



HAL
open science

Métabolites microbiens dans le tractus digestif du poulet. Exemple chez des poulets de status métabolique différent

Irène Gabriel, J Lalande, Illa Tea, Florence Gondret, Sandrine Lagarrigue, Elisabeth Baéza, Agnès Narcy, Michel Jacques M.J. Duclos

► To cite this version:

Irène Gabriel, J Lalande, Illa Tea, Florence Gondret, Sandrine Lagarrigue, et al.. Métabolites microbiens dans le tractus digestif du poulet. Exemple chez des poulets de status métabolique différent. Journées du réseau NEM (Nutrition et Ecosystème Microbien), Apr 2014, Clermont-Ferrand, France. hal-03365428

HAL Id: hal-03365428

<https://hal.inrae.fr/hal-03365428v1>

Submitted on 5 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.

Métabolites microbiens dans le tractus digestif du poulet. Exemple chez de poulets de status métabolique différent.

Gabriel, I. ¹, Lalande, J. ³, Tea, I. ³, F. Gondret ², S. Lagarrigue², Baéza, E. ¹, Narcy, A. ¹, Duclos, M.J. ¹

¹ INRA, UR83 Recherches Avicoles, F-37380 Nouzilly

² INRA, UMR1348 Physiologie, Environnement et Génétique pour l'Animal et les Systèmes d'Elevage, F-35590 Saint-Gilles

³ Université de Nantes, CNRS, Chimie et Interdisciplinarité: Synthèse, Analyse, Modélisation (CEISAM), UMR 6230, B.P. 92208, 2 rue de la Houssinière, F-44322 Nantes Cedex 03

L'augmentation de l'utilisation de matières premières non conventionnelles en alimentation avicole, entraîne une substitution de l'amidon par des lipides comme source d'énergie, ce qui pourrait avoir une influence sur le microbiote digestif et sa fonctionnalité. Pour évaluer cet effet, des poulets génétiquement sélectionnés pour être maigre ou gras ont été alimentés avec des régimes isoénergétiques et isoprotéique avec une teneur en lipides élevé (8%) ou faible (2%) à partir de 22 jours jusqu'à l'abattage à 63 jours. Les métabolites digestifs présents dans l'intestin grêle (jéjunum) et les caeca ont alors été analysés par une approche métabolomique (RMN ¹H). Les métabolites détectés dans les 2 segments digestifs sont très différents et leur nombre est plus élevé dans les caeca (29 et 41 respectivement). Parmi les métabolites pouvant provenir du microbiote, certains composés sont présents dans les deux segments comme des acides gras à courte chaîne (AGCC) et d'autres acides organiques. Plusieurs métabolites sont trouvés seulement dans les caeca, comme des AGCC (n-butyrate, n-valérate, propionate), mais aussi leurs dérivés (3-(4'-hydroxyphényl)-propionate), un acide dicarboxylique (k-glutarate), des α -cétoacides (pyruvate, α -céto-isovalérate, α -céto- β -méthyl-valérate), une amine, la triméthylamine, une base pyrimidique, l'uracile, des monosaccharides (arabinose, galactose, xylose) et un acide aminé, la citrulline. Cette différence entre segments digestifs est probablement liée à la plus grande diversité de microbiote dans les caeca par rapport à l'intestin grêle. Une analyse statistique multivariée de ces données montre une grande variabilité inter-individuelle, et l'absence d'effet du régime ou du génotype.

En conclusion, cette étude suggère que la fonctionnalité du microbiote diffère entre les segments digestifs de l'appareil digestif du poulet. Cependant, aucune différence liée au status métabolique des animaux induit par leur génétique (maigre et gras), ou leur régime (source énergétique) n'a été détectée dans la fonctionnalité du microbiote digestif.