



HAL
open science

Inventaire moléculaire de l'écosystème caecal du lapin : résultats préliminaires

Laurent L. Cauquil, Valérie Monteils, Jean-Jacques Godon, Geraldine Mastin,
Sylvie Combes, Thierry Gidenne

► To cite this version:

Laurent L. Cauquil, Valérie Monteils, Jean-Jacques Godon, Geraldine Mastin, Sylvie Combes, et al..
Inventaire moléculaire de l'écosystème caecal du lapin : résultats préliminaires. Journées de Restitution
du Département PHASE, Sep 2006, Tours, France. n.p. hal-02813148

HAL Id: hal-02813148

<https://hal.inrae.fr/hal-02813148>

Submitted on 6 Jun 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.

INVENTAIRE MOLECULAIRE DE L'ECOSYSTEME CAECAL DU LAPIN : RESULTATS PRELIMINAIRES

L. Cauquil^{1*}, V. Monteils¹, J.J. Godon², G. Mastin¹, S. Combes¹, T. Gidenne¹

¹INRA INP ENV Toulouse, UMR TANDEM, BP 52627, F-31326 Castanet-Tolosan.

²INRA, Laboratoire de biotechnologie de l'environnement 11100 Narbonne

INTRODUCTION

Dans le cadre de l'étude de la biodiversité de l'écosystème caecal, une première étape consiste à réaliser un inventaire moléculaire. Il s'agit à la fois d'obtenir une image des espèces associées à l'écosystème caecal « lapin », mais aussi de décrire la distribution au sein des grands groupes bactériens. Ce travail a déjà été réalisé chez d'autres espèces (porc, Leser et al., 2002; cheval, Daly et al. 2001). Chez le lapin, une seule étude avec un nombre limité de clones a été réalisée récemment (46 clones sur lapereaux âgés de 56 j, Abecia et al. 2005). L'objectif de notre étude est de compléter et d'enrichir l'inventaire moléculaire de l'écosystème caecal, chez le lapin adulte, en équilibre physiologique.

MATERIEL ET METHODES

Une banque aléatoire de 280 clones du gène complet codant pour l'ARNr16S (1500 pb), obtenu par amplification PCR avec des amorces bactériennes universelles, a été réalisée à partir d'un échantillon de contenu caecal d'un lapin âgé de 7

Acc	Org	Origine	Id
AB196432	<i>Variovorax sp.</i>	Soil	99
AY919923	u.b.	Feces of elderly human	99
DQ905060	u.b.	<i>Homo sapiens</i> faecal sample	99
AY993615	u.b.	Mouse caecum	99
DQ777919	u.b.	Rat faecal sample	99
AJ863543	u.b.	Rabbit caecum	99
AJ863539	u.b.	Rabbit caecum	98
DQ815741	u.b.	Mouse caecum	97
AB270018	u.b.	<i>Bos taurus</i> caecum	97
DQ905275	u.b.	<i>Homo sapiens</i> faecal sample	97
DQ394667	u.b.	Reinder rumen	97
DQ815580	u.b.	Mouse caecum	97
DQ394637	u.b.	Reinder rumen	97
DQ456201	u.b.	Turkey caecum	97

Tableau 1 : Récapitulatif de l'analyse des séquences des gènes d'ARNr16S de similitude $\geq 97\%$ par comparaison avec les séquences répertoriées dans la base GenBank du NCBI. Acc : accession number, Org : organism, Id : identity level

DISCUSSION ET CONCLUSION

Ces premiers résultats nous permettent d'appréhender une partie de l'écosystème caecal bactérien. Celui-ci est majoritairement composé de bactéries non cultivables et non décrites. On ne trouve que 5 séquences communes avec les séquences décrites par Abecia et al. (2005) dont 2 avec plus de 97 % de similarité.

En conclusion, cette étude a permis de montrer:

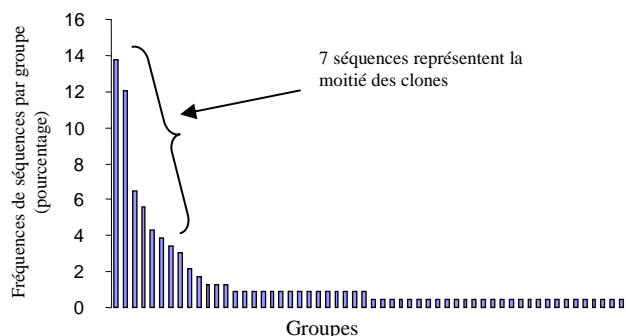
- 1) L'importance de la biodiversité de l'écosystème digestif chez le lapin.
- 2) Une probable modification des espèces bactériennes en fonction de l'âge et/ou des facteurs d'élevage compte tenu de la très faible redondance entre notre étude et celle d'Abecia et al. (2005).

mois. Le séquençage des clones a été effectué au Centre de Ressource de Génotypage et Séquençage de Toulouse. Les séquences ont été comparées avec celles de la base de données GenBank du site NCBI par BLASTN.

RESULTATS

Un total de 232 séquences complètes a été obtenu. Leur analyse a permis de distinguer 74 groupes de séquences bactériennes distinctes (Figure 1). Sept groupes représentent près de la moitié des clones obtenus. Quatorze séquences ont un pourcentage de similarité supérieur ou égal à 97% avec des séquences bactériennes déjà répertoriées parmi lesquelles, une seule correspond à une espèce bactérienne connue (Tableau 1). Il s'agit d'une bactérie du sol : *Proteobacteria Variovorax* sp C23 (*AB167201*). Par ailleurs, seules 2 séquences bactériennes précédemment décrites chez le lapin (Abecia et al, 2005), avec une similitude $\geq 97\%$ ont été retrouvées. Enfin, notre étude a permis de mettre en évidence 60 espèces nouvelles (similitude $< 97\%$).

Figure 1 : fréquences du nombre total de clones par groupe



La totalité des clones ayant été séquencée et analysée un travail de synthèse par construction d'un arbre phylogénique est en cours. Dans un second temps, chaque clone contenant une séquence du gène de l'ARNr16S bactérien sera analysé par SSCP (Single Strand Conformation Polymorphism). Ce travail permettra de suivre les différentes espèces identifiées, sur les profils SSCP des gènes d'ARNr16S des contenus caecaux, dans diverses situations expérimentales. Parallèlement, une démarche similaire est conduite pour l'écosystème ruminal en collaboration avec l'ENSAT.

REFERENCES

- Abecia, L., et al. (2005). *FEMS Microbiology Letters*, 244, 111-115.
- Daly, K., et al (2001). *FEMS Microbiology Ecology*, 38, 141-151.
- Leser, T.D., et al. (2002). *Applied and Environmental Microbiology* 68:673-690.