



HAL
open science

Comparaison du microbiote bactérien digestif de poulets sélectionnés sur leur énergie métabolisable

Irène Gabriel, Sarah S. Guardia, Barbara B. Konsak, Maryse Leconte, Sandrine Mignon-Grasteau, Patricia Rideaud, Carole Moreau-Vauzelle, Christele Dupont

► To cite this version:

Irène Gabriel, Sarah S. Guardia, Barbara B. Konsak, Maryse Leconte, Sandrine Mignon-Grasteau, et al.. Comparaison du microbiote bactérien digestif de poulets sélectionnés sur leur énergie métabolisable. Journées du réseau NEM (Nutrition et Ecosystème Microbien), Mar 2012, Jouy-en-Josas, France. hal-03390122

HAL Id: hal-03390122

<https://hal.inrae.fr/hal-03390122>

Submitted on 21 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.

COMPARAISON DU MICROBIOTE BACTÉRIEN DIGESTIF DE POULETS SÉLECTIONNÉS SUR LEUR ENERGIE METABOLISABLE



Irene.gabriel@tours.inra.fr



2010-2012

*UR 83, URA
37 380 NOUZILLY*

*UE 1206, UEASM
17 700 SURGÈRES*

Gabriel Irène
Guardia Sarah
Konsak Barbara
Leconte Maryse
Mignon-Grasteau Sandrine



Rideaud Patricia
Moreau-Vauzelle Carole
Dupont Christel



Production avicole en France



Forte concentration géographique

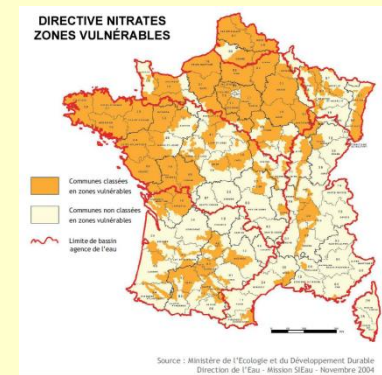
Impact environnemental négatif



Réduction des rejets

Voie alimentaire

Voie génétique



Sélection divergente d'animaux sur leur efficacité digestive (EMAn)
= plus faible producteur de rejets

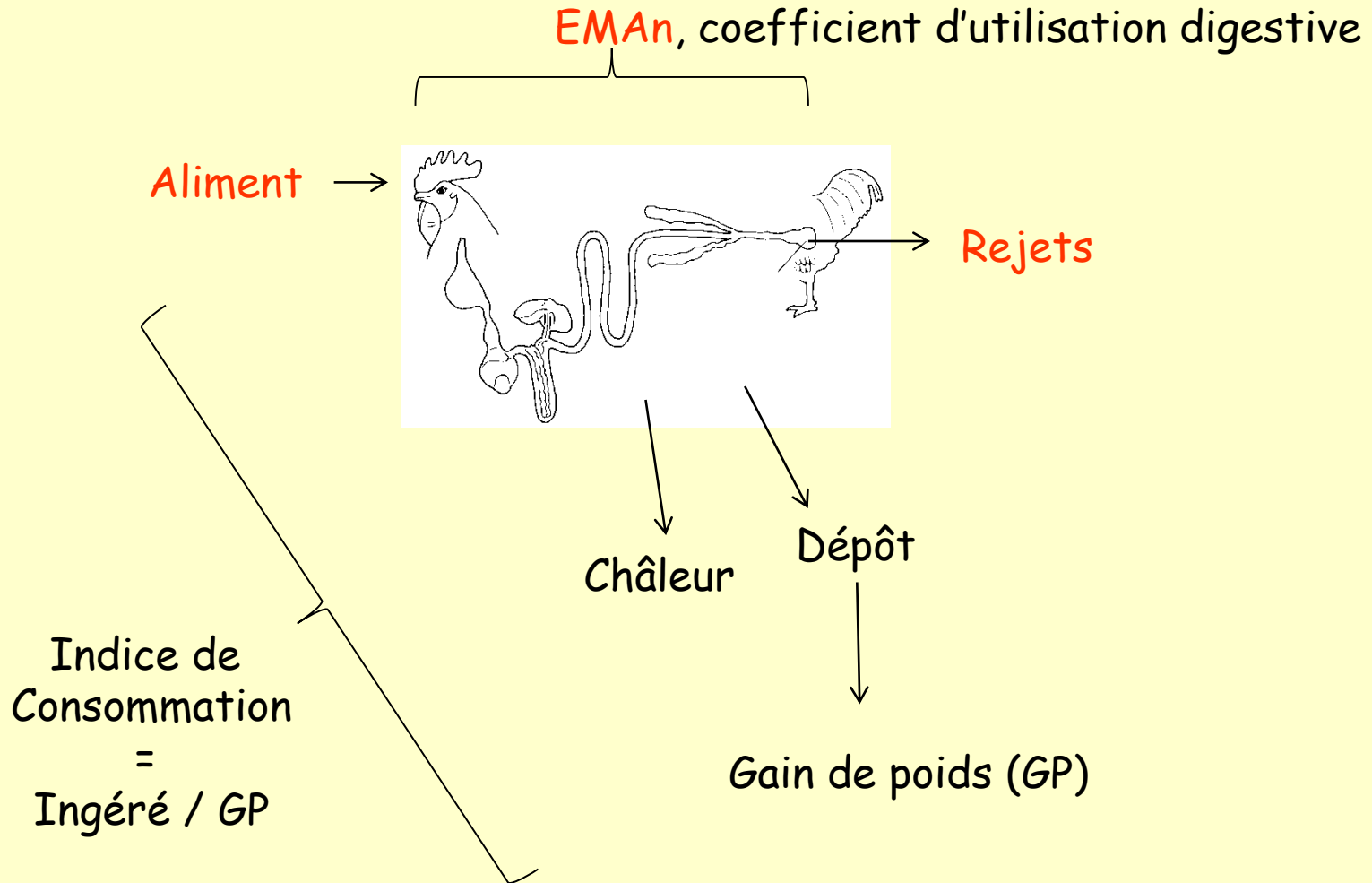
Avec un régime riche en blé de forte viscosité (blé Rialto 52,5%)
avec des PNAH* (arabinoxylane) / Anticoccidien (Robenidine)



Rechercher les zones du génome impliqués dans le déterminisme de ces caractères
Recherche des mécanismes physiologiques impliqués

* PNAH : polysaccharides non amylacés hydrosolubles

EMAn : Energie métabolisable apparente à bilan azoté nul



EMAn : Energie métabolisable apparente à bilan azoté nul



Energie brute de l'aliment

→ Féces

↓
Energie digestible*

→ Urine

↓
Energie métabolisable

EM : Estimation globale de l'efficacité digestive

EMA : EM apparente ; ne prend pas en compte les pertes d'origine endogène (fécale et urinaire)

EMAn : EMA à bilan azoté nul ; correction pour un bilan azoté nul (suppression des variations d'origine métabolique)

* Non utilisé chez l'oiseau du fait de l'excrétion simultanée au niveau du cloaque des fécès et de l'urine

EMAn : Energie métabolisable apparente à bilan azoté nul

$$EMAn = (EB_{\text{Aliment}} - EB_{\text{Excreta}}) / Q_{\text{Aliment}}$$

Exprimée en kcal/kg

EB excreta (féces + urine) :

- EB composants alimentaires non digérés* par l'hôte** / non utilisés par les **microorganismes**
- EB endogène non digéré par l'hôte** / non utilisé par les **microorganismes**
- EB composants des **microorganismes*****
- EB des composants urinaires non utilisés par l'hôte / **microorganismes**

* Le développement et le fonctionnement digestif dépend en partie des **microorganismes**

** Substrat potentiel pour les **microorganismes**

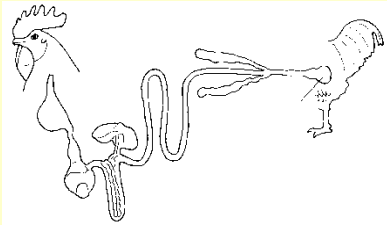
** 10 % de la MS des féces, 25% des protéines



Sélection génétique d'animaux sur leur EMAn



**Modification du
fonctionnement
digestif**



Modification du biotope
Paramètres
physico-chimiques,
substrats disponibles



**Microbiote
digestif**



Expérience n°1 : Matériels et méthodes

Recherche du site digestif le plus discriminant

Animaux

Deux lignées divergentes de poulets (D+ et D-) sélectionnés sur leur EMAn, 9^{ème} génération, population FO (Mignon-Grasteau et al, 2004)

200 animaux (mâles et femelles)



Conditions d'élevage : Au sol de 1 à 12 j (200), puis en cages individuelles (72)



Régime : Régime de sélection (20.5% de protéines et 2 943 kcal/kg)
Anticoccidien : produit de synthèse sans effet connu sur les bactéries digestives (Clinacox ®)



Mesure des performances zootechniques : Consommation, croissance

Etude au niveau de la sphère digestive

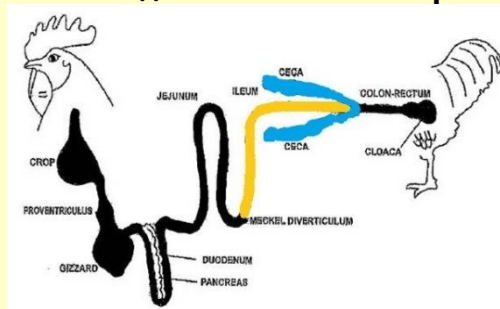
- Poids d'organes digestifs
- Microbiote digestif : **Pool de 6 animaux**

Etude du microbiote digestif

Prélèvements digestifs (23 j)

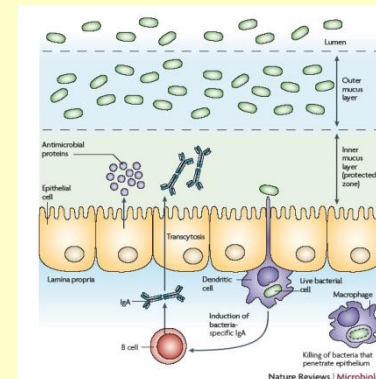
Segments digestifs

Intestin grêle : lieu de la digestion
Caeca : microbiote le plus concentré



Localisation

Contenus digestifs
Au niveau des muqueuses



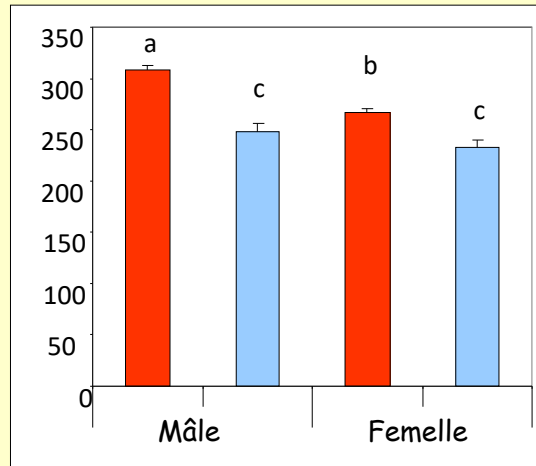
Méthode d'étude du microbiote

Approche globale : Empreinte moléculaire (TTGE)
Approche ciblée quantitative : qPCR

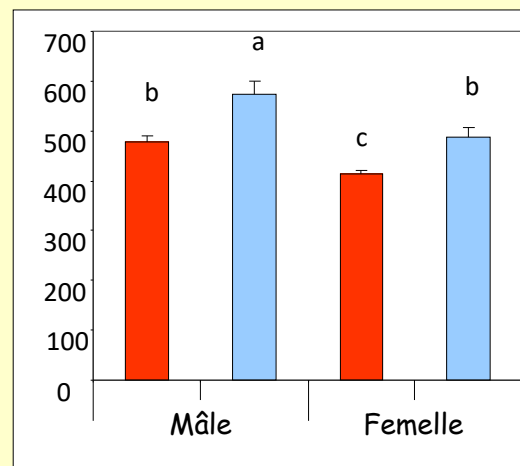
Données zootechniques

■ D+ ■ D-

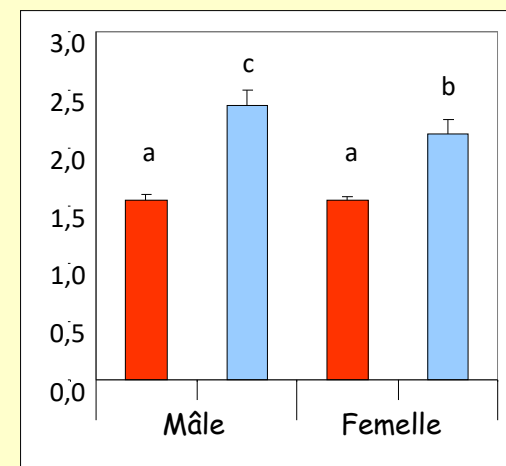
GP 12-22 j (g)



Consommation 12-22 j (g)

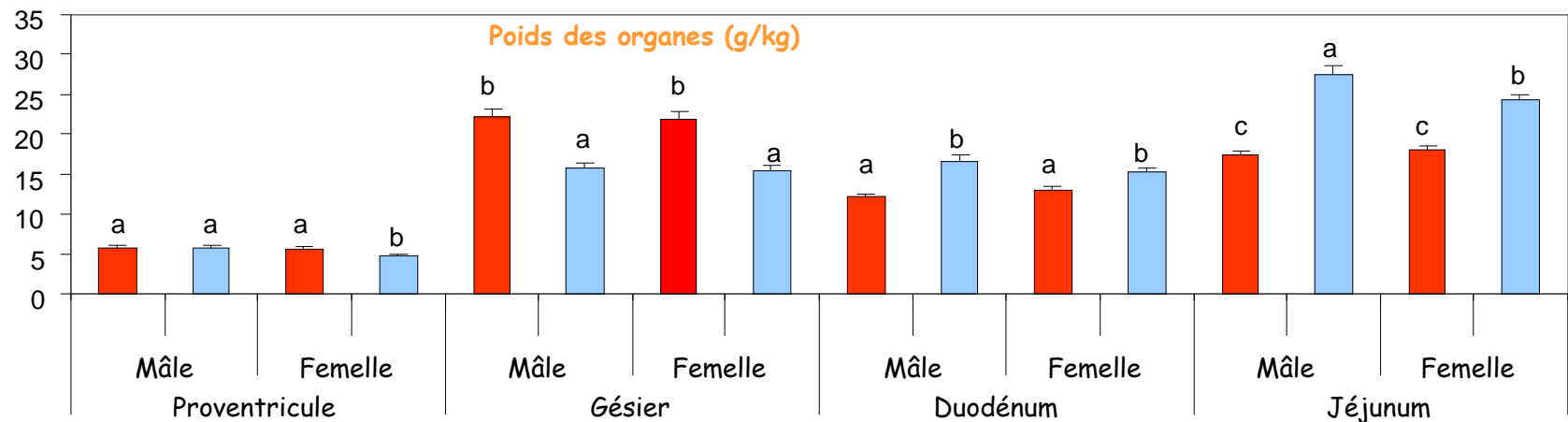


IC 12-22 j



Organes digestifs

Poids des organes (g/kg)





Analyse du microbiote digestif

Analyse globale → Empreinte moléculaire (TTGE)

6 pools de 6 animaux / lignée



Profils TTGE de contenus de caeca
des poulets des lignées D+ et D-

Analyse statistique des gels

$$S = \begin{pmatrix} \cdot & & & & \\ S_{2,1} & \cdot & & & \\ S_{3,1} & S_{3,2} & \cdot & & \\ S_{4,1} & S_{4,2} & S_{4,3} & \cdot & \\ \vdots & \vdots & \vdots & \vdots & \vdots \\ S_{N,1} & S_{N,2} & S_{N,3} & \dots & S_{N,N-1} \end{pmatrix}$$

Matrice de similarité (coefficient de Pearson)

Analyse statistique de la similarité (ANOSIM) entre les profils

Valeur R d'ANOSIM indique le degré de similarité des groupes

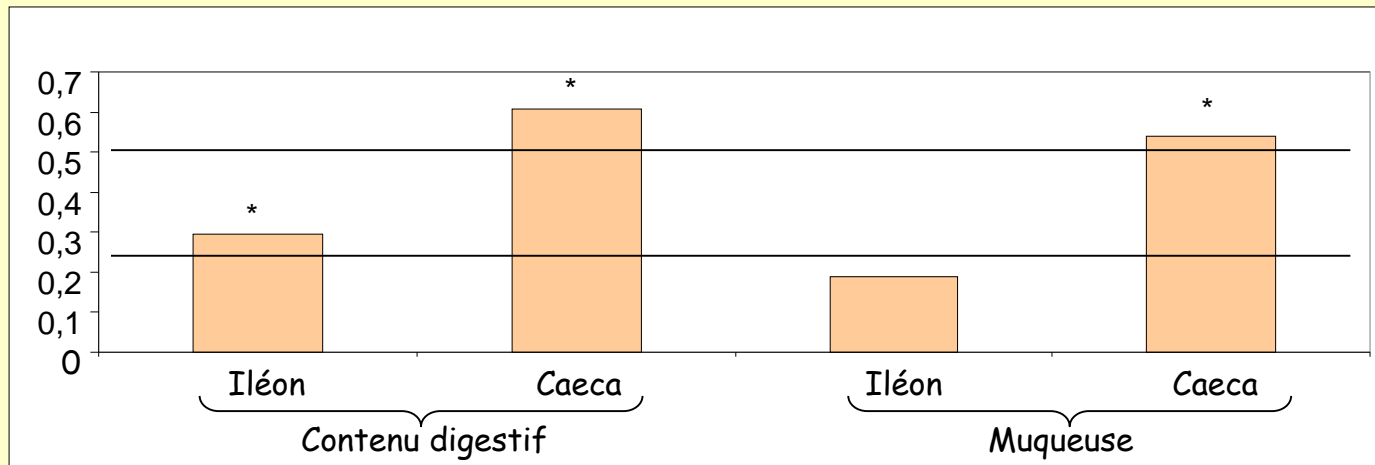
Si $p < 0,05$ et $R > 0,25$ les groupes sont significativement différents

Si $p < 0,05$ et $0,25 < R < 0,5$, les groupes sont séparés mais avec de très forts recouvrements

Si $p < 0,05$ et $0,5 < R < 0,75$, les groupes sont séparés mais avec des recouvrements

Si $p < 0,05$ et $R > 0,75$, les groupes sont bien séparés

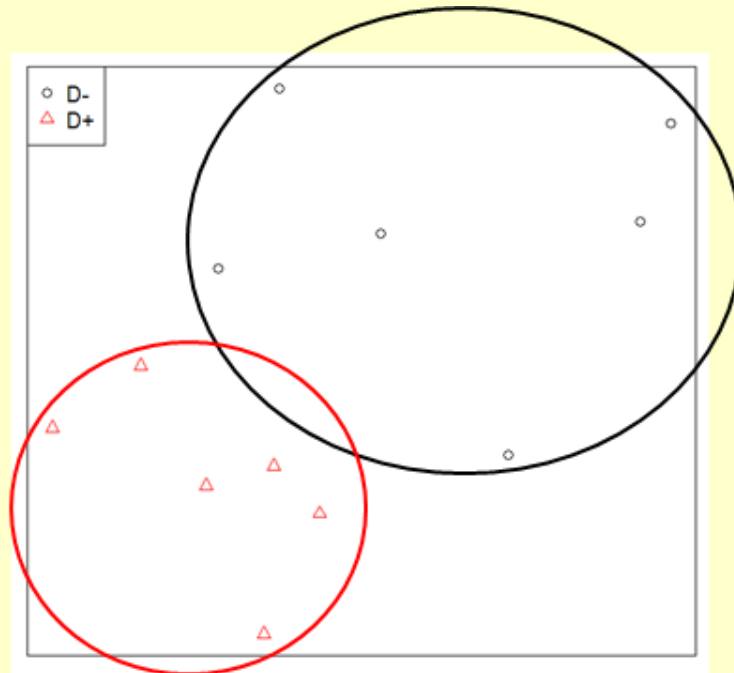
Distances entre profils déterminées par ANOSIM (Matrice de distance de Pearson)



Représentation graphique de l'analyse statistique des gels

Valeurs de similarités représentées graphiquement par une technique de nMDS (non Metric Multidimensional Scaling)

Représentation nMDS à deux dimensions des profils TTGE de contenus de caeca des poulets des lignées D+ et D- (Index de similarité de Pearson)



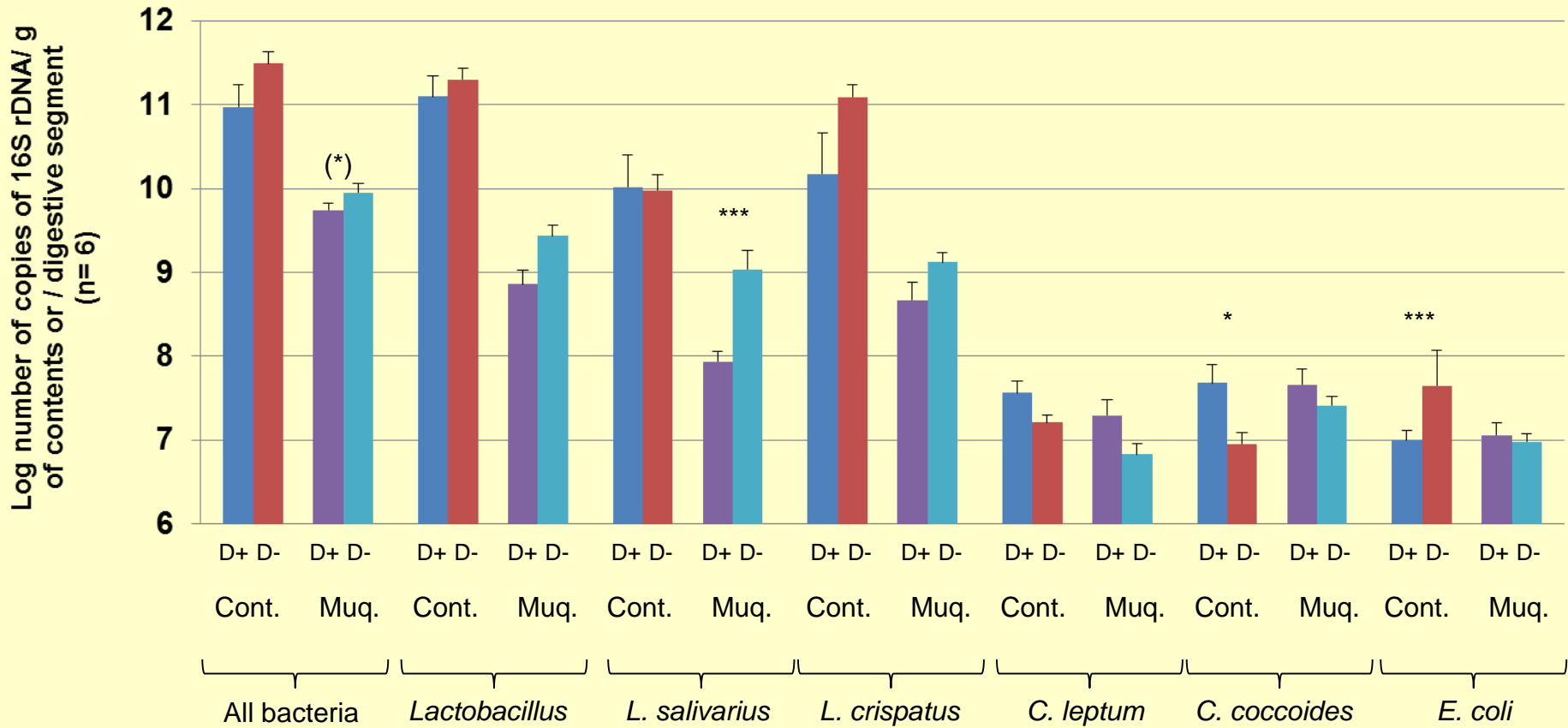
Conclusion Différence de microbiote digestif au niveau des contenus digestifs iléaux et caecaux, et au niveau de la muqueuse caecale

Identification d'espèces bactériennes spécifiques des groupes D+ et D-

		D+	D-
Contenus digestif	Iléon	Organisme filamenteux segmentés (long) (99%)	<i>Lactobacillus crispatus</i> (99%)
	Caeca		<i>E. coli</i> (99%)
Muqueuse	Iléon		
	Caeca	<i>E. coli</i> (100%)	<i>L. salivarius</i> (100%)

Analyse quantitative ciblée (qPCR)

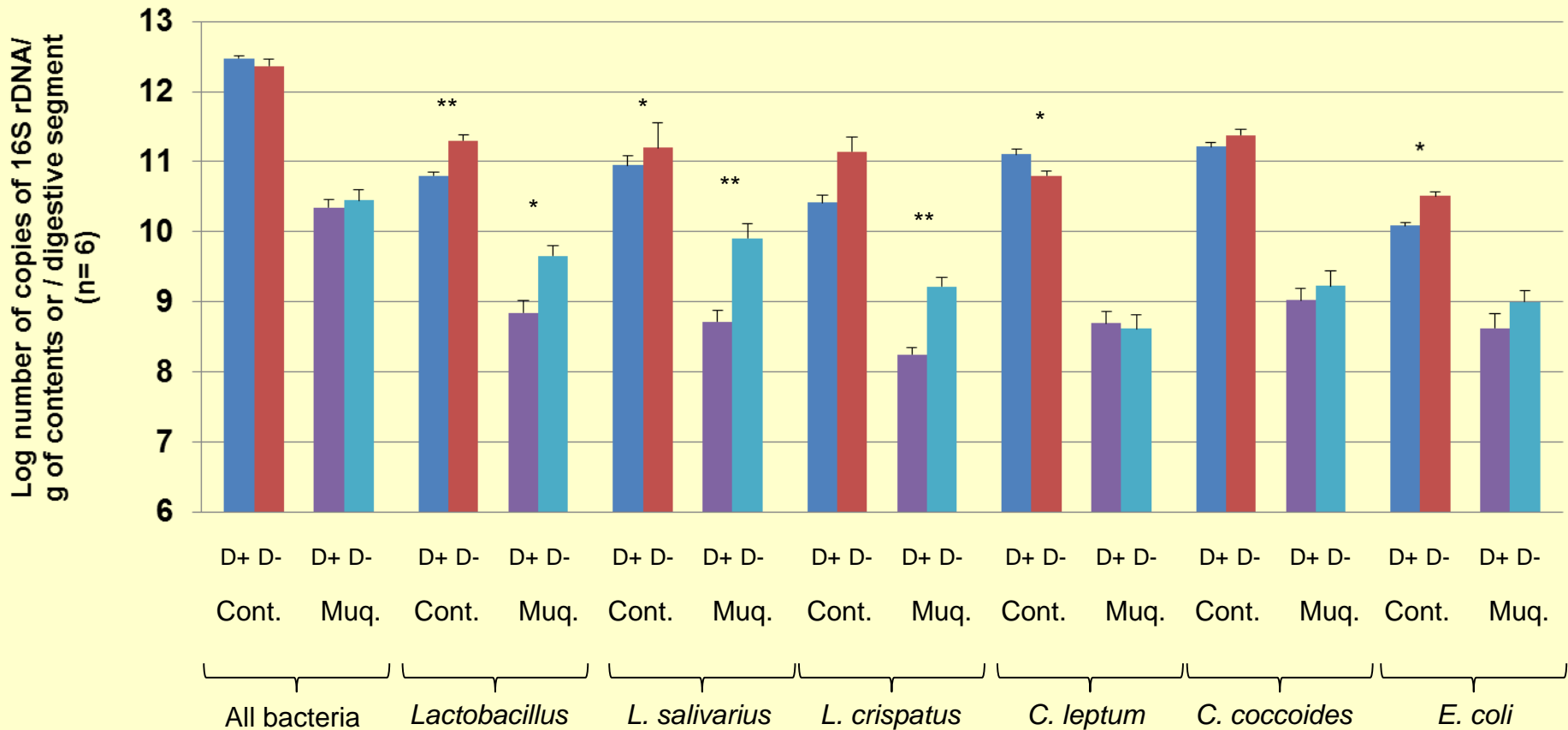
Ileum: Major bacterial groups



* p<0,05; ** p<0,01; *** p<0,001

Analyse quantitative ciblée (qPCR)

Ceca: Major bacterial groups



* p<0,05; ** p<0,01; *** p<0,001

Bilan : Analyse du microbiote digestif

Microbiote des **forts AMEn** par rapport aux faibles AMEn

Contenus digestifs

	Iléon	Caeca
Toutes bactéries	TTGE : Profils différents (R=0,29)	TTGE : Profils différents (R=0,61)
Lactobacilles	<i>L. crispatus</i> : TTGE (-)	<i>Lactobacillus</i> : qPCR (/3) <i>L. salivarius</i> : qPCR (/2) <i>L. crispatus</i> : qPCR (/5) **
Clostridies	LOFS* : TTGE (+) <i>C. coccoides</i> : qPCR (x5)	<i>C. Leptum</i> : qPCR (x2)
Entérobactéries	<i>E. coli</i> : qPCR (/4)	<i>E. coli</i> : TTGE (-) qPCR (/2,5)

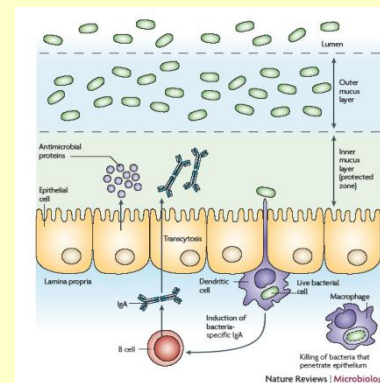
* LOFS : Long Organismes Filamenteux Segmentés (Cluster I)

** p<0,10

Bilan : Analyse du microbiote digestif

Microbiote des **forts AMEn** par rapport aux faibles AMEn

Muqueuse



	Iléon	Caeca
Toutes bactéries	qPCR (/1,5)*	TTGE : Profils différents (R=0,54)
Lactobacilles	<i>L. salivarius</i> : qPCR (/13)	<i>Lactobacillus</i> : qPCR (/6) <i>L. salivarius</i> : T TGE (-), qPCR (/15) <i>L. crispatus</i> : qPCR (/9)
Clostridies		
<i>E. coli</i>		<i>E. coli</i> : TTGE (+)

* p<0,10

Expérience n°2 : Matériels et méthodes

Etude des relations entre EMAn et microbiote digestif

Animaux

Deux lignées divergentes de poulets (D+ et D-) sélectionnés sur leur EMAn, 9^{ème} génération, croisement F2 (Mignon-Grasteau et al, 2004)

4 lots de 216 animaux (mâles et femelles)

Conditions d'élevage / Régime

Mêmes conditions que l'expérimentation n°1

Mesure de l'EMAn de 17 à 20 j → 3 groupes d'EMAn

Groupe 1 : $2768 \pm 41,2$ kcal/kg

Groupe 2 : $3311 \pm 20,0$ kcal/kg

Groupe 3 : $3515 \pm 11,4$ kcal/kg

Prélèvements digestifs (23 j) : 36 animaux / lot

Segments digestifs / Localisation

D'après les premiers résultats obtenus avec la population F0

→ Contenus digestifs de caeca

Méthode d'étude du microbiote

Quantifications par qPCR des groupes majoritaires : **Echantillons individuels**



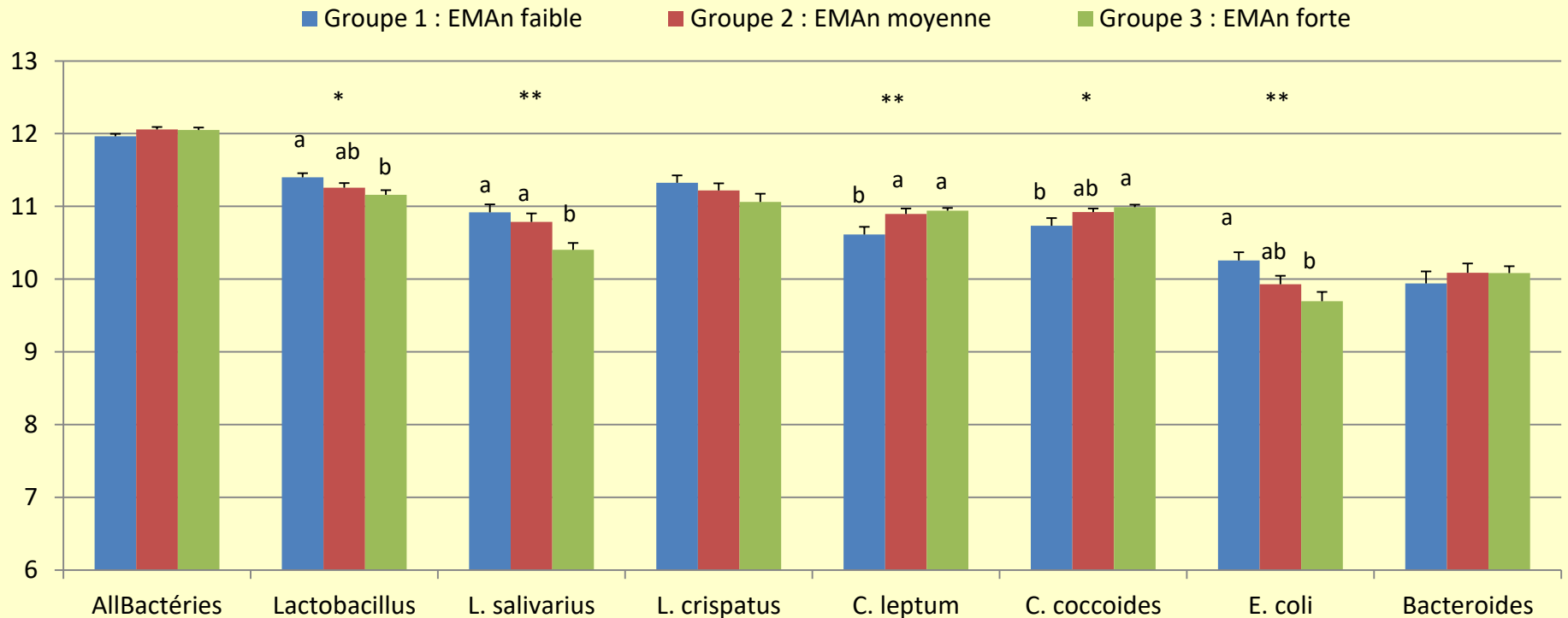
Analyse du microbiote digestif

Analyse quantitative ciblée (qPCR)

Contenus digestifs de caeca

Expérience n°2 : 1^{er} résultats

Log Nb de copies d'ADNr 16S / g de contenu (n=46)



Microbiote digestif des animaux à forte EMAn par rapport aux animaux à faible EMAn

		Lactobacilles	Clostridies	Entérobactéries
Population FO (pool d'animaux)	Contenu Iléon	<i>L. crispatus</i> (-)	LOFS (+) <i>C. coccoides</i> (+)	<i>E. coli</i> (-)
	Contenu Caeca	<i>Lactobacillus</i> (-) <i>L. salivarius</i> (-) <i>L. crispatus</i> (-)	<i>C. leptum</i> (+)	<i>E. coli</i> (-)
	Muqueuse Iléon	<i>L. salivarius</i> (-)		
	Muqueuse Caeca	<i>Lactobacillus</i> (-) <i>L. salivarius</i> (-) <i>L. crispatus</i> (-)		<i>E. coli</i> (+)
Croisement F2 (Ech individuel)	Contenu Caeca	<i>Lactobacillus</i> (-) <i>L. salivarius</i> (-)	<i>C. leptum</i> (+) <i>C. coccoides</i> (+)	<i>E. coli</i> (-)

* LOFS : Long Organismes Filamenteux Segmentés (Cluster I)

Conclusion

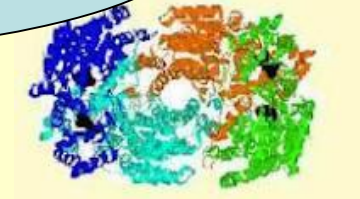
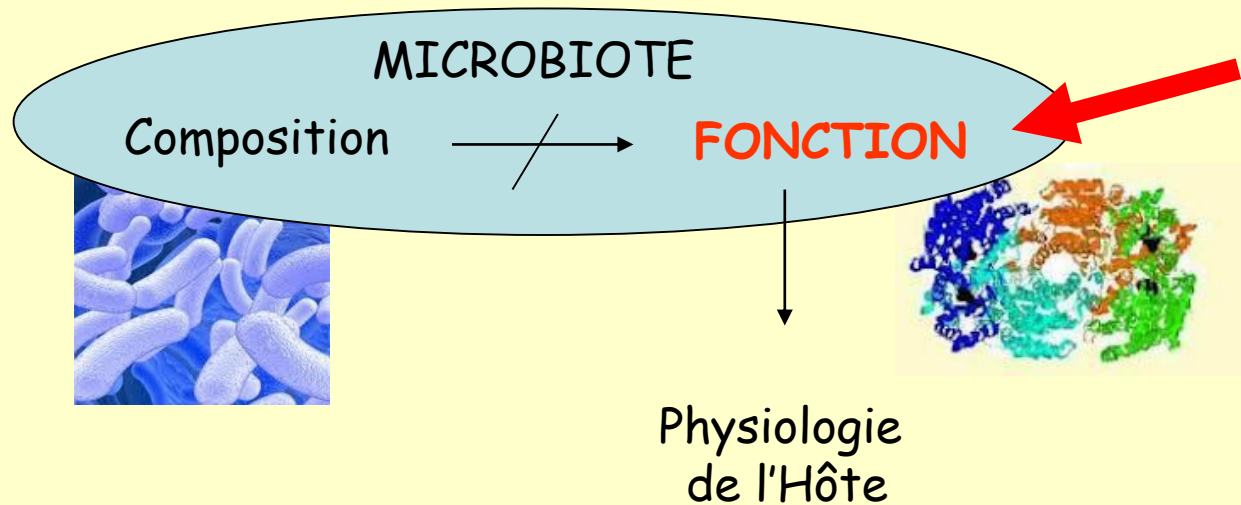
Sélection génétique sur l'EMAn

- Modification composition du microbiote au niveau iléale et caecal, à la fois dans les contenus digestif et au niveau des muqueuses

Phénotype Individ

Génotype
Microbiote
Environnement

Interactions



Merci de votre attention

URA , Nouzilly

Duclos Michel
Guardia Sarah
Konsak Barbara
Leconte Maryse
Mignon-Grasteau Sandrine

UEASM, Surgères

Rideaud Patricia
Moreau-Vauzelle Carole
Dupont Christel

MICALIS, Jouy-en-Josas

Doré Joël
Furet Jean-Pierre
Levenez Florence

TANDEM, Toulouse

Cauquil Laurent
Combes Sylvie

