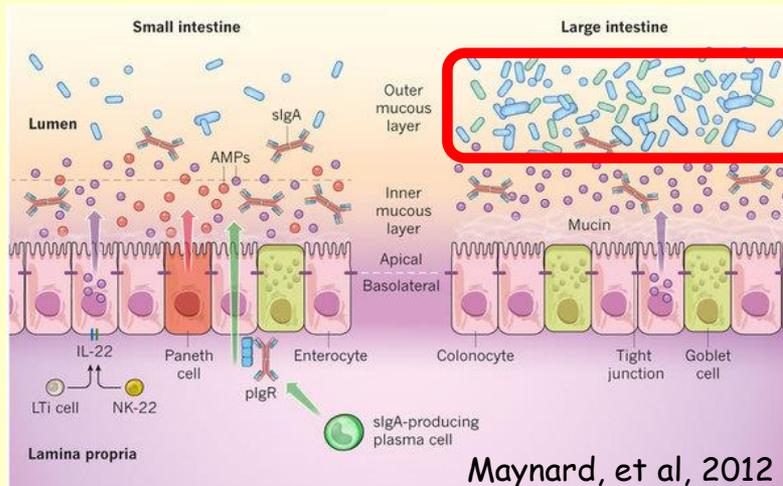
Le + étudié

Importance quantitative

1. Caeca
2. Jabot
3. Intestin grêle



Mucus digestif



Composition du microbiote du mucus

≠

Composition du microbiote des contenus

# Microbiote digestif le long du tractus gastrointestinal

Souche commerciale à croissance Rapide 3 sem

Contenus digestifs



Jabot

Proventricule

Principalement aérobie ou aérotolérant

$5.3 \times 10^{10}$  copies d'ADNr16S /g

*Lactobacillus*

Iléon

Rectum

Cloaque

Principalement anaérobie

Caeca

$7.4 \times 10^{12}$  copies d'ADNr16S /g

*Clostridium*

D'après Moran (1982)

$5.5 \times 10^{11}$  copies d'ADNr16S /g

*Lactobacillus*

Gésier

Jéjunum

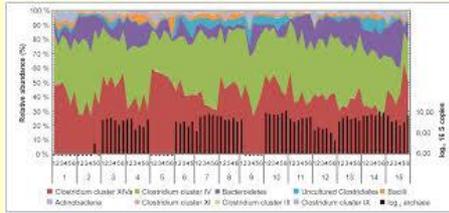
Duodénum

Guardia et al. (2011)

# Evolution du microbiote digestif avec l'âge (1)

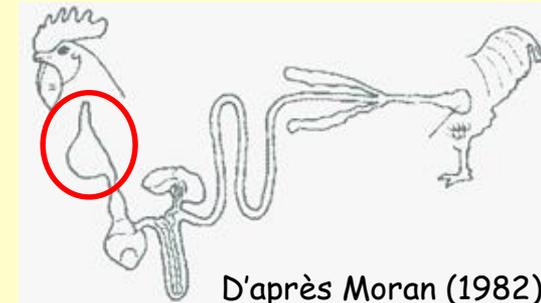
**Souche commerciale à croissance Rapide**

Abondance relative (%)  
(Séquençage 16S)



**JABOT**

Contenus digestifs



D'après Moran (1982)

Phylum	Famille	Age (j)					
		8	15	22	25	29	36
Firmicutes		97,4	97,8	98,3	98,3	98,4	97,4
	Lactobacillaceae	97,4	96,7	96,1	97,6	96,4	94,2
	Planococcaceae	ND	1,0	2,2	0,6	1,8	1,7
	Staphylococcaceae	ND	ND	0,1	0,02	0,1	1,1
Actinobacteria	Corynebacteriaceae	ND	ND	0,03	0,02	0,2	0,9

ND: non détectable

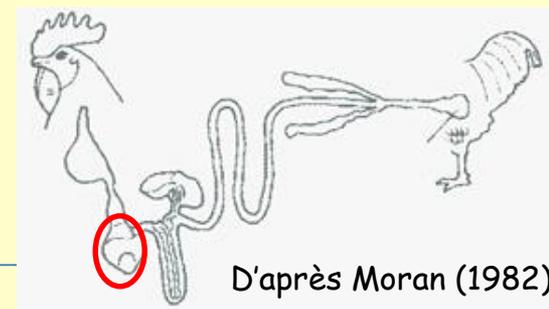
Ranjitkar et al (2016)

# Evolution du microbiote digestif avec l'âge (2)

Abondance relative (%)

**GESIER**

Contenus digestifs



Phylum	Famille	Age (j)					
		8	15	22	25	29	36
Firmicutes		88,9	98,1	91,1	90,0	88,9	86,9
	Lactobacillaceae	64,2	86,5	63,8	62,3	60,9	58,4
	Lachnospiraceae	10,3	2,7	5,5	4,8	4,3	2,3
	Ruminococcaceae	9,3	3,8	6,2	8,8	8,7	4,7
	Enterococcaceae	2,8	0,1	1,3	1,3	0,8	1,2
	Clostridiaceae	0,6	1,3	1,3	1,4	2,5	3,3
	Planococcaceae	0,01	3,4	11,4	9,3	9,5	9,5
	Staphylococcaceae	ND	ND	0,2	0,4	0,8	4,8
Proteobacteria		10,6	1,4	5,7	4,8	3,4	2,4
Bacteroidetes		0,2	0,4	1,3	2,4	3,2	0,8
Actinobacteria		0,2	0,1	1,4	1,3	2,9	9,5
Tenericutes		0,1	0,1	0,4	1,3	1,1	0,3

ND: non détectable

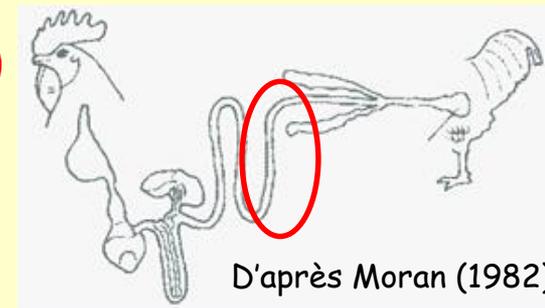
Ranjitkar et al (2016)

# Evolution du microbiote digestif avec l'âge (3)

Abondance relative (%)

ILEON

Contenus digestifs



Phylum	Famille	Age (j)					
		8	15	22	25	29	36
Firmicutes		97,7	93,8	97,4	97,1	96,4	97,2
	Lactobacillaceae	61,3	65,9	72,6	73,3	67,3	67,7
	Enterococcaceae	25,3	0,6	2,2	2,4	1,8	0,9
	Lachnospiraceae	6,1	11,3	3,5	1,4	1,6	2,3
	Clostridiaceae	4,7	16,7	11,7	12,0	18,4	19,3
	Ruminococcaceae	2,0	3,1	1,7	1,3	2,4	1,3
	Streptococcaceae	1,2	0,1	0,7	1,7	2,5	4,7
	Planococcaceae	0,0	1,5	6,2	5,1	3,2	1,5
Proteobacteria		2,2	5,4	0,6	1,0	1,0	0,6
Actinobacteria		0,1	0,02	1,4	1,1	1,1	1,7

ND: non détectable

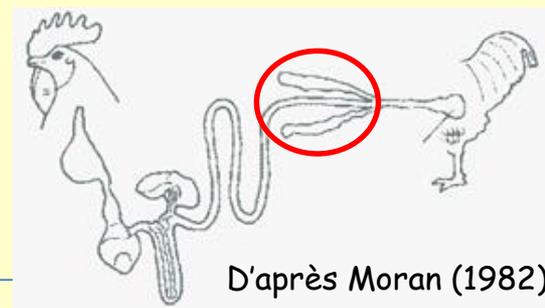
Ranjitkar et al (2016)

# Evolution du microbiote digestif avec l'âge (4)

Abondance relative (%)

CAECA

Contenus digestifs



Phylum	Famille	Age (j)					
		8	15	22	25	29	36
Firmicutes		93,4	96,3	71,6	70,1	57,5	75,4
	Lachnospiraceae	39,1	35,0	27,3	20,1	19,5	22,7
	Ruminococcaceae	29,5	43,9	32,5	37,6	28,4	36,1
	Lactobacillaceae	17,5	7,8	3,1	3,1	2,2	3,3
	Streptococcaceae	2,7	0,01	0,3	0,4	0,7	1,5
	Erysipelotrichaceae	2,01	1,1	1,7	1,8	1,5	3,2
	Enterococcaceae	1,7	0,1	0,1	0,04	ND	0,02
	Clostridiaceae	0,7	5,7	4,3	4,3	3,1	4,8
	Catabacteriaceae	ND	ND	0,4	0,6	0,4	1,2
	Oscillospiraceae	ND	ND	0,8	0,4	0,2	1,0
	Peptostreptococcaceae	ND	2,1	0,6	0,8	0,7	0,3
Proteobacteria		6,3	0,6	0,2	0,7	0,2	0,2
Bacteroidetes		0,1	1,8	23,6	21,2	35,7	20,2
Tenericutes		0,1	1,1	4,3	7,7	6,3	3,7

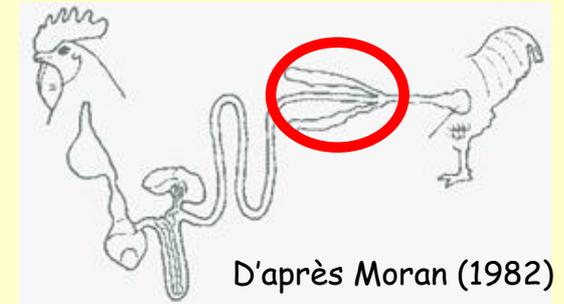
ND: non détectable

Ranjitkar et al (2016)

# Caractéristiques de la composition du microbiote digestif du poulet (1)

## Un grand nombre

Principalement dans les **caeca**

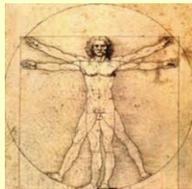


Estimation (Ross, 3 semaines) :  $7,7 \times 10^{12}$  bactéries

Danzeisen *et al.*, 2011; Nordentoft *et al.*, 2011; Stanley *et al.*, 2012; Wei *et al.*, 2013; Sergeant *et al.*, 2014; Witzig *et al.*, 2015; Mon *et al.*, 2015

### Homme

Ex : Homme de 70 kg



$3.8 \times 10^{13}$  cellules procaryote  
(0.2 kg, 0.3%)

Rq :  $3.0 \times 10^{13}$  cellules humaines

Microbiote digestif de l'Homme : 150 fois plus de gènes  
que le génome de l'Homme

Qin J *et al.* (2010); Sender R *et al.* (2016)

# Caractéristiques de la composition du microbiote digestif du poulet (2)

## Très grande diversité



Σ Différentes études → + 900 OTU (Wei et al, 2013)

OTU: Operational Taxonomique Unit

Approche métagénomique : + 30 000 OTU (Gao et al, 2017)

≈ 9-14 000 OTU / individus

8-10 000 espèces / individus

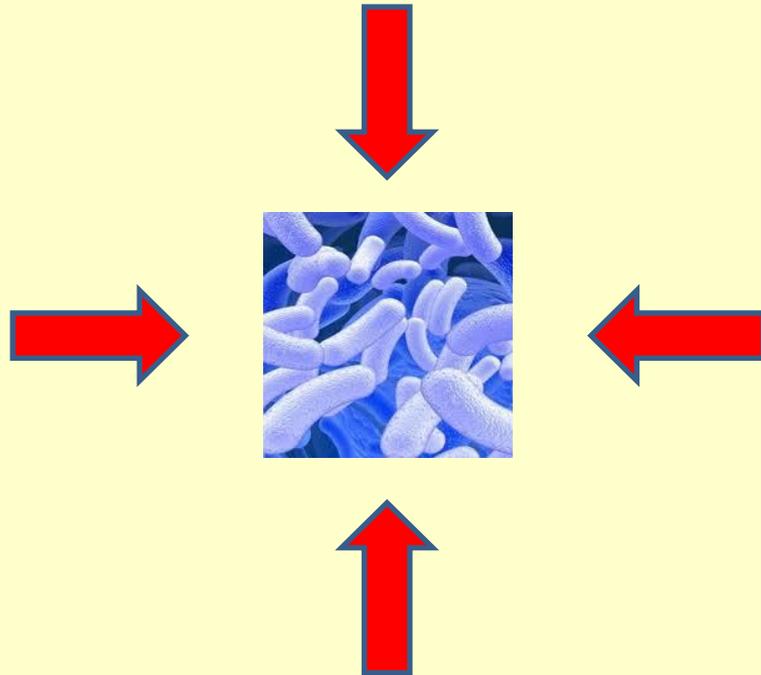
Variabilité  
individuelle  
importante

Rq: Malgré cette grande diversité, seuls **certains phyla\*** sont bien représentés (Principalement **Firmicutes**; Bacteroidetes, Proteobacteria)  
→ **Forte sélection d'espèces** adaptées aux **environnements digestifs**

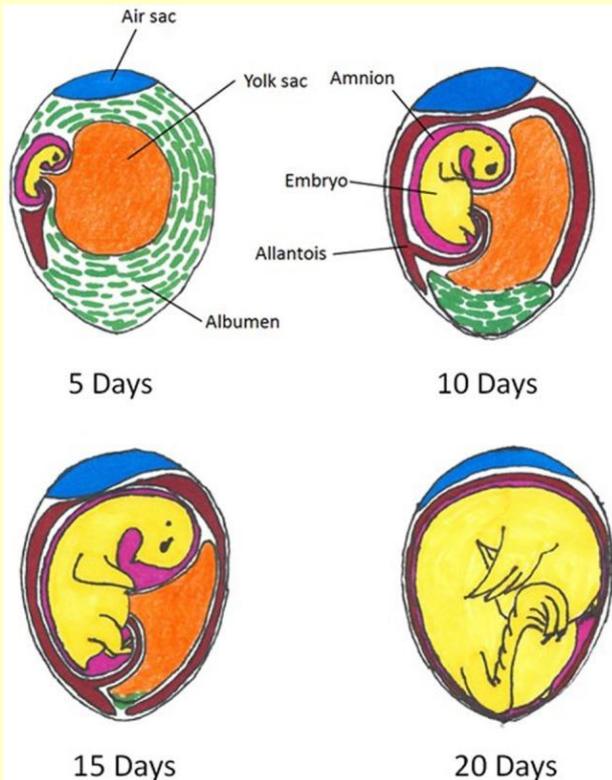
\* Actuellement : 30 phyla dans le domaine Bacteria  
(List of Prokaryotic names with Standing in Nomenclature (LPSN))

# 1. Microbiote digestif

## 1.2. Facteurs modulant le microbiote



# Facteurs modulant le microbiote (1)



Roto et al (2016)

Microbiote dans l'appareil digestif de l'embryon ?

Idee générale habituelle

Embryon  
stérile

Animaux  
axéniques

Présence de bactéries

Binek et al (2000); Kizerwetter-Swida et Binek (2008)  
Pedroso (2009); Pedroso et al (2016)

Présence d'ADN bactériens

Bohorquez (2010); **Pedroso et al (2016)**  
Ilina et al (2016); Ding J et al (2017)



→ Controverse

**Quantités faibles :** Groupe bactérien le plus important  
*Enterococcus* sp. :  $1,3 \times 10^5$  UFC / g  
dans le contenu caecal d'embryons de 20 jours  
(Kizerwetter-Swida et Binek, 2008)

**Diversité non négligeable :** Bohorquez (2010); Pedroso et al (2016),  
Ilina et al (2016); Ding J et al (2017)

# Facteurs modulant le microbiote (2)

- Environnement des 1<sup>er</sup> jours : Contact avec les premières bactéries

Eclosoir, coquilles d'œufs

Manipulations humaines

Boîtes de transport

Aliment / Eau des premiers jours

Litière

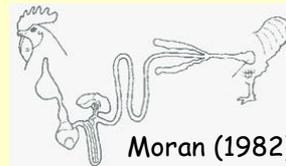
- Age :

Augmentation quantitative

Augmentation de la complexité



- Segments digestifs



# Facteurs modulant le microbiote (3)



- Matières premières de l'aliment (Glucides (Fibres), lipides, protéines, minéraux, oligominéraux, vitamines, ANF)
- Structure de l'aliment / Traitements technologiques
- Anticoccidiens
- Additifs alimentaires (Antibiotiques, alternatives aux AFC)
- Eau



- Environnement d'élevage

Densité d'élevage

Type de litière

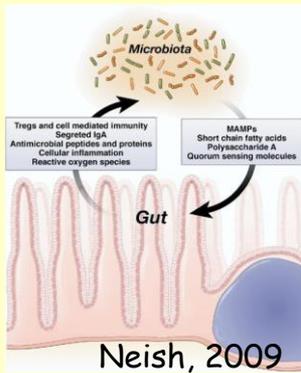
Température

Programme lumineux



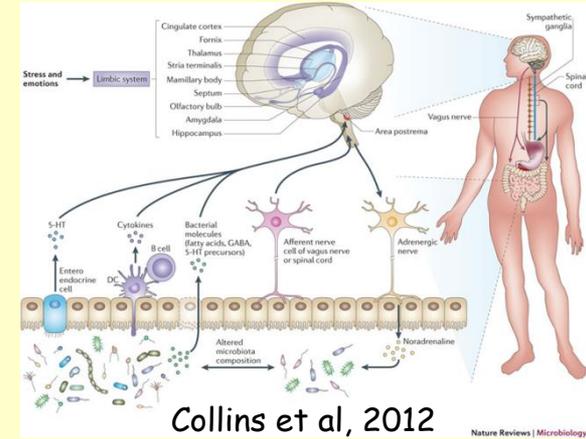
# Facteurs modulant le microbiote (4)

- Système immunitaire



- Système nerveux

Interactions  
Microbiote  
Intestin  
Cerveau



- Génétique de l'hôte



Gènes impliqués  
dans l'immunité



INRA  
SCIENCE & IMPACT

# Facteurs intrinsèques et extrinsèques modulant le microbiote

Eau

Environnement:

- Densité d'élevage
- Température
- Type de litière

Microbiote de l'embryon ?

Age

Système immunitaire

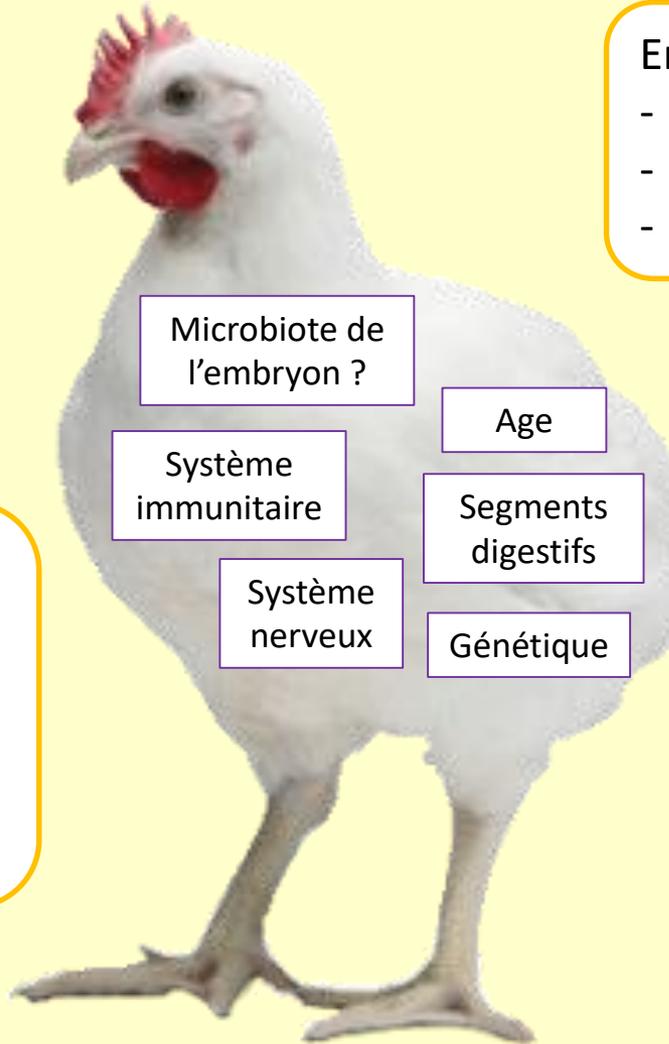
Segments digestifs

Système nerveux

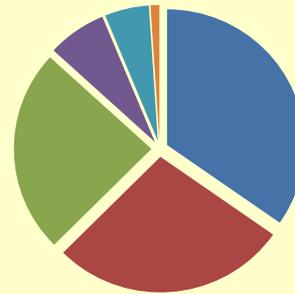
Génétique

Alimentation:

- MP
- Structure et traitement techno.
- Anticoccidiens
- Additifs alimentaires



Hiérarchie entre ces différents facteurs ?



- Factors 1
- Factors 2
- Factors 3
- Factors 4
- Factors 5
- Factors 6

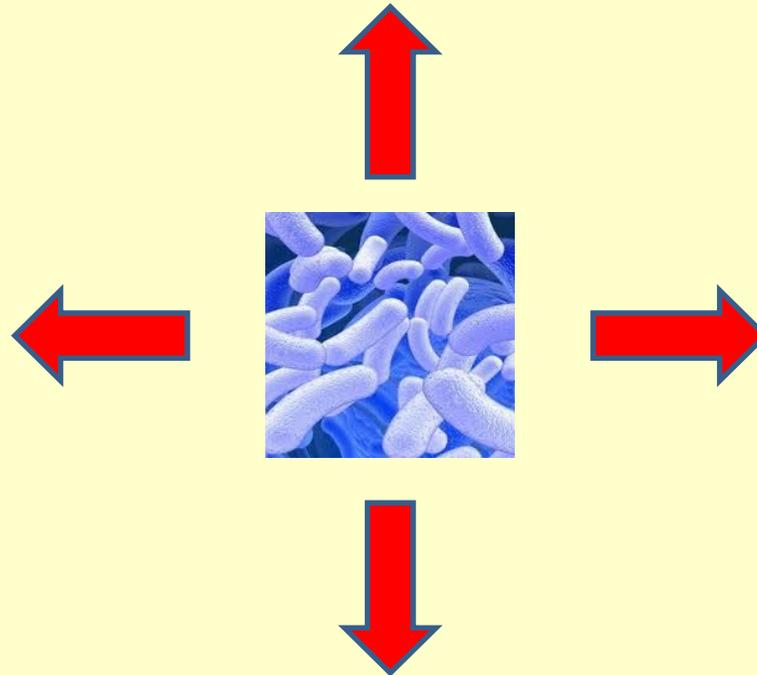
Nombreux facteurs modulant le microbiote

Colonisation initiale  
Evolution ultérieure

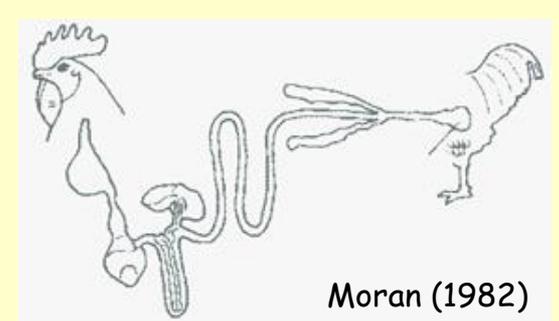
➔ Variabilité entre les individus

# 1. Microbiote digestif

## 1.3. Effets du microbiote

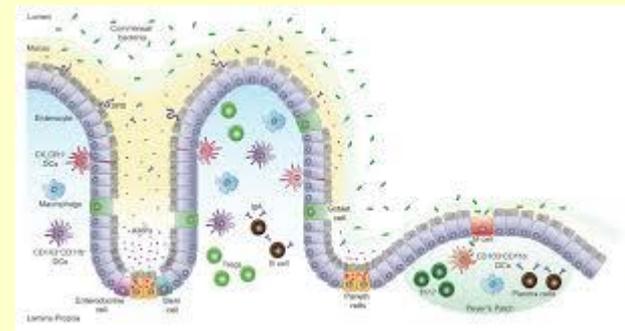
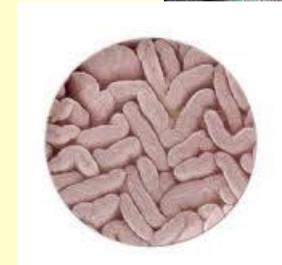
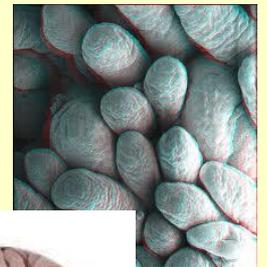


# Sur la physiologie digestive



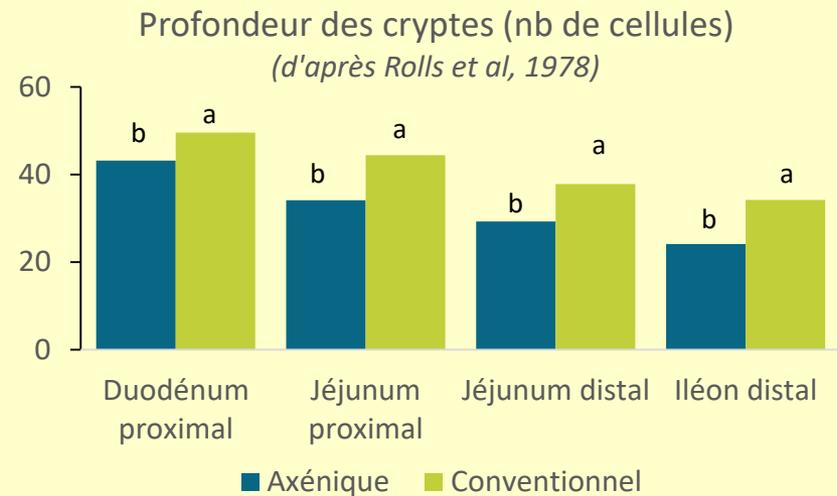
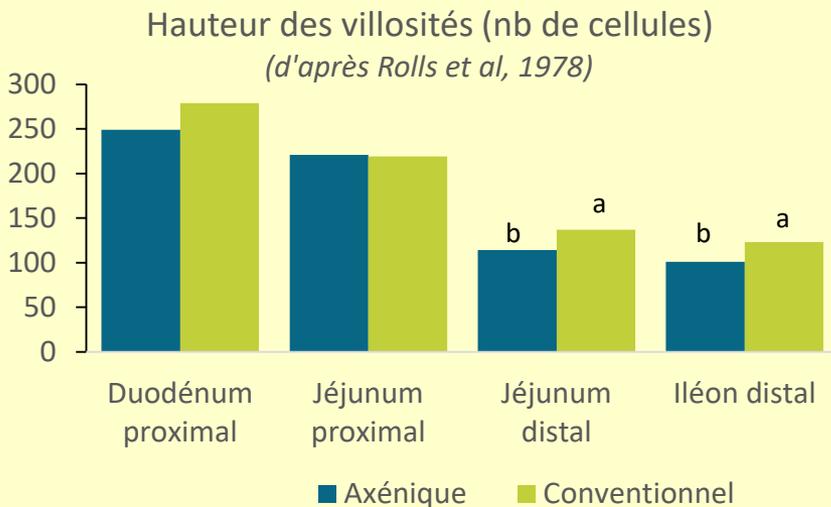
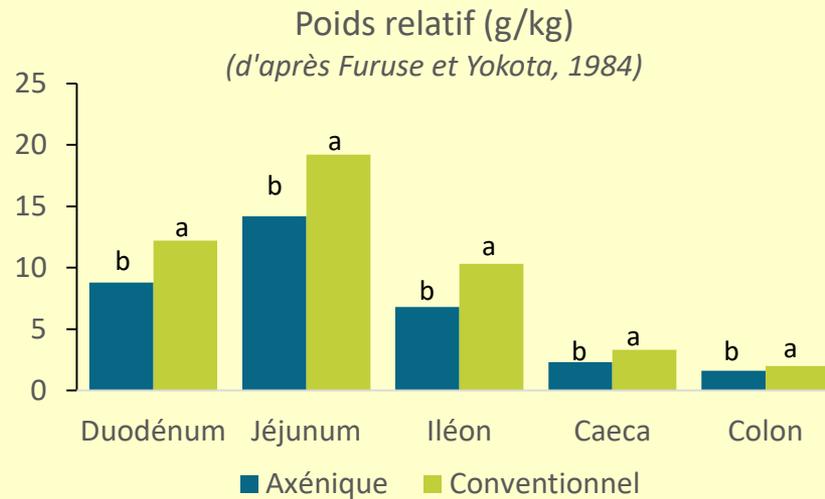
Microbiote digestif → Appareil digestif

- \* Morphologie, renouvellement cellulaire
- \* Fonctions digestives
- \* Production de mucus
- \* Motricité gastro-intestinale
- \* Sensibilité viscérale

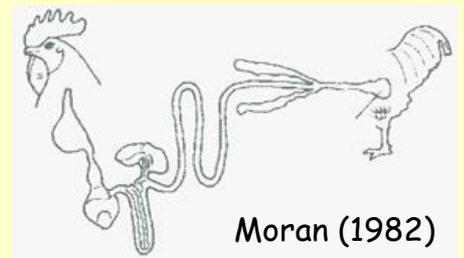


Muniz et al, 2012

# Développement et morphologie intestinale



# Sur la digestion



Moran (1982)

**Jabot** Hydrolyse bactérienne de l'amidon  
(Bolton, 1965; Ivorec-Szylit, 1971; Szylit et al 1980; Champs et al 1981)

## Intestin grêle

Compétition avec l'hôte

Hydrolyse de composants non hydrolysables par l'hôte

Enzymes déconjugant les sels biliaires

**Caeca** Fermentation des composés non digérés (Mead, 1997)  
Métabolisme bactérien de l'acide urique

→ Acides gras à chaîne courte (AGCC) → Absorption

3-4% voire 10-12% de l'apport énergétique  
(Jozefiak et al., 2004)

→ NH<sub>3</sub> → Absorption → Aa non essentiels  
(Vispo and Karasov, 1997)

**Bactéries** possèdent des **enzymes** impliquées dans :

- la dégradation des polysaccharides
- la production d'AGCC
- le métabolisme des protéines, acides aminés et N

**Métagénomique** (Qu et al, 2008; Sergeant et al, 2014)

**Métabolomique**  
(Polansky et al, 2015)

# Enzymes bactériennes dégradant les glucides

Approche  
moléculaire

Métagénomique

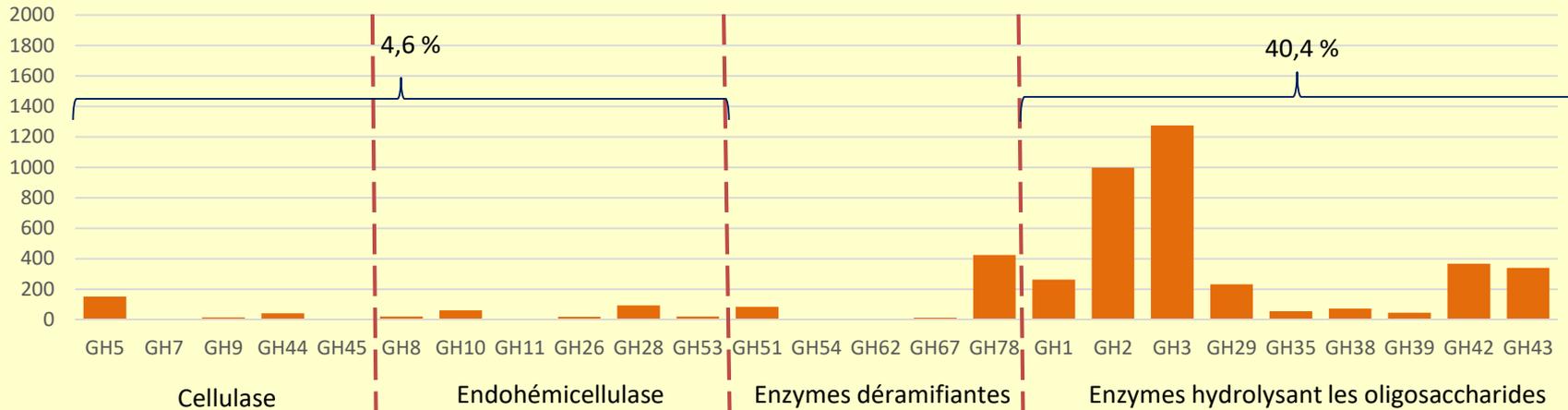
## Familles de Glycoside Hydrolases (GH)

### Caeca de poulet (1 animal)

(d'après Sergeant et al, 2014)

Nb total de séquences codantes : 595 178

Nb de gènes contenant des domaines de GH : 9 033 **% de GH : 1,52%**

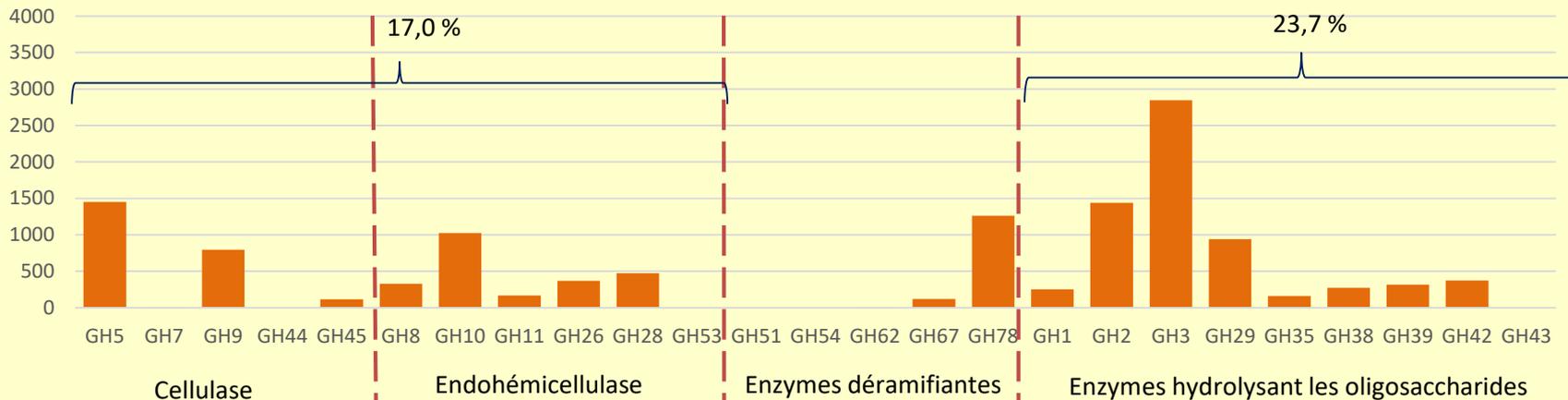


### Rumen de bovin (2 animaux)

(d'après Hess et al, 2011)

Nb total de séquences codantes : 2 547 270

Nb de gènes contenant des domaines de GH : 27 755 **% de GH : 1,09%**



# Sur la santé digestive / santé

## Effet barrière

Protection contre les microorganismes **pathogènes**

## Système immunitaire

**Développement** du système immunitaire adaptatif ( $\neq$  inné) au niveau intestinal (Kaspers et al, 2015)



**Stimulation** du système immunitaire (Ismail and Hooper, 2005; Sharma et al., 2010)

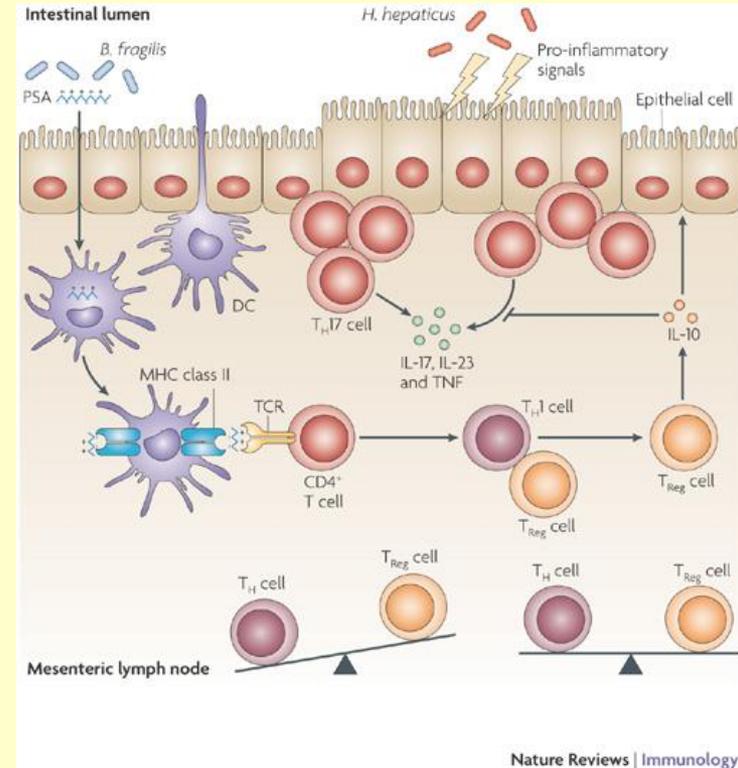
→ Etat d'inflammation modérée permanente (Klasing et al., 1991)

Efficacité des vaccins ... ? (Vlasova, A. N. et al, 2019)

Production de **substances néfastes**

Indole, scatole / Mercaptans d'éthyl et de méthyl  
Toxines

**Détoxification** de certains composants



Round et Mazmanian, 2009

# Sur la physiologie extra-digestive

**Métabolisme énergétique** : Engraissement  
(Backed et al., 2004; Cani et al., 2007)



**Métabolisme protéique** :  
+ 6-8% des synthèses protéiques (Muramatsu et al., 1987)  
Foie (métabolisme et détoxification des produits bactériens) : +25%  
Intestin (Organe avec un fort renouvellement) : + 45%



**Augmentation des besoins énergétiques** (Furuse and Okumura, 1994)

**Modification du métabolisme lipidique** (Zhao et al., 2013)

**Métabolisme osseux**

(Ohlsson et Sjogren, 2015; Hernandez et al., 2016; Yan et Charles, 2017)

**Fonction de reproduction**

(Koren et al, 2012; Tremellen et Pearce, 2012; García-Gómez et al, 2013)

# Systeme nerveux central (Lyte, 2010; Diamond et al., 2011)

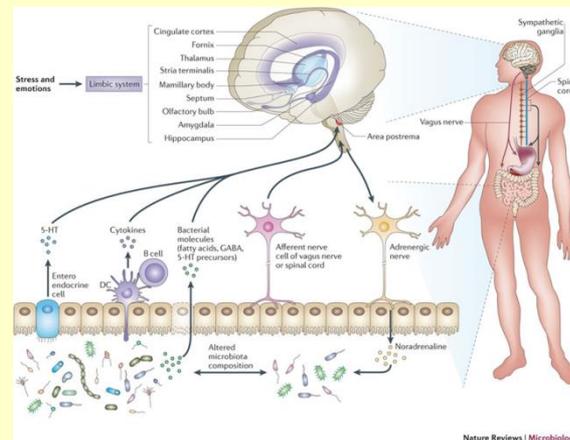
## Interactions Microbiote / Intestin / Cerveau

### Anxiété

Crumeyrolle-Arias et al (2014)

### Autisme

Luna et al (2016)



Collins et al, 2012

### Sérotonine

O' Mahony et al, 2014

# Effets du microbiote

Sur la physiologie digestive

Sur la digestion

Sur la santé digestive

Sur la physiologie extra-digestive



Conséquences sur les performances de croissance



# Effets du microbiote digestif

## Effets négatifs



Compétition avec les enzymes de l'hôte dans l'intestin grêle

Enzymes déconjugant les sels biliaires

Stimulation du système immunitaire → Coût métabolique

Production de substances toxiques



## Effets positifs



Effet barrière

Développement / Stimulation du système immunitaire

Hydrolyse de l'amidon dans le jabot

Fermentation caecale (Energie issue des composants non digestibles)

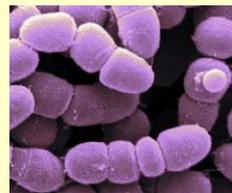
## Vision simpliste du microbiote digestif

Bactéries néfastes	E. coli Clostridium C. perfringens
Bactéries bénéfiques	Lactobacilles Bifidobactéries



**≠** **Réalité plus complexe** Dépend des souches et de leur fonctions chez l'animal

E. coli	Toutes les souches d' E. coli n'ont pas un effet néfaste ... souches de probiotiques ...
Clostridium	Principalement non pathogènes, voire bénéfiques Classification complexe ... Evolution permanente de la classification des bactéries Exemple de quelques <b>groupes importants</b> de part leurs effets potentiels <b>Groupe I</b> : beaucoup de pathogènes ... mais pas seulement (Ex : Candidatus Savagella (SFB)) ... <b>Groupe IV</b> (reclassé dans les Ruminococcaceae) : Groupe C. leptum → Butyrate ... <b>Groupe XIV</b> : Sous groupe XIVa Famille Lachnospiraceae : Groupe C. Coccoides Effets bénéfiques ou néfastes
C. perfringens	Peut aussi être détecté en grand nombre dans l'intestine d'animaux sains (Ficken and Wages, 1997, Engberg et al., 2002, Pedersen et al., 2003) Certaines souches pathogènes
Lactobacilles	Effet stimulateur de l'immunité Déconjugaison des sels biliaires Production d'acide lactique : effet néfaste ? Associées à des baisses de performances chez le poulet



# Effet du microbiote digestif

Healthy GI  
microbiome

Microbiote  
idéal

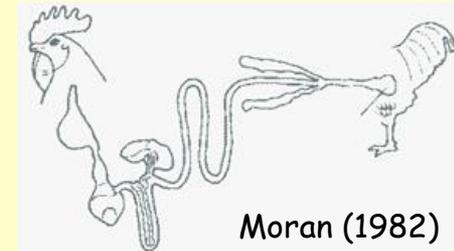
**CONCLUSION : MICROBIOTE OPTIMAL  
MICROBIOTES OPTIMAUX ...**

Dépend de l'objectif



**Efficacité digestive**

Conversion des composants non digestibles par l'hôte  
en composants utilisables par l'hôte



**Performances de croissance**

Meilleur rapport effets bénéfiques / effets néfastes

Ex : Stimulation de l'immunité pour protéger l'hôte  
sans inflammation excessive

Ex : Métabolisme optimal



# 1. Microbiote digestif

## 1.4. Modes d'action du microbiote



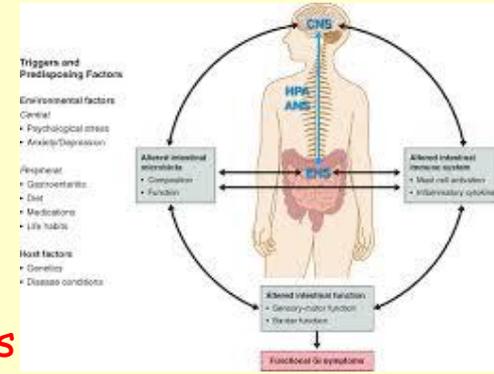
# Mécanismes impliqués de l'effet du microbiote digestif sur la physiologie animale



Microbiote digestif

Produits microbiens  
(Protéines, peptides, métabolites)  
± modifiés par l'animal (co-métabolites)

Interactions  
Microbiote / Intestin / Cerveau



Ringel and Maharshak (2013)

Voies  
Nerveuses  
Humorales  
Immunitaires  
Métaboliques  
(Moloney et al, 2014)

Action locale

Action à distance

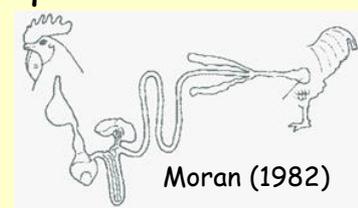
Effets systémiques

Physiologie animale

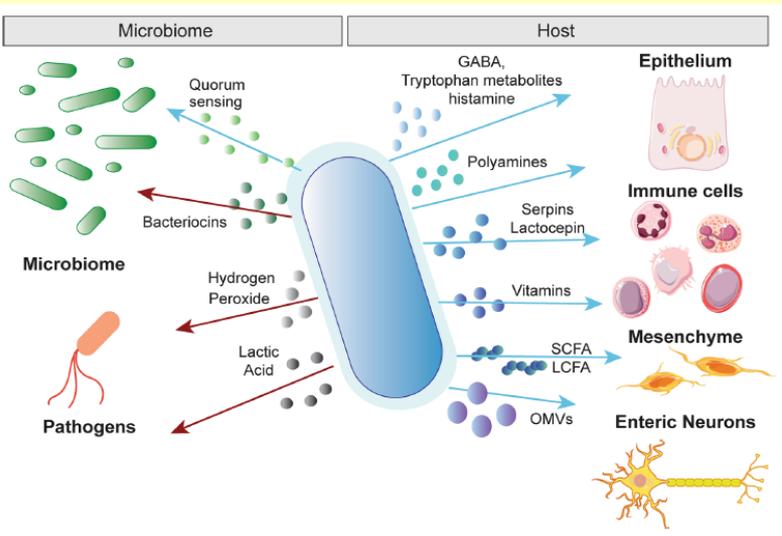
Physiologie digestive

Activités enzymatiques  
Transit  
...

Digestion



Moran (1982)



Ruan et al 2020

# Effet de produits bactériens (AGCC\*) sur l'animal

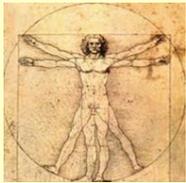
## Mécanismes d'action

\* Acides gras à chaîne courte

Récepteurs membranaires d'AG sur l'épithélium intestinal ...

... cellules immunitaires, tissus adipeux, cellules pancréatiques, foie, muscle

Récepteurs d'acides gras libres (FFAR) ou GPR



AGCC : FFAR2 / FFAR3  
AGCM, AGCL : FFAR1  
AGCM : GPR84  
AGCL spécifique : FFAR4



FFAR2 like  
FFAR3 like ? ...

Mielenz 2017

Récepteur couplé à une protéine G (GPCR)

→ Signalisation moléculaire

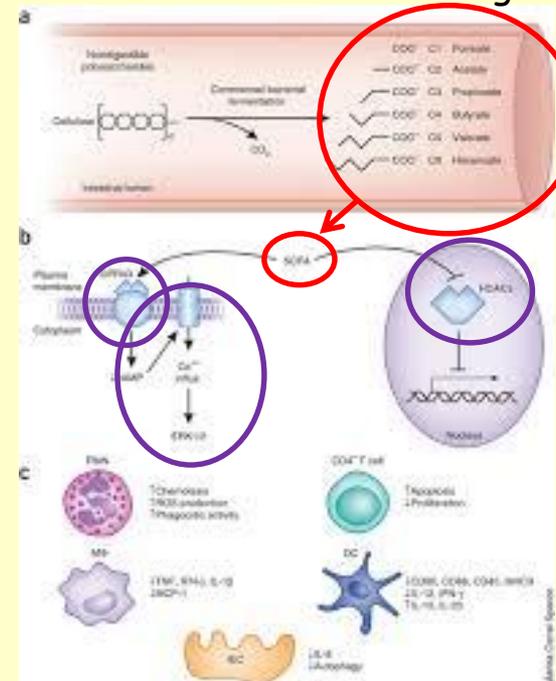


Au niveau de l'ADN :

Inhibition d' histone-désacétylases (HDAC)

→ Régulation de l'expression des gènes

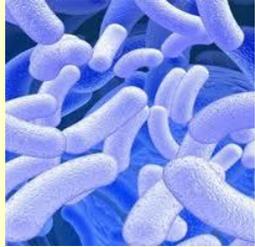
AG dans les contenus digestifs



Brestoff et Artis (2013)

# Microbiote digestif

Considéré comme un **ORGANE** du TD (Lyte, 2010)



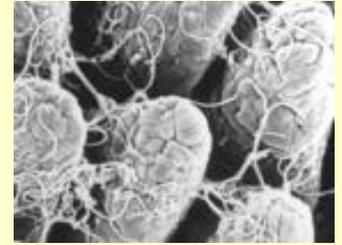
Utilise des nutriments; Produit des métabolites

Capacité métabolique équivalente au foie

Reconnait et synthétise des hormones neuroendocrines

Interagit avec le système nerveux du TD

Produit de la biomasse cellulaire comme l'épithélium digestif



Endocrinologie  
microbienne

## INTERACTIONS microbiote digestif / hôte

Le microbiote digestif et l'hôte **co-évoluent** après leur premier contact

Relation de type **mutualiste** (à l'équilibre)

Le microbiote + les cellules de l'hôte :

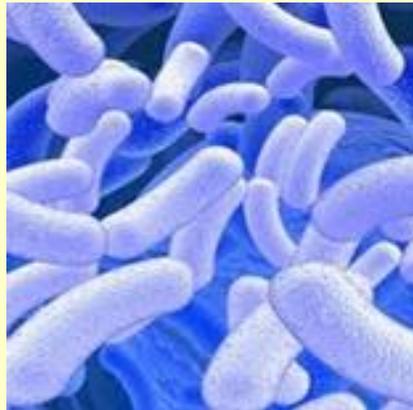
Super-organisme → **Supra-organisme**

(Lederberg, 2000; Glendinning et Free, 2014)

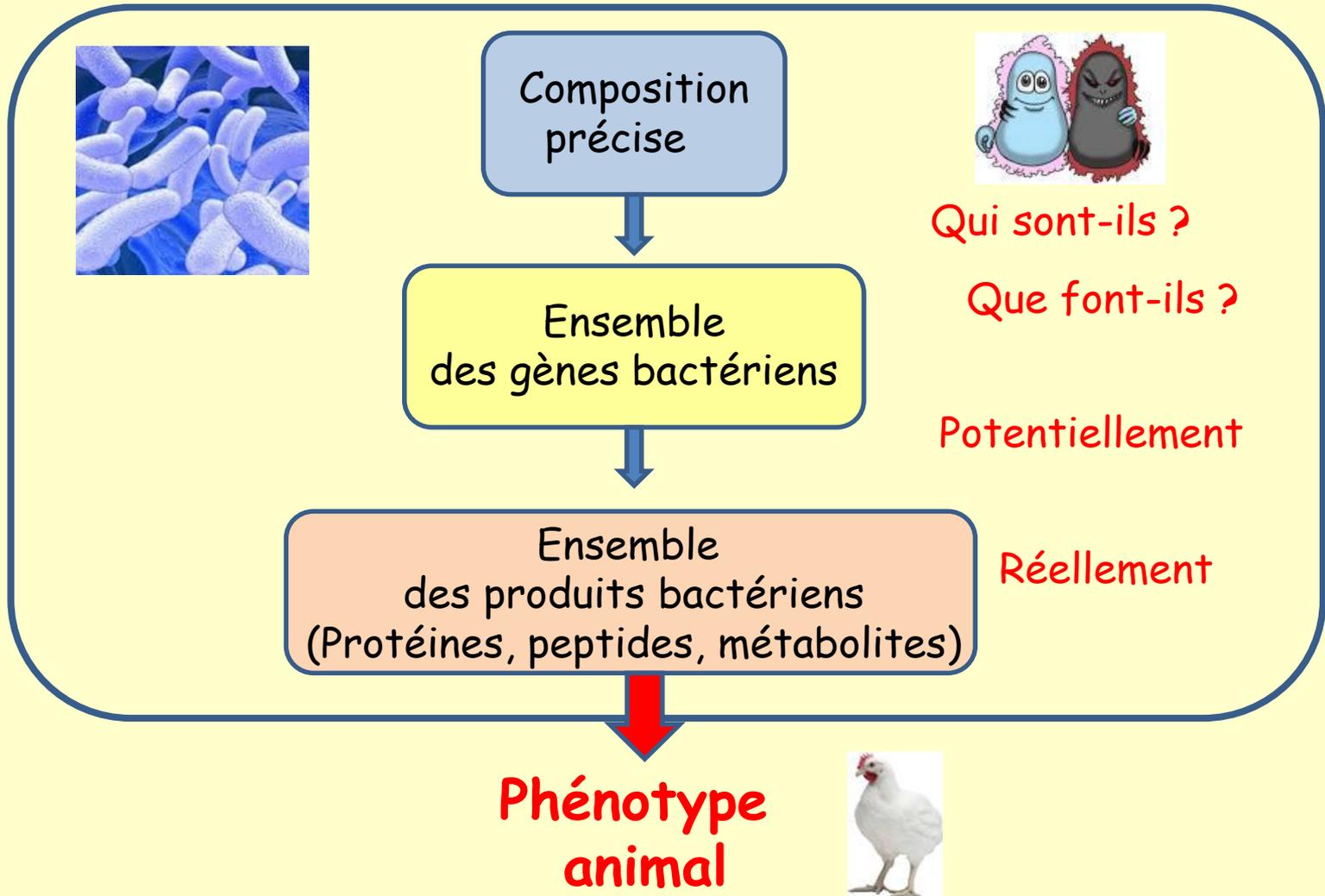
→ **Holobionte**



# Microbiote digestif : Etat actuel des connaissances et perspectives



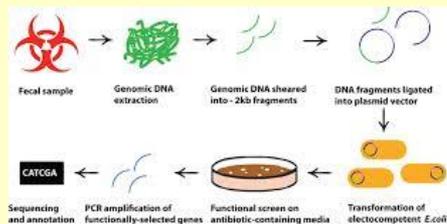
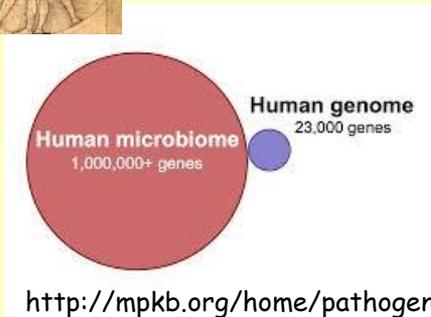
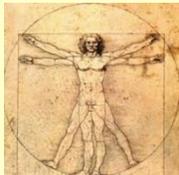
# Microbiote digestif : Composition et FONCTIONS



# Etude des fonctions du microbiote

Méta  
génomique

Fonctions potentielles : l'ensemble des gènes bactériens



Moore et al, 2011



Metagenomics of the Human Intestinal Tract



Noyau fonctionnel  
(Qin et al, 2010)

Prédiction de fonctions à partir de l'ADNr 16S  
(Waite et Taylor, 2014; Reed et al, 2015)

## Métagénomique

Lu et al, 2007; Qu et al, 2008; Danzeisen et al, 2011; Sergeant et al, 2014; Mancabelli et al, 2016; Gao et al, 2017; Catalogue INRA MetaChick (2015-2017) Huang et al (2018)



Fonctions réelles :

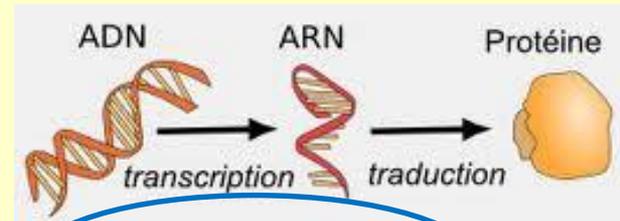
Ensemble des protéines bactériennes

Tang et al, 2014; Polansky et al, 2015; Tilocca et al, 2016

Et l'étape finale :

Ensemble des métabolites digestifs

Bailey, 2010; Gabriel et al, 2015; Beauclercq et al, 2018

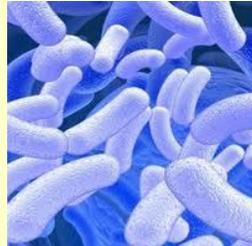
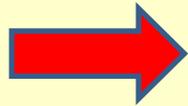


Métabolomique

Méta  
bolomique



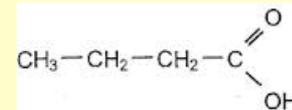
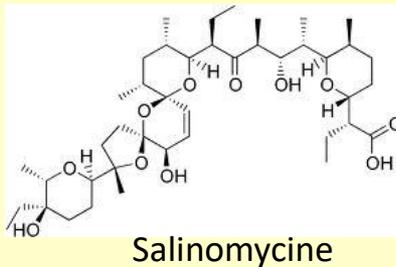
## 2. Facteurs alimentaires pouvant moduler le microbiote digestif



## 2. Facteurs alimentaires pouvant moduler le microbiote digestif



- 2.1. Matières premières
- 2.2. Structure de l'aliment  
Traitements technologiques
- 2.3. Anticoccidiens
- 2.4. Additifs alimentaires





# Aliment

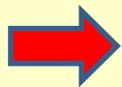


→ Composants indigestibles

→ **Substrats** pour la croissance du microbiote



Utilisation des **substrats** variable selon les différentes **bactéries**



L'aliment a un **fort impact potentiel**  
sur la composition du microbiote digestif

## 2.1. Matières premières

Céréales (Glucides)

Sources / niveau de protéines

Lipides

Minéraux

# Céréales (Glucides)

Polysaccharides non amylacés solubles dans l'eau

Seigle / Maïs

↑ Comptage des bactéries anaérobies Wagner et Thomas (1978)

Blé, orge / Maïs

↑ Comptage de bactéries Mathlouthi et al (2002)

Blé, orge, seigle / Maïs

→ Clostridium perfringens Annett et al (2002), Jia et al (2009)

Orge, avoine, blé / Régime commercial

Changement du microbiote dominant (Seq 16S) Ludvigsen et al (2016)

Rq : L'environnement modifie le microbiote non-dominant

Régimes riches en fibres

Drêches, son de blé / Maïs, soja

Changement du microbiote (Seq 16S) Walugembe et al (2015)



# Fibres et microbiote

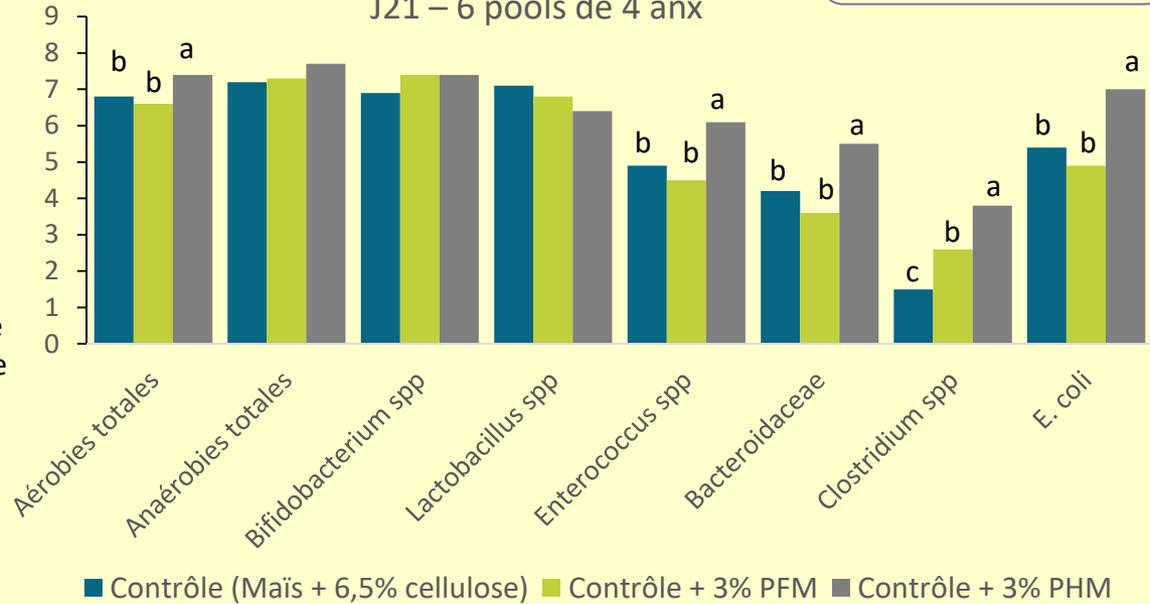
Approche par comptage

PNA modèles (isolés)

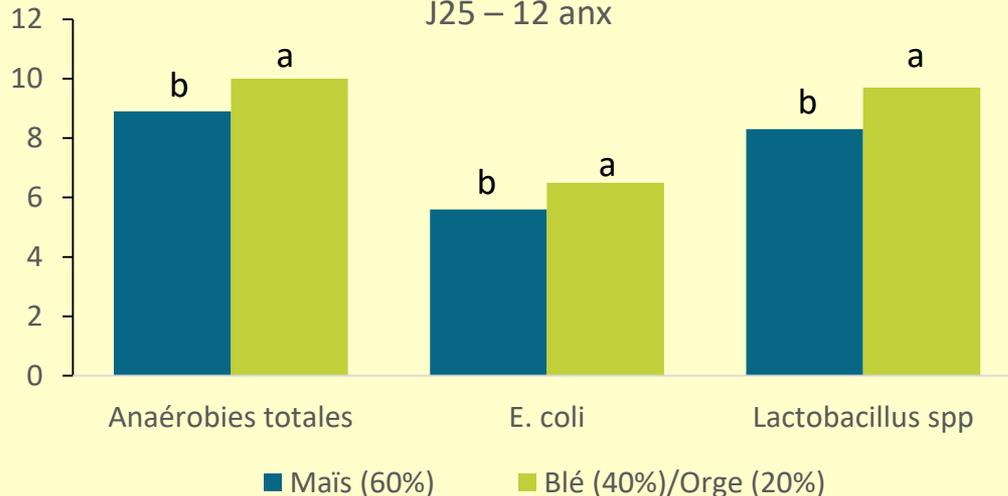
PNAh : polysaccharides non amylacés hydrosolubles

PFM : Pectine de citron faiblement méthylée  
PHM : Pectine de citron hautement méthylée

**Iléon** (Log UFC / g)  
d'après Langhout et al. (1999)  
J21 – 6 pools de 4 anx



**Caeca** (Log UFC / g)  
d'après Mathlouthi et al. (2002)  
J25 – 12 anx



MP riches en PNAh  
Blé/Orge vs Maïs

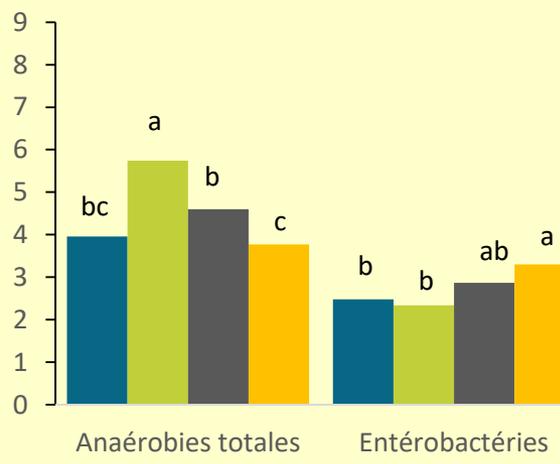
Fibres solubles →  
Augmentation du microbiote

# Fibres et microbiote

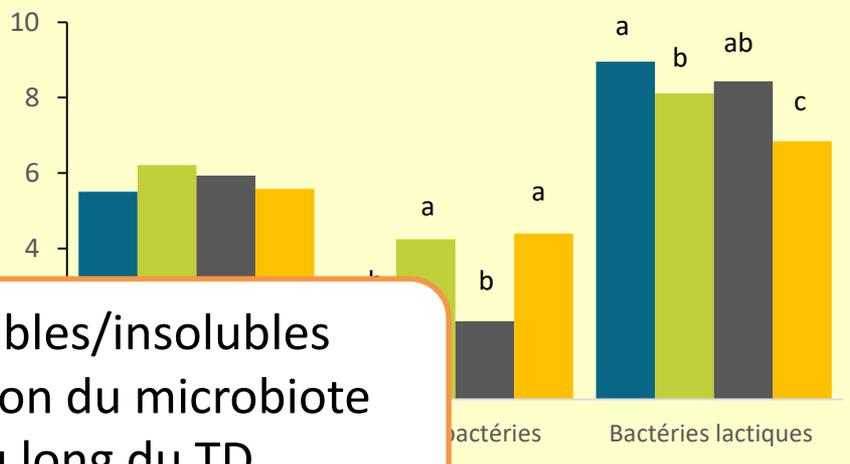
Approche par comptage

Incorporation de PNA modèles (3%) dans des régimes J10 – 4 anx (d'après Shakouri et al, 2006)

Duodénum (Log UFC / g)

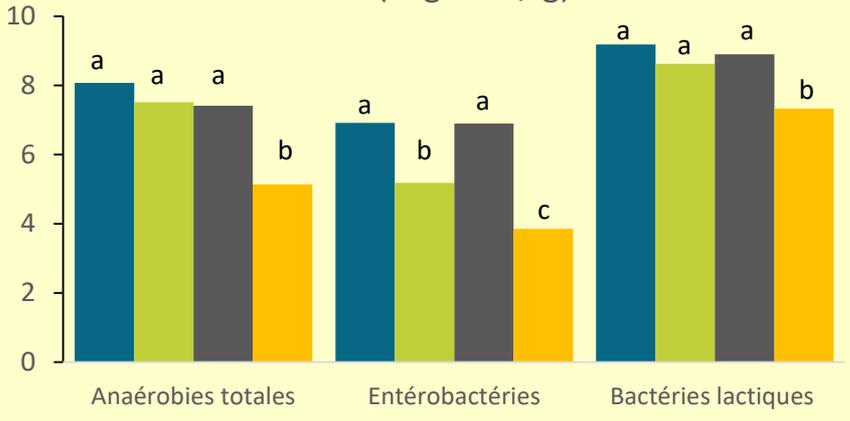


Jéjunum (Log UFC / g)

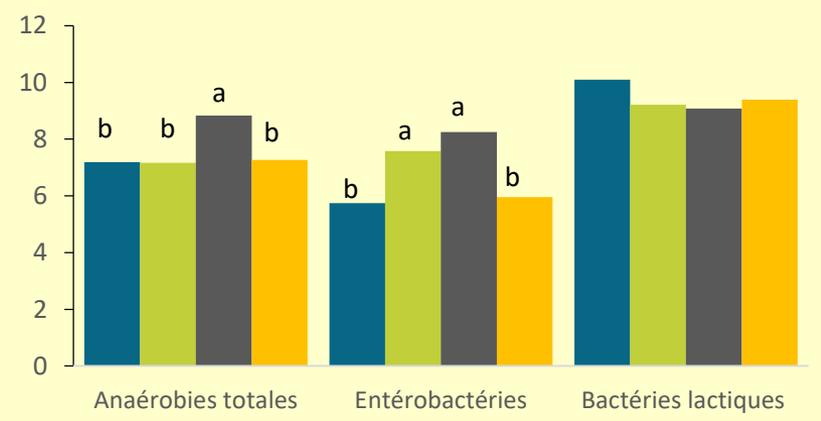


Fibres solubles/insolubles  
 → Modulation du microbiote  
 Tout au long du TD

Iléon (Log UFC / g)



Caeca (Log UFC / g)



■ Contrôle ■ Pectine ■ CMC ■ Cellulose

■ Contrôle ■ Pectine ■ CMC ■ Cellulose

CMC : Carboxyméthyl cellulose

# Fibres et microbiote

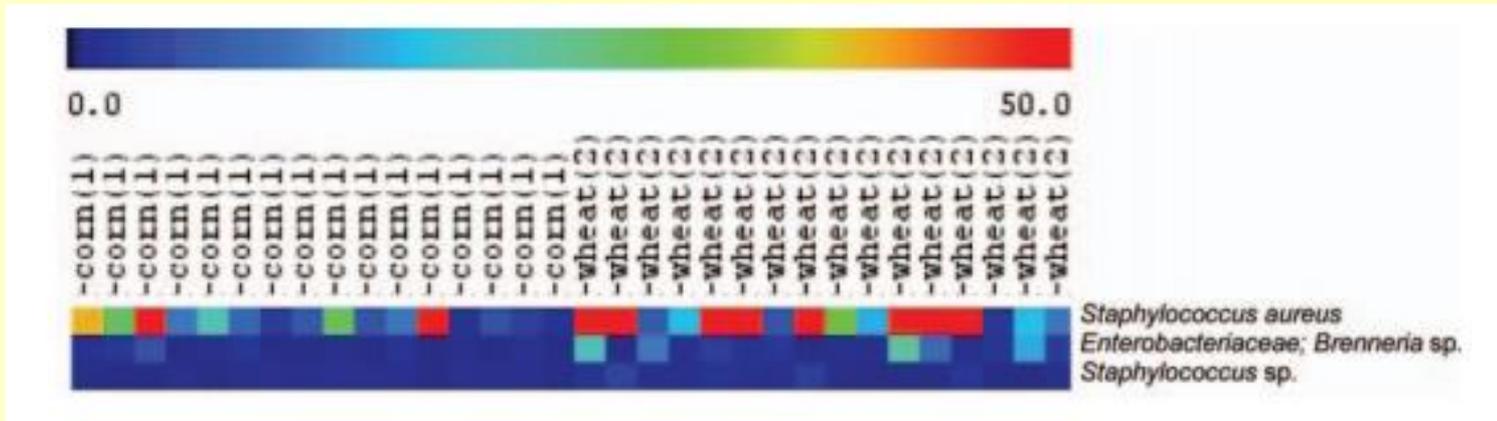
Approche  
moléculaire

Puce (370 sondes)

Effet d'un régime « Blé » par rapport à un régime « maïs » sur le microbiote **iléal**  
*J34 – 16 anx (van der Hoeven-Hangoor et al., 2013)*

Régime « maïs » : maïs (65%)

Régime « blé » : blé (41,5-45,8%), seigle (6,5%), colza (6,5%)



Groupes bactériens présentant des différences significatives

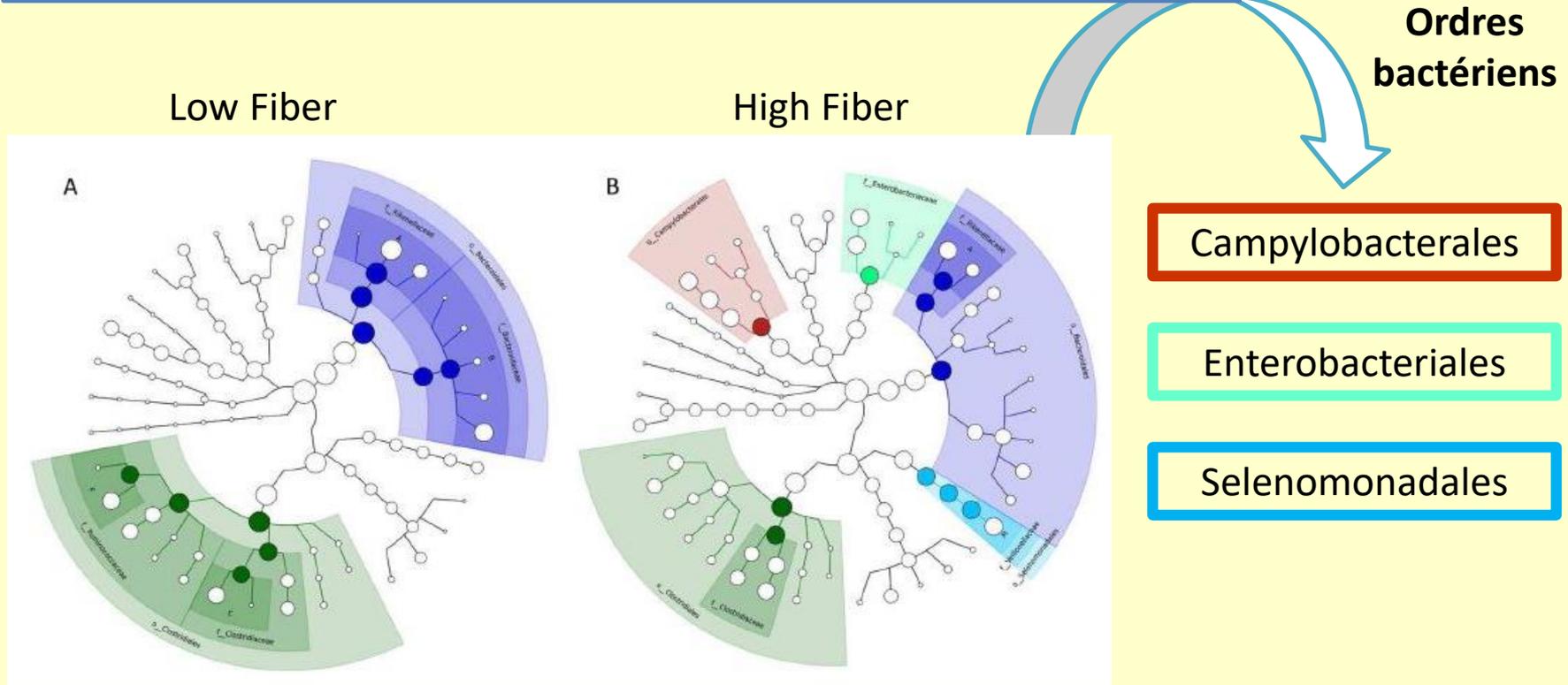
Fibres → Enrichissement de 3 groupes  
bactériens avec le régime « Blé »

# Fibres et microbiote

Approche moléculaire

Séquençage 16S

Faible en fibres (maïs-tourteaux de soja) vs haut en fibres (son de blé et drêches; 6-8%) : microbiote **caecal** J21 - 1 pool de 11 poulets (Walugembe et al. 2015)

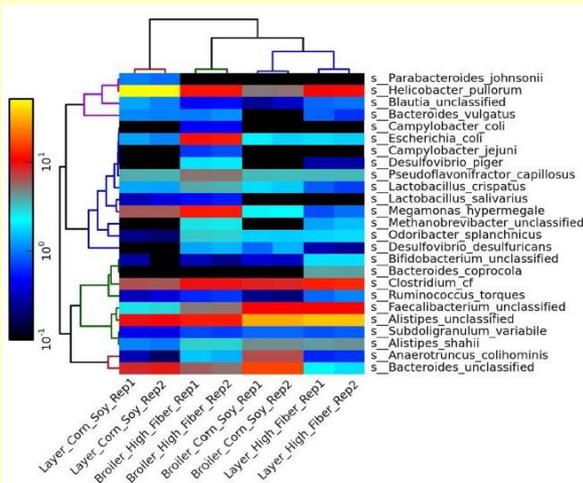


Fibres → Modifications de la présence de certains ordres bactériens par rapport au régime contrôle

# Fibres et microbiote

Faible en fibres (maïs-TS) vs haut en fibres (son de blé et drêches; 6-8%) : Microbiote **caecal** J21 - 1 pool de 11 anx  
(Walugembe et al. 2015)

## Genres/ Espèces bactériennes



25 espèces bactériennes les plus abondantes

	Lignée croissance		Lignée pondeuse	
	Low Fiber	High Fiber	Low Fiber	High Fiber
Helicobacter pullorum	5,3	12,2	51,8	11,2
Megamonas hypermegale	2,3	12,7	6,3	0,9
Faecalibacterium	11,3	5,3	2,9	10,8
Bacteroides	17,5	7,1	10,3	7,3
Campylobacter coli	NA	0,5	NA	NA
Campylobacter jejuni	0,1	0,7	NA	NA
Escherichia coli	1,9	12,4	1,2	1,9

Fibres → Modification du microbiote  
Différence d'effet des fibres selon la génétique

# Sources et niveau de protéines (1)



Farine de poisson / Soja (Protéines\* : 40%)

→ *C. perfringens* Drew et al (2004)

Farine de poisson (Protéines\* : 33%) / Régime contrôle (Protéines\* : 21.5%)

Changement du microbiote (Seq 16S) Wu et al (2014), Stanley et al (2014)

Farine de poisson / Soja (Protéines\* : 23%)

→ *C. perfringens* Drew et al (2004)

Teneur en protéines de l'aliment : 40% vs 23% (Farine de poisson ou Soja)

→ *C. perfringens* Drew et al (2004)

\* Teneur en protéines de l'aliment

# Sources et niveau de protéines (2)



## Colza / Soja

Modification des AGCC et des amines biogènes  
Qaisrani et al (2014)



## Tournesol / Soja

↓ AGCC dans les caeca (Dinde)

Juskiewicz et al (2010)



## Rq : Soja

Fortes concentrations d'oligosaccharides de la famille du raffinose

→ Pourrait stimuler les fermentations bactériennes Zdunczyk et al (2015)



# Sources et niveau de protéines (3)



## Farine de graines de lupin



Changement de composition bactérienne (Comptages) Rubio et al (1998)

## Farine de graines de pois

Pois (15%) / Contrôle (soja)

Modification du microbiote (Empreinte moléculaire; T-RFLP)

↑ Quantité d'AGCC

Czerwinski et al (2010)



Teneur en pois (15 à 30%)

↓ Butyrate dans les caeca

Konieczka et al (2014)

## Farine fermentée de graines de coton / Soja

Modification de composition bactérienne (Comptages) Sun et al (2013)

# Lipides

Source de lipides : Animale / Végétale



Suif de boeuf / Huile de soja

Modification du microbiote (Comptages)

Danicke et al, 1999

Saindoux et suif / Huile de soja

→ ↑ *C. perfringens* Knarreborg et al (2002)

Saindoux / Huile de soja

↑ Acides organiques totaux Jozefiak et al (2014)

Acides gras à chaîne moyenne / Huile de soja, graisse animale

Changement du microbiote (Micropuce) Van der Hoeven-Hangoor et al (2013)

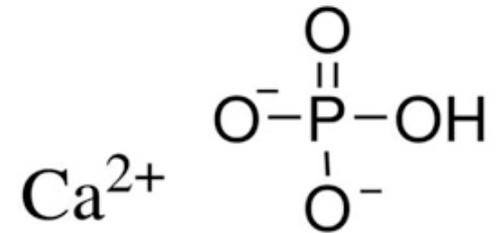
Acides gras  $\omega$ -3 (acide alpha-linolénique) (Huile de graine de lin)

Changement du microbiote (Seq 16S) Lee et al (2016)

# Minéraux



Teneur en Ca et P digestible



Changement de la composition bactérienne (Comptages)  
Modification des fermentations (AGCC)

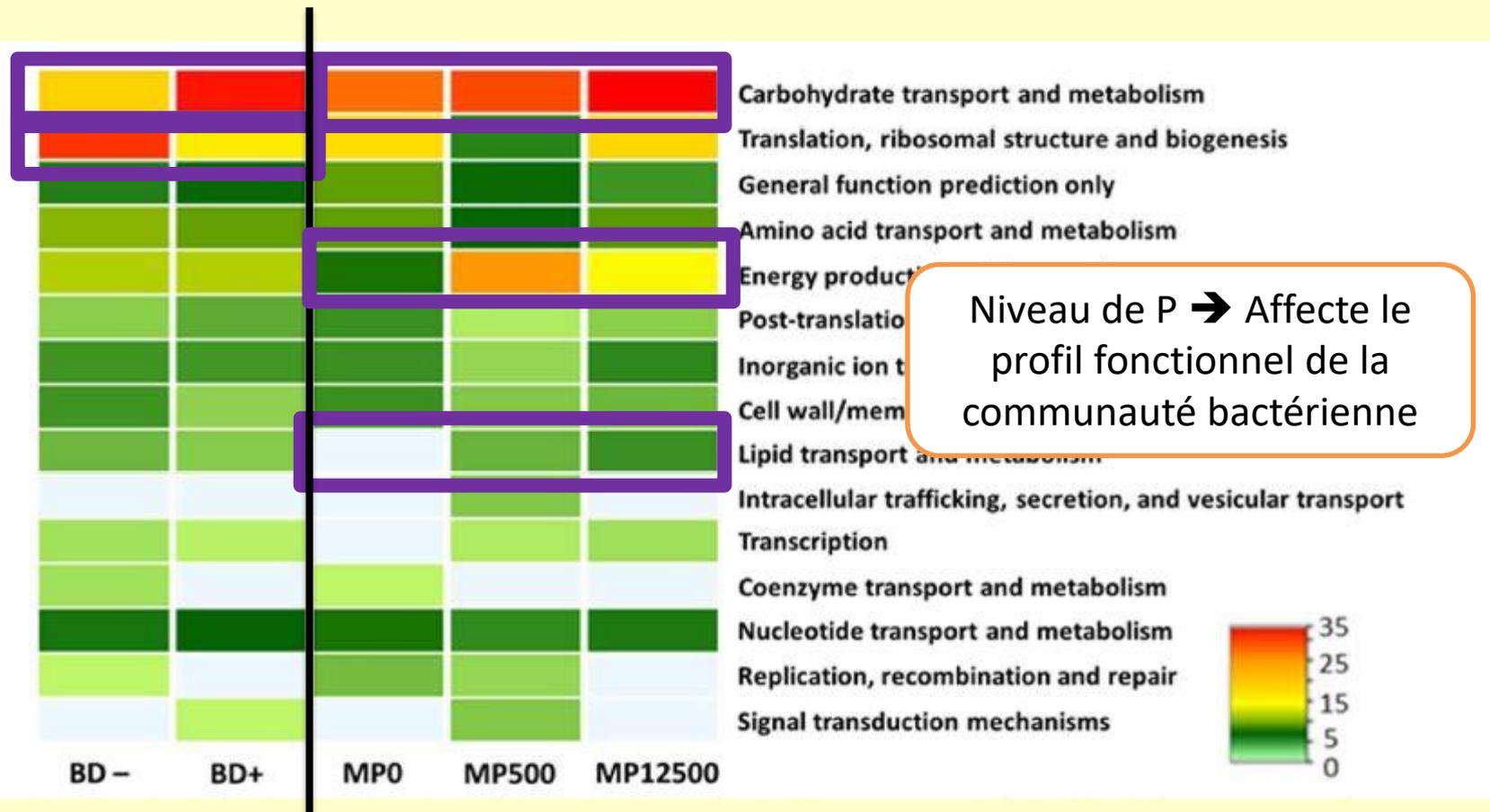
Ptak et al (2015)

# Minéraux

Approche  
moléculaire

Métabolomique

BD – (P issu des MP → 0,45% P) ;  
BD + (supplémentation phosphate → 0,54 % P) ;  
MP0 ; MP 500 ; MP 12 500 (0 - 500 - 12 500 U phytase/kg)  
Microbiote **caecal** – J25 – 2 pools de 4 anx (*Tilocca et al., 2016*)



## 2.2. Structure de l'aliment : Taille des particules



### Graines entières de blé / Blé broyé



↓ *Salmonella typhimurium*

Bjerrum et al (2005)

↓ *C. perfringens*

Engberg et al (2004)



Changement de la composition bactérienne (Comptages)

Gabriel et al (2003), Engberg et al (2004), Bjerrum et al (2005), Gabriel et al (2008)

### Broyage grossier / Broyage fin

Changement de la composition bactérienne (Comptages) Singh et al (2014)

Changement de fermentation (↓ Acides gras à chaine branchée)

Qaisrani et al (2014)

## 2.2. Traitements technologiques



### Traitements thermiques

Changement de la composition bactérienne (Comptages)  
Modification des fermentations (AGCC)

Boroojeni et al (2014)

### Granulation

Changement de la composition bactérienne (Comptages)  
Modification des fermentations (↑ AGCC)

Engberg et al (2002)



↑ *S. typhimurium* Huang et al (2006)  
Modification des fermentations (↑ AGCC)

### Extrusion

Modification des fermentations (AGCC) Konieczka et al (2014)

# Modulation du microbiote par l'aliment

## Matières premières

- Céréales (glucides)
- Sources / niveau de protéines
- Lipides
- Minéraux

## Structure de l'aliment : Taille des particules

- Graines entières / Graines broyées
- Broyage grossier / fin

## Traitements technologiques

- Traitements thermiques
- Granulation
- Extrusion

## 2.3. Anticoccidiens

### Anticoccidiens ionophores

#### Narasine

↓ *C. perfringens* dans les caeca

Ludvigsen J et al (2016)

#### Monensine

Modification du microbiote iléal (Empreinte moléculaire)

Lu et al (2006)

Modification du microbiote caecal (Seq 16S)

Danzeisen et al (2011)

## 2.4. Additifs alimentaires

### Nombreux additifs étudiés\* chez les volailles

\* Faisant l'objet de publications référencées dans les bases de données Web of Science et/ou PubMed

Acides organiques

Glucides (Prébiotiques, 'Fibres', MOS)

Probiotiques et symbiotiques

Enzymes : Digestives (Polysaccharidase, Phytase, protéases)

Plantes et extraits de plantes

Acides aminés

Vitamines

Argile

Charbon

Minéraux, oligoéléments

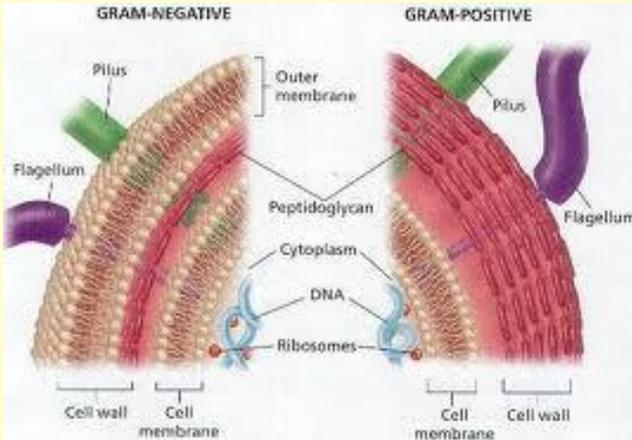
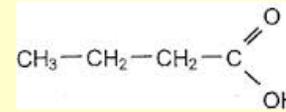
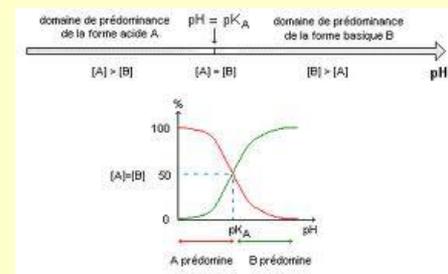
Bactériocine

Bactériophage et enzymes dérivées (Endolysine, ...)

Peptides antimicrobiens

...

### Acides Gras à Chaine Courte (AGCC; $\leq C5$ )



Condition acide ( $pH < pK_a$ ) : **Forme non dissociée**

$pK_a$  entre 3,7 et 4,9

**R-COOH**

Contact bactérie - acide prolongé

→ Traverse les bicouches lipidiques

Dans la cellule bactérienne :  $pH$  + alcalin



**Dissociation : R-COO<sup>-</sup> + H<sup>+</sup>**

→  $\left\{ \begin{array}{l} H^+ \rightarrow \text{Acidification du cytoplasme} \\ R-COO^- \rightarrow \text{Accumulation dans la cellule} \end{array} \right.$

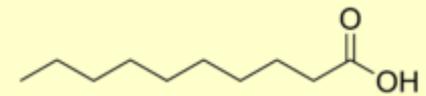
→ Perturbation de la physiologie et du métabolisme des bactéries

→ Inhibition de la croissance / Mort cellulaire

**Rq : Adaptation bactérienne :  $\downarrow pH \rightarrow \downarrow R-COO^-$**

Hypothèses des mode d'action sur les bactéries

Acides Gras à Chaine Moyenne (AGCM, C6-C12)

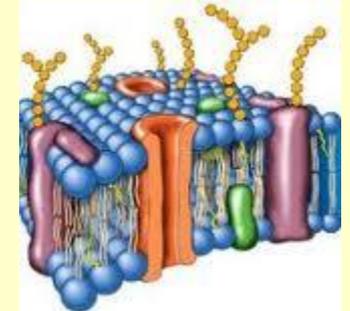


Cible principale : membrane cellulaire

Structure amphiphile → Détergent

→ Perturbation de la chaîne de transport d'électrons et des phosphorylation oxydatives (ATP)

→ Interférence avec la production d'énergie dans la cellule



<http://lesdefinitions.fr/membrane-cellulaire>

Autres modes d'action

Augmentation de la fluidité et perméabilité membranaire

Inhibition d'activités enzymatiques

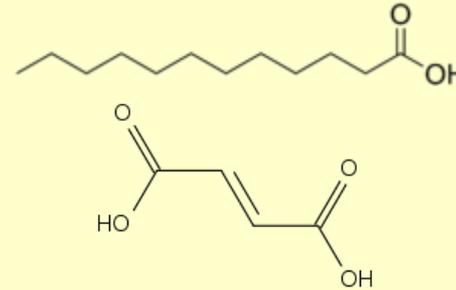
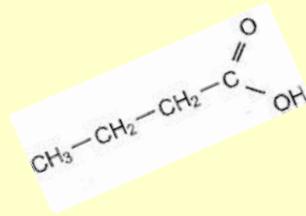
Détérioration de l'absorption de nutriments

Génération de produits toxiques (peroxydation et auto-oxydation)

→ Inhibition de la croissance / Lyse des cellules bactériennes

# L'effet des acides gras dépend de

## Acide gras



pKa

Longueur de chaîne

Présence, nombre, position et orientation des doubles liaisons

Concentration

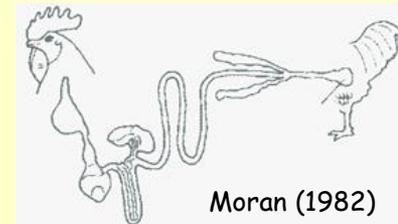
## Animal

Etat physiologique

## Milieu digestif

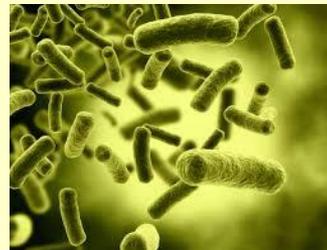
pH (pouvoir tampon des aliments)

Temps de transit (temps d'exposition)



## Bactéries

Sensibilité



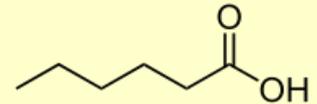
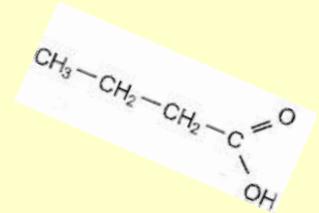
# Amélioration de l'efficacité des acides organiques

## Propriétés antimicrobiennes

### Forme de présentation

Protection par imprégnation ou encapsulation

→ Intestin grêle / Caeca



**Synergie** Plusieurs AGCC et/ou AGCM

→ + Faibles concentrations



## 2.4. Additifs alimentaires

### Les différents additifs étudiés\* chez les volailles

\* Faisant l'objet de publications référencées dans les bases de données Web of Science, PubMed

Acides organiques

Glucides (Prébiotiques, 'Fibres', MOS)

Probiotiques et symbiotiques

Enzymes : Digestives (Polysaccharidase, Phytase, protéases)

Plantes et extraits de plantes

Acides aminés

Vitamines

Argile

Charbon

Minéraux, oligoéléments

Bactériocine

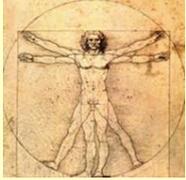
Bactériophage et enzymes dérivées (Endolysine, ...)

Peptides antimicrobiens

...

# Probiotiques

## Produits d'exclusion compétitive



Pharma(co)biotique  
(Shanahan et al, 2009; Caselli et al, 2013)



Concept initial de Metchnikoff (1907) : Homme  
Nurmi et Rantala (1974) : Poulet



Kéfir

Définition de Fuller (1989) : Homme et animaux

Définition de l'OMS et de la FAO (2001) / Recommandations (2002)

Micro-organismes vivants qui, lorsqu'ils sont ingérés  
en quantité suffisante,  
exercent des effets positifs sur la santé de l'hôte

Minimum de  $30 \times 10^9$  UFC  
(Khan et Naz, 2013)



## Propriétés générales



Avoir un / des effet(s) bénéfique(s) sur l'hôte

Non pathogène (GRAS : Generally Recognized as Safe )

Pas d'effets secondaires néfastes; Pas de résistances aux antibiotiques

Capable de survivre au traitement et au stockage

Capable de survivre dans l'appareil digestif :

Résistant aux acides, à la bile, et aux sécrétions pancréatiques

Capacité d'adhésion au tractus digestif ou autre mécanisme



## Utilisation chez les volailles

Dans l'aliment  
Eau de boisson

*In ovo*  
Spray sur les œufs, poussins  
Cloaque

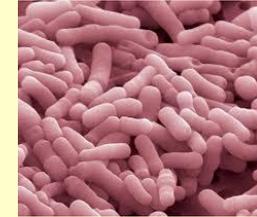
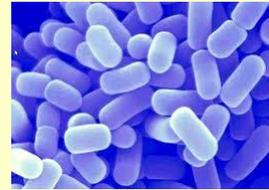
Résistance  
aux traitement  
thermiques  
(granulation)

**Présentation** Libre ... encapsulée

# Microorganismes fréquemment utilisés

## Bactéries

Lactobacillus  
Bifidobacterium



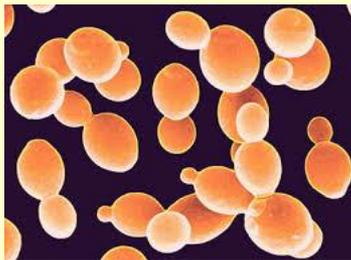
Espèces productrices de lactate

Bacteroides  
Enterococcus  
Lactococcus  
Leuconostoc  
Pediococcus  
Propionibacterium  
Streptococcus

Mélange de types bactériens

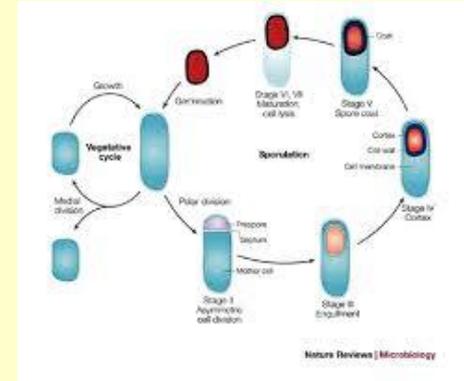
## Bactéries formant des spores

Bacillus : B. subtilis, B. cereus



## Levures

Saccharomyces  
Aspergillus oryzae



<http://www.devbio.biology.gatech.edu/>

<http://news.ifr.ac.uk/2014/03/mysteries-of-the-yeast/>

# Mécanismes d'action potentielle des probiotiques

## Mécanismes largement répandus

### Amélioration du microbiote

Effet barrière

Exclusion compétitive de pathogènes

Compétition pour les nutriments /récepteurs

Création d'un environnement physiologique restrictif

Production d'AGCC

Péroxyde d'hydrogène

Diminution du pH/ Potentiel redox

Modification de la structure et fonctionnalité digestive

## Mécanismes fréquents

### Fonction des espèces

Synthèse de vitamines

Antagonisme direct

Métabolisme des sels biliaires

Activités enzymatiques

Renforcement de la barrière intestinale

## Mécanismes rares

### Fonction des souches

Production de composants bioactifs

Ex: bactériocine

Effets immunologiques

Effets endocrinologiques

Effets neurologiques

## 2.4. Additifs alimentaires

### Les différents additifs étudiés\* chez les volailles

\* Faisant l'objet de publications référencées dans les bases de données Web of Science, PubMed

Acides organiques

Glucides (Prébiotiques, 'Fibres', MOS)

Probiotiques et symbiotiques

Enzymes : Digestives (Polysaccharidase, Phytase, protéases)

Plantes et extraits de plantes

Acides aminés

Vitamines

Argile

Charbon

Minéraux, oligoéléments

Bactériocine

Bactériophage et enzymes dérivées (Endolysine, ...)

Peptides antimicrobiens

...

# Plantes et extraits de plantes



Nombreux travaux



## Base de données en élevage

Institute for Ethnobotany and Zoopharmacognosy (IEZ) (Pays Bas) Aout 2005

[http://www.ethnobotany.nl/nieuwe\\_pagina\\_1.htm](http://www.ethnobotany.nl/nieuwe_pagina_1.htm)

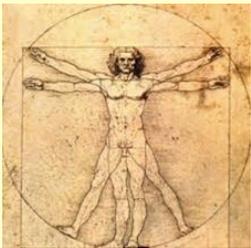
## Bases de données en santé Humaine

eBASIS : BioActive Substances in Food Information System (Européen)

<http://ebasis.eurofir.org/Default.asp>

Phenol Explorer (INRA; International)

<http://www.phenol-explorer.eu/>



Howe, D., M. Costanzo, et al. (2008). "Big data: The future of biocuration." Nature 455(7209): 47-50

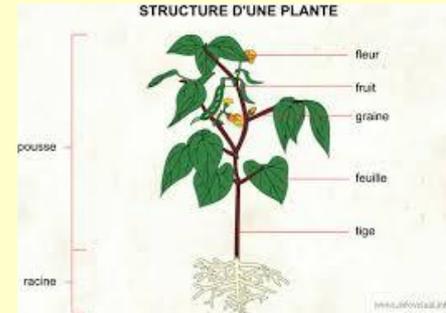
# Composition chimique

Très forte variabilité

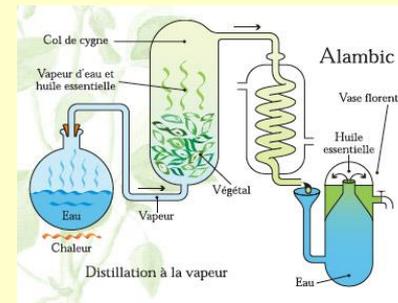
Inhérente à la plante



Génétique  
Technique agronomique

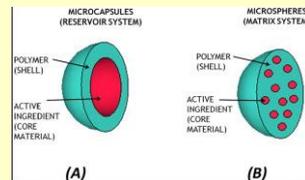


Traitements de la plante



Conditions de conservation (volatilité de ces composants)

Galénique



Fabrication des aliments



# Composition chimique

## Complexité des produits à base de plantes

Très grande diversité de molécules

6 catégories

(Scalbert et al 2011)

Glucides

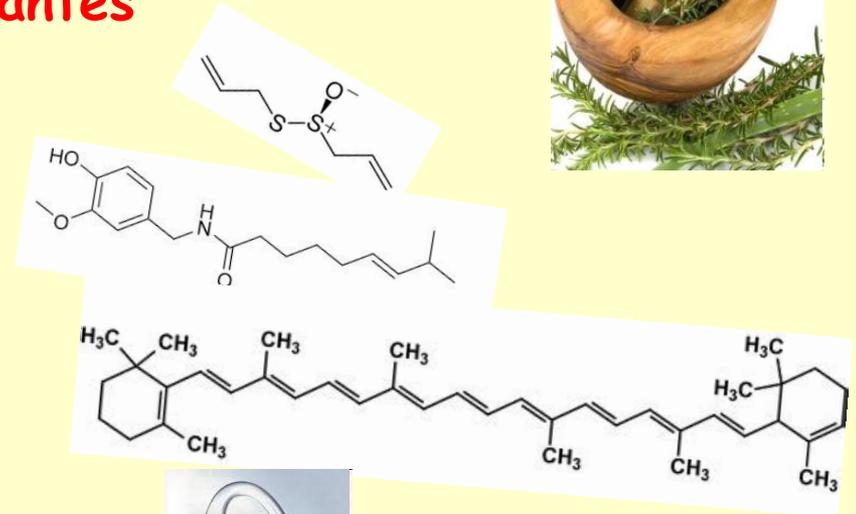
Acides organiques et lipides

Composés azotés

Alcaloïdes

Phénols

Terpénoïdes



## Complexité des huiles essentielles

7 catégories

(Malecky 2008)

Monoterpènes (C10) (+900)

Sesquiterpènes (C15) (+3 000)

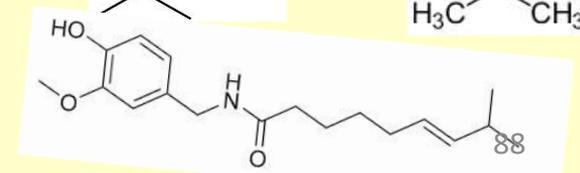
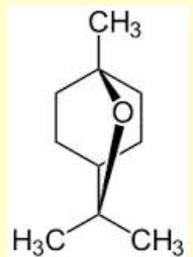
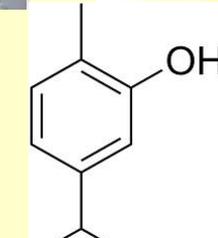
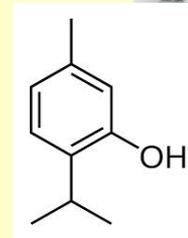
Diterpènes (C20) (+2 700)

Sesterpènes (C25) (+150)

Triterpènes (C30) (+1 700)

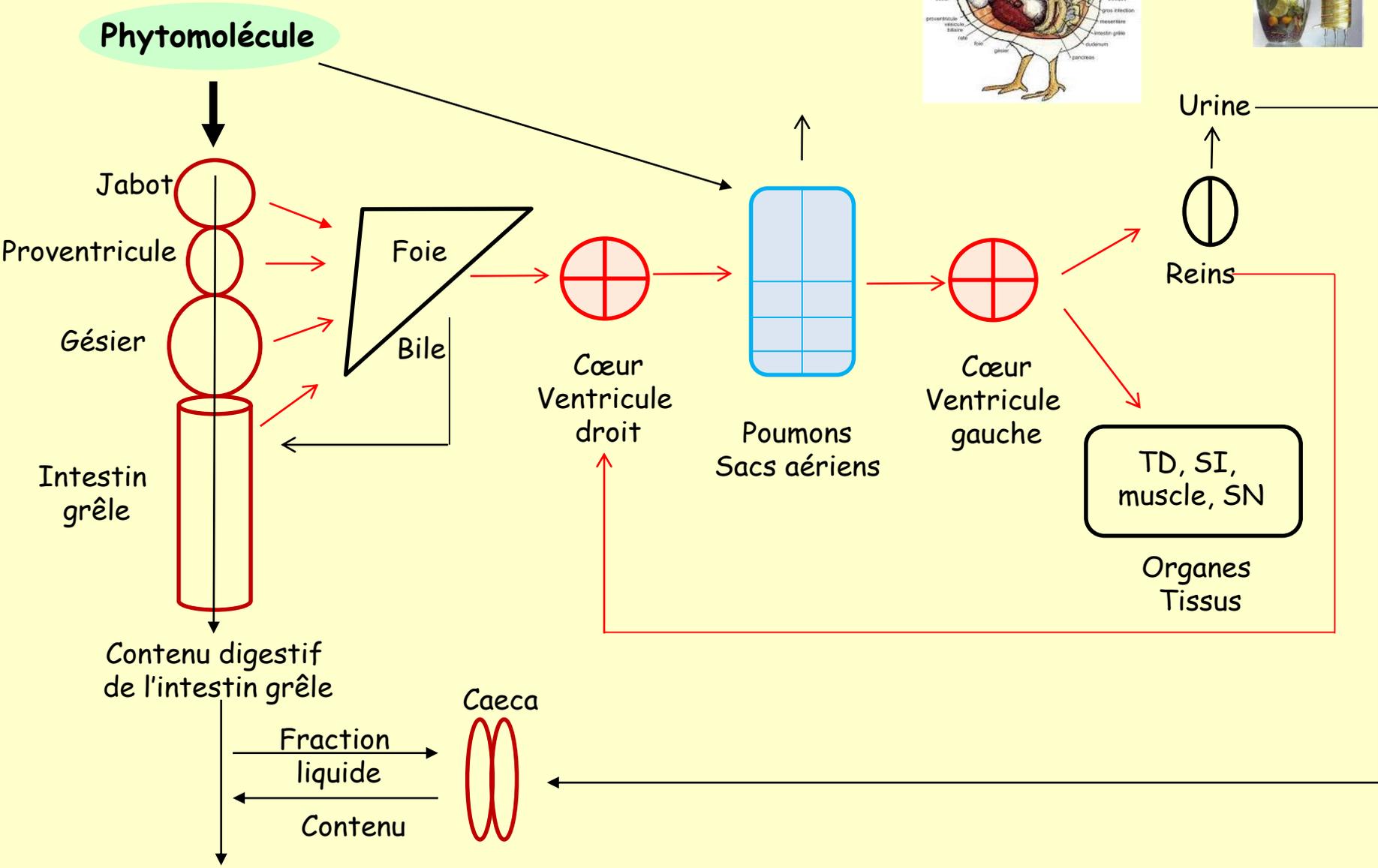
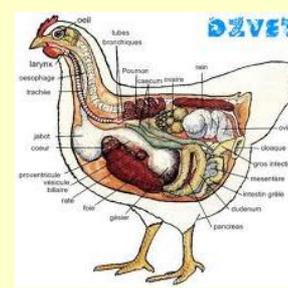
Tétraterpènes (C40)

Polyterpènes (+8 molécules d'isoprène)



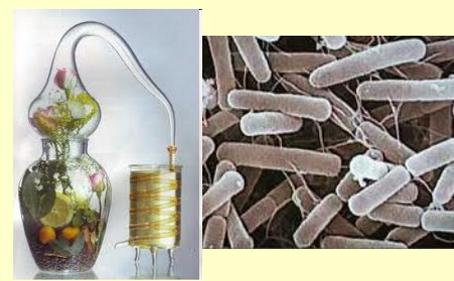
➔ Très grande variabilité de composition chimique

# Devenir potentiel dans le corps



# Hypothèse des modes d'action des plantes et extraits de plantes sur les microorganismes

Exemple des huiles essentielles sur les bactéries In vitro



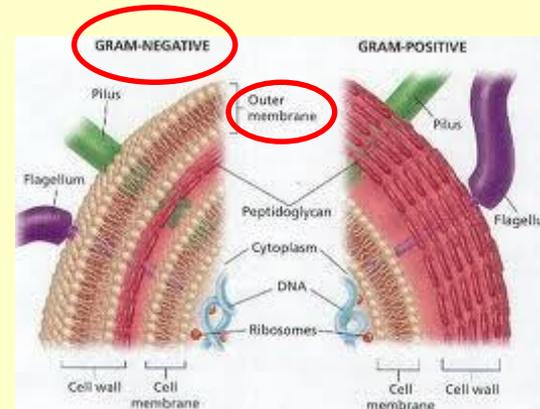
## Effets négatifs sur la croissance des bactéries du TD

(Dorman et Deans, 2000; Ouwehand et al, 2010)

Plus particulièrement  
sur les bactéries  
à Gram +

Fonction des molécules

Gram -  
Certaines  
sensibles



Gram +  
Certaines  
insensibles

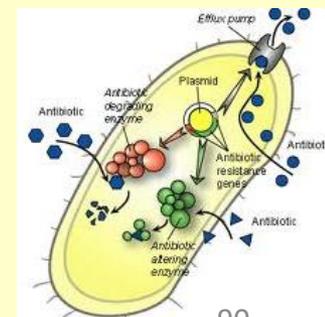
Mécanismes d'actions moléculaires très variables  
(Membranes, intra-cellulaire, quorum sensing, production de toxines ...)

Augmentation de la sensibilité par l'ajout de substances affectant  
la membrane externe (Griffin et al, 2001)

Stimulation de la croissance de certaines bactéries  
(Ouwehand et al, 2010)

Rq : Création de résistance chez les bactéries

Molécule seule ... Mélanges complexes



# Propriétés des HE dépendent de

## Composants principaux

Pas de relation simple entre structure et fonction

Différences d'activité entre isomères / stéréo-isomères

Phénomènes de **synergie** / antagonisme

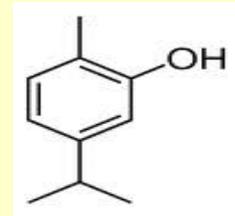
Composants mineurs (Wang et al, 2008)

Modulation de l'activité des composants principaux (Bakkali et al, 2008)

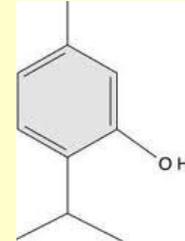
Composés non déterminés

→ **HE complètes plus efficaces** que la somme de leurs composants majoritaires (Gill et al, 2002 ; Mourey et Canillac, 2002)

Carvacrol



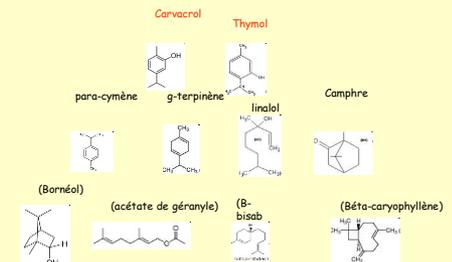
Thymol

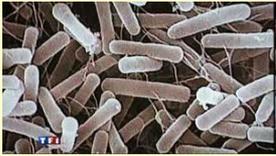


1,8-cinéole



$\alpha$ -pinène





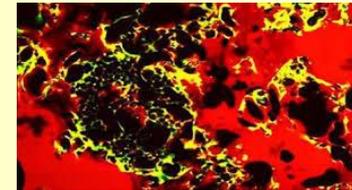
# Effets sur le microbiote digestif (1)

Dépendent de plusieurs facteurs

Matrice complexe des contenus digestifs (riche en MO)

→ Concentration inhibitrice + élevée que *in vitro*

Ex: Carvacrol dans une matrice alimentaire (Kim et al, 1995)  
1.5% au lieu de 0.1% *in vitro*

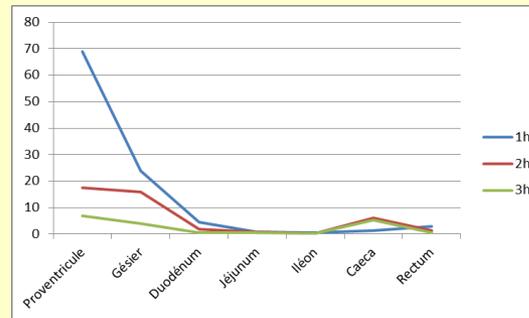


<http://www.gepea.fr>

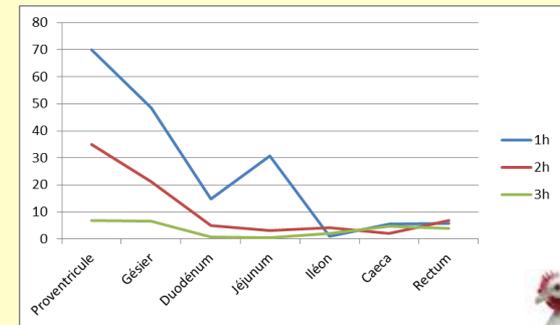
## Absorption

Taux de rétention du carvacrol  
(5 ou 29 mg / g d'aliment ou sous  
forme de microparticules)  
(Zhang et al, 2014)

### Dans l'aliment



### Encapsulé



Temps de transit Intestin grêle : environ 1h - 1h15  
Caeca : long (Vidange 1 à 2 fois/j)

Reflux urinaire

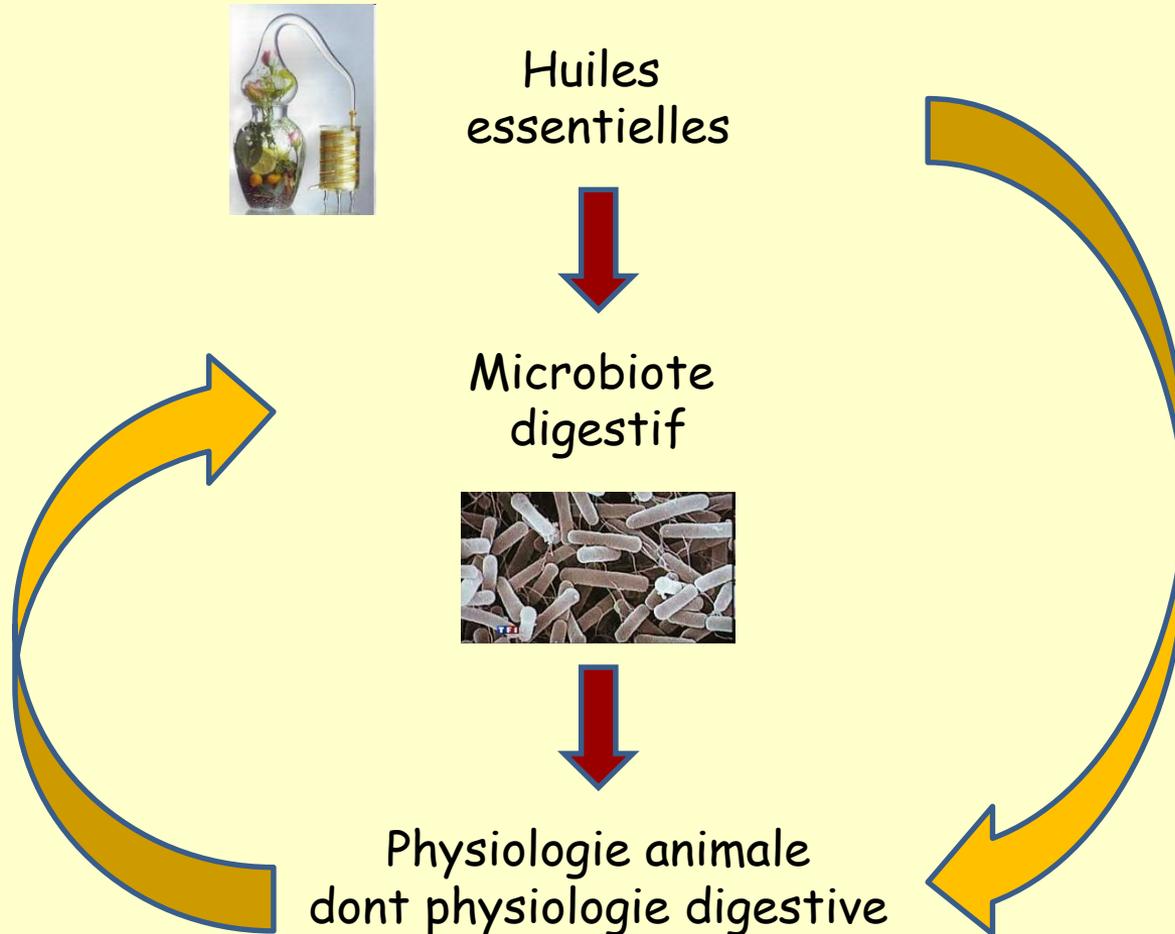


Modifications + importantes dans les caeca par rapport à l'intestin grêle  
(Tiihonen et al, 2010; Guardia et al, 2011)

Action dépendante de la **composition des microbiotes** (Intestin grêle ≠ caeca)



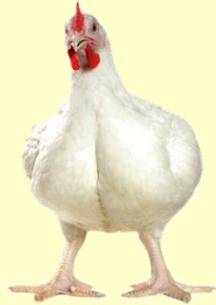
## Effets sur le microbiote digestif (2)



# Effets des additifs rapportés dans la littérature

Seuls ou en combinaison (synergie)

## Résultats



Performances de croissance

Ingéré

Croissance

Indice de consommation

Mortalité

Santé digestive (dont **microbiote**)

Immunité

Qualité des produits

## Réponses variables

Effets bénéfiques

Absence d'effet

Effets néfastes

Effets sur le microbiote  
Pas d'effet sur l'animal

## Selon les conditions

Produit      Composition / Dose / Mode d'administration

Animal      Génétique, sexe / Age / Etat physiologique

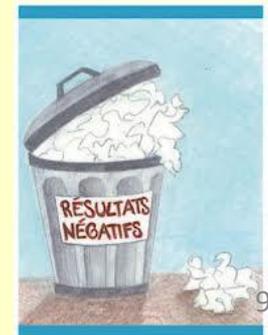
Environnement d'élevage

Alimentation



Biais de publication

Résultats positifs



# En résumé ...

Microbiote digestif :  
un équilibre complexe

