



HAL
open science

Piloter l'installation du microbiote des animaux d'élevage : les technologies de séquençage pour explorer les communautés bactériennes

Sylvie Combes

► **To cite this version:**

Sylvie Combes. Piloter l'installation du microbiote des animaux d'élevage : les technologies de séquençage pour explorer les communautés bactériennes. 21EME COLLOQUE DE L'INFRASTRUCTURE INRAE GENOMICS, INRAE, Nov 2023, Bordeaux, France. hal-04354371

HAL Id: hal-04354371

<https://hal.inrae.fr/hal-04354371>

Submitted on 19 Dec 2023

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.



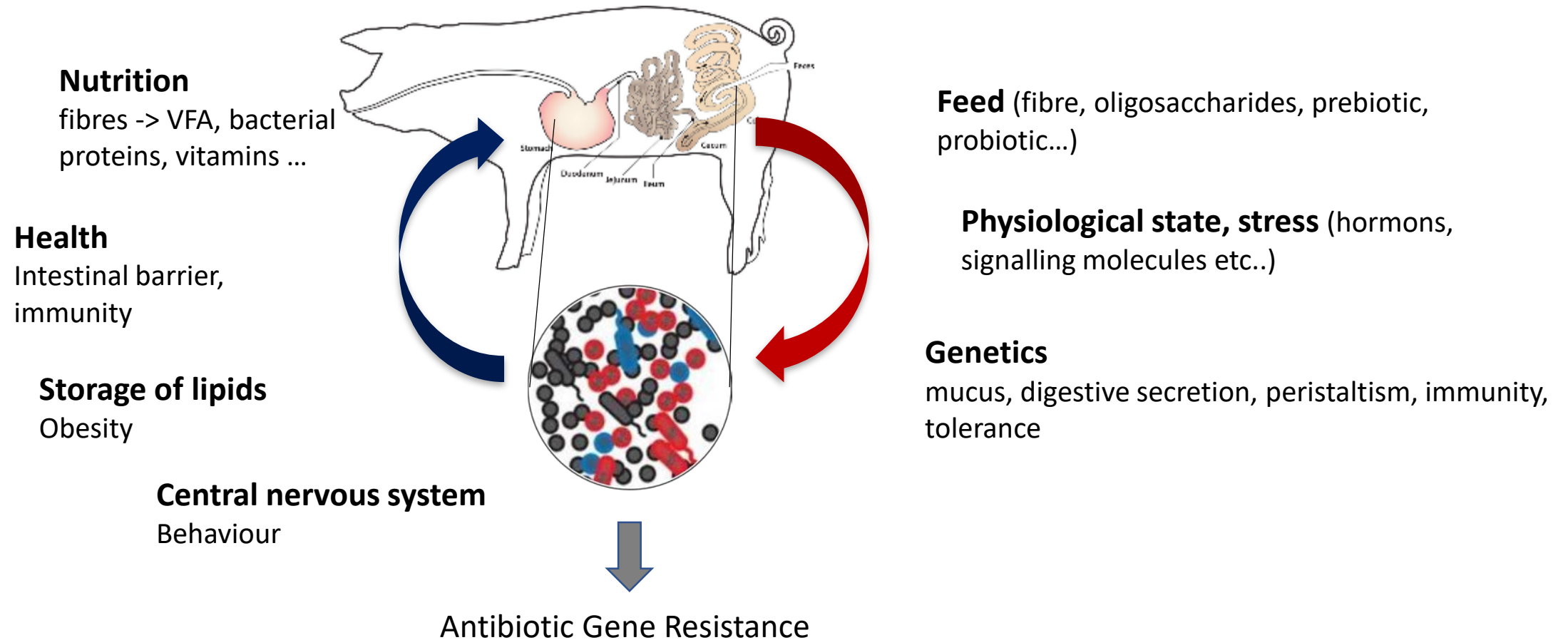
➤ **Piloter l'installation du microbiote des animaux d'élevage : les technologies de séquençage pour explorer les communautés bactériennes**

Sylvie Combes

UMR GenPhySE, INRAE Occitanie Toulouse
Equipe « Nutrition et Ecosystème Digestif »

sylvie.combes@inrae.fr

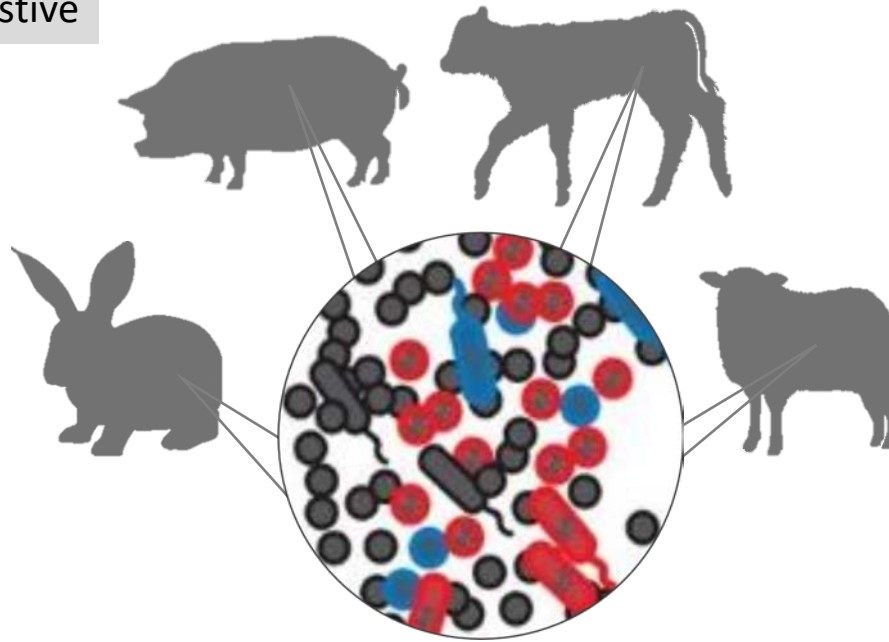
➤ Pourquoi piloter le microbiote intestinal



➤ Piloter pour optimiser l'holobionte : pour quel bénéfice écosystémique ?

- Améliorer l'efficacité digestive

- Améliorer la résistance à la colonisation par les pathogènes



- Limiter la production de méthane (*archée*)

- Améliorer la qualité de la viande (*métabolisme musculaire, scatol, qualité des lipides*)

- Améliorer le bien-être

- Limiter le transfert de gènes de résistance aux antibiotiques

- Préserver la santé (*barrière intestinale*)

➤ Caractérisation des microbiotes pour les piloter

- Qui est là ? En quelle abondance ? → connaissance taxonomique
- Quelle dynamique ? Comment évoluent les communautés ? → colonisation, résistance et résilience aux perturbations
- Quelles fonctions en lien avec les services écosystémiques?



➤ Caractérisation des microbiotes

Connaissance taxonomique des microbiotes

Le postulat de l'iceberg :



20 to 30%

Microbiote dominant

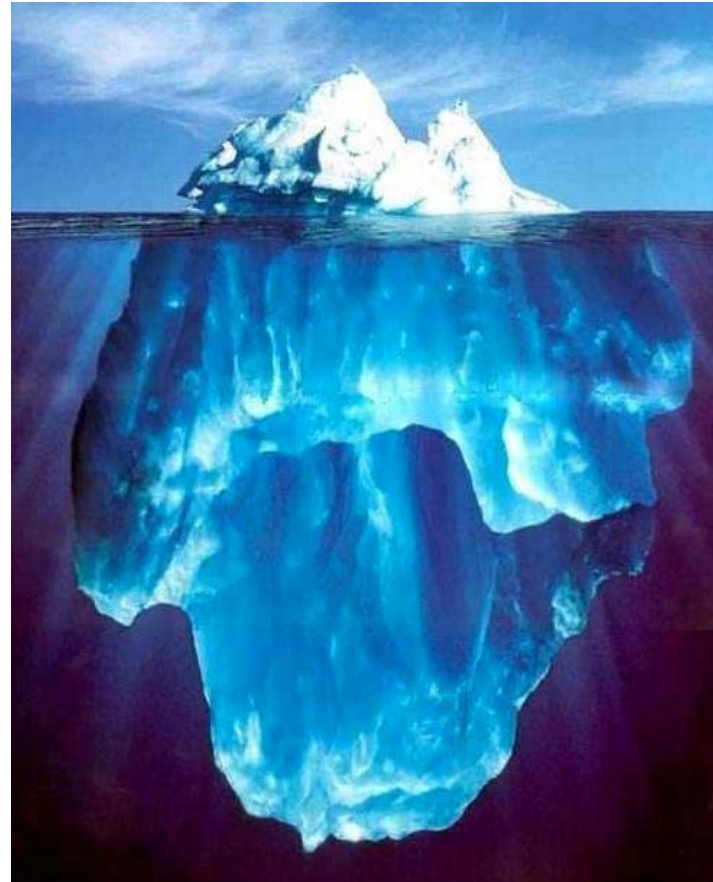


(Suau et al., 1999)

➤ Caractérisation des microbiotes

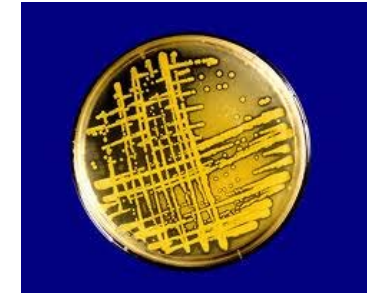
Connaissance taxonomique des microbiotes

Le postulat de l'iceberg :



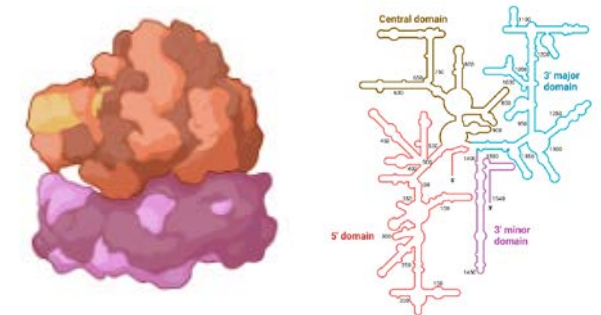
Microbiote dominant

20 to 30%



(Suau et al., 1999)

Re-évaluation par
approches moléculaires
indépendantes de la culture



➤ Caractérisation des microbiotes

Connaissance taxonomique des microbiotes

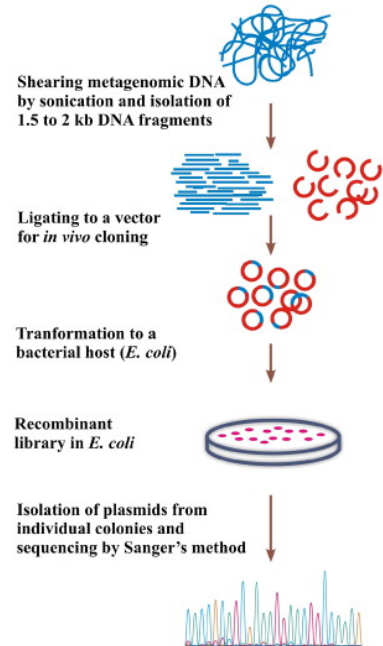
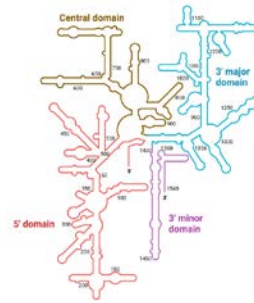


Table 1. Distribution of the 228 clones within the 70 OTUs (with identity cut-off 97% between the sequences of clones) according to the similarity of sequence with the NCBI database

OTU name	% of similarity*	Nearest sequence in the NCBI database	Origin of the nearest sequence	Number of clones in the OTUs	Cluster
NED1D3	99	UB DQ905060	Human faeces	2	VI
NED2D4	99	UB AY993615	Mouse caecum	2	IV
NED2F10	99	UB DQ777919	Rat faeces	2	VI
NED1B6	99	<i>Variovorax</i> sp. AB196432	Soil	1	I
NED1E5	98	UB AJ863539	Rabbit caecum	13	IV
NED2D1	98	UB AB264069	Dugong faeces	2	II
NED2F5	97	UB DQ824540	Human faeces	10	VI
NED2A9	97	UB DQ815741	Mouse caecum	7	VII
NED1C12	97	UB DQ394667	Reindeer rumen	2	VII

- 228 clones
- 70 OTUs
- 94 % Firmicutes

RESEARCH ARTICLE

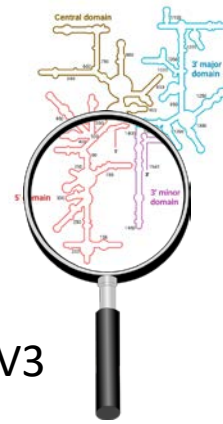
Potential core species and satellite species in the bacterial community within the rabbit caecum

Valérie Monteils^{1,2,3}, Laurent Cauquil^{1,2,3}, Sylvie Combes^{1,2,3}, Jean-Jacques Godon⁴ & Thierry Gidenne^{1,2,3}

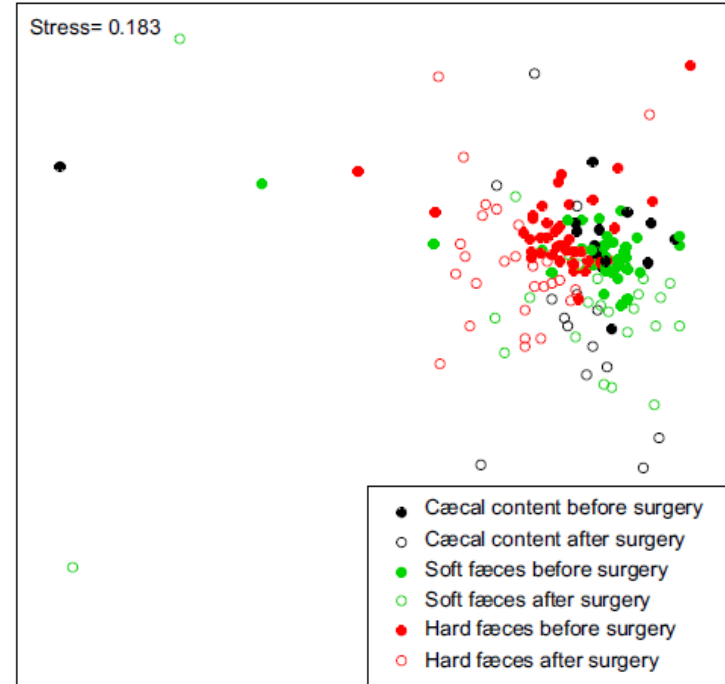
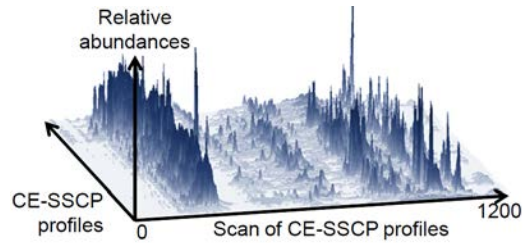


➤ Caractérisation des microbiotes

Ressemblance entre matrice



V3 205 bp ABI Prism 3100 Genetic



Molecular Ecology Resources (2009)

doi: 10.1111/j.1755-0998.2009.02609.x

COMPUTER PROGRAM NOTE

StatFingerprints: a friendly graphical interface program for processing and analysis of microbial fingerprint profiles

R. J. MICHELLAND,*† S. DEJEAN,§ S. COMBES,* L. FORTUN-LAMOTHE* and L. CAUQUIL*



Contents lists available at ScienceDirect

Anaerobe

journal homepage: www.elsevier.com/locate/anaerobe



Ecology/environmental microbiology

Molecular analysis of the bacterial community in digestive tract of rabbit

Rory J. Michelland^{a,b,c}, Sylvie Combes^{a,b,c}, Valérie Monteils^{a,b,c}, Laurent Cauquil^{a,b,c}, Thierry Gidenne^{a,b,c}, Laurence Fortun-Lamothe^{a,b,c,*}

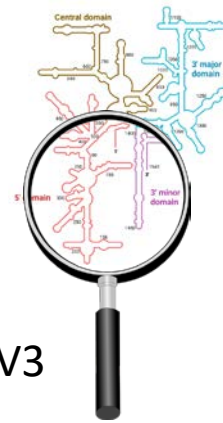


INRAE

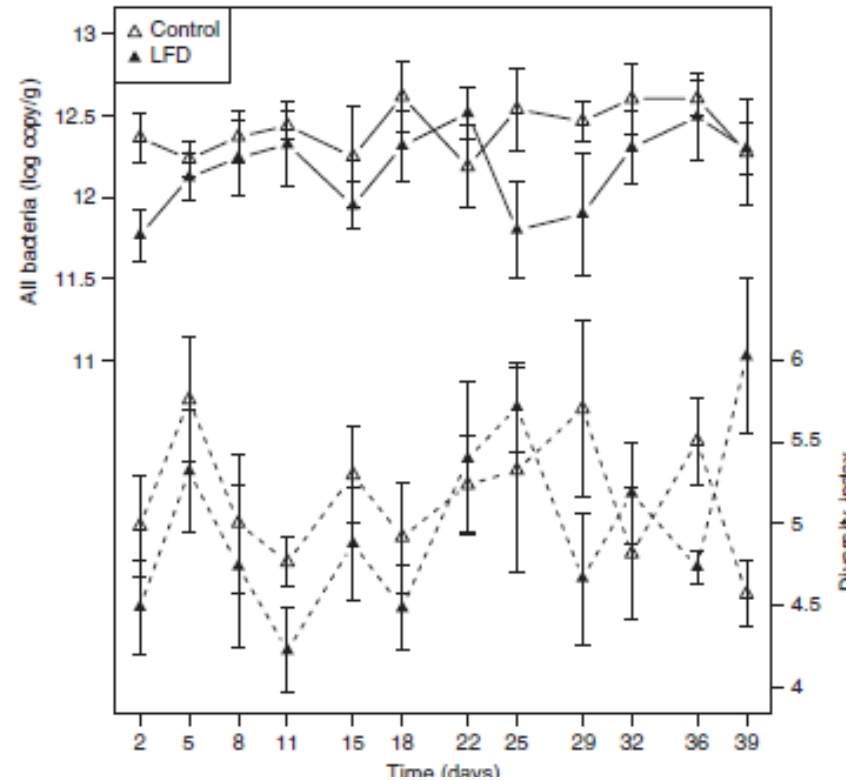
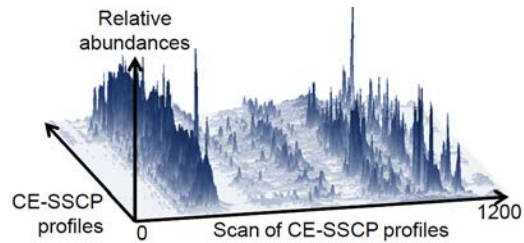
15 nov. 2023 / INRAE Genomics / Sylvie Combes

➤ Caractérisation les microbiotes

Dynamique de résilience après une perturbation



V3 205 bp ABI Prism 3100 Genetic



Molecular Ecology Resources (2009)

doi: 10.1111/j.1755-0998.2009.02609.x

COMPUTER PROGRAM NOTE

StatFingerprints: a friendly graphical interface program for processing and analysis of microbial fingerprint profiles

R. J. MICHELLAND,[†] S. DEJEAN,[‡] S. COMBES,^{*} L. FORTUN-LAMOTHE^{*} and L. CAUQUIL^{*}



Animal (2011), 5:11, pp 1761–1768 © The Animal Consortium 2011
doi:10.1017/S1751731111001005

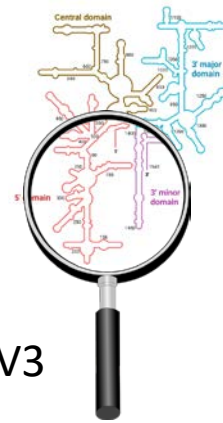


Rapid adaptation of the bacterial community in the growing rabbit caecum after a change in dietary fibre supply

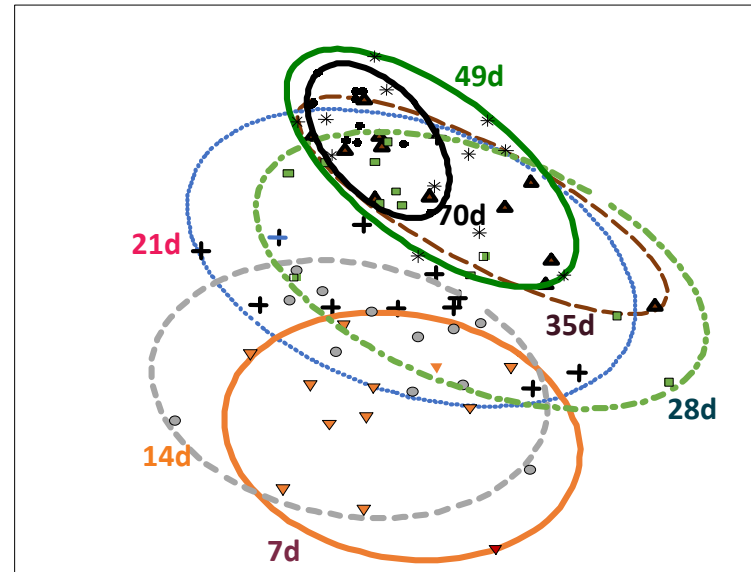
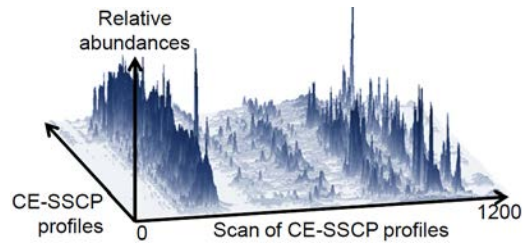
R. J. Michelland^{1,2,3}, S. Combes^{1,2,3}, V. Monteils^{1,2,3}, L. Cauquil^{1,2,3}, T. Gidenne^{1,2,3} and L. Fortun-Lamothe^{1,2,3†}

➤ Caractérisation des microbiotes

Succession écologique des espèces



V3 205 bp ABI Prism 3100 Genetic



Molecular Ecology Resources (2009)

doi: 10.1111/j.1755-0998.2009.02609.x

COMPUTER PROGRAM NOTE

StatFingerprints: a friendly graphical interface program for processing and analysis of microbial fingerprint profiles

R. J. MICHELLAND,*† S. DEJEAN,§ S. COMBES,* L. FORTUN-LAMOTHE* and L. CAUQUIL*



RESEARCH ARTICLE

Postnatal development of the rabbit caecal microbiota composition and activity

Sylvie Combes^{1,2,3}, Rory Julien Michelland^{1,2,3}, Valérie Monteils^{1,2,3}, Laurent Cauquil^{1,2,3}, Vincent Soulié^{1,2,3}, Ngoc Uyen Tran^{1,2,3}, Thierry Gidenne^{1,2,3} & Laurence Fortun-Lamothe^{1,2,3}

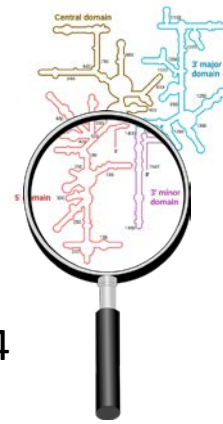
¹INRA, UMR 1289, Tissus Animaux, Nutrition, Digestion, Ecosystème et Métabolisme (TANDEM), Castanet-Tolosan, France; ²Université de Toulouse, INPT-ENSAT, UMR 1289, TANDEM, Castanet-Tolosan, France; and ³ENVT, UMR 1289, TANDEM, Toulouse, France

INRAE

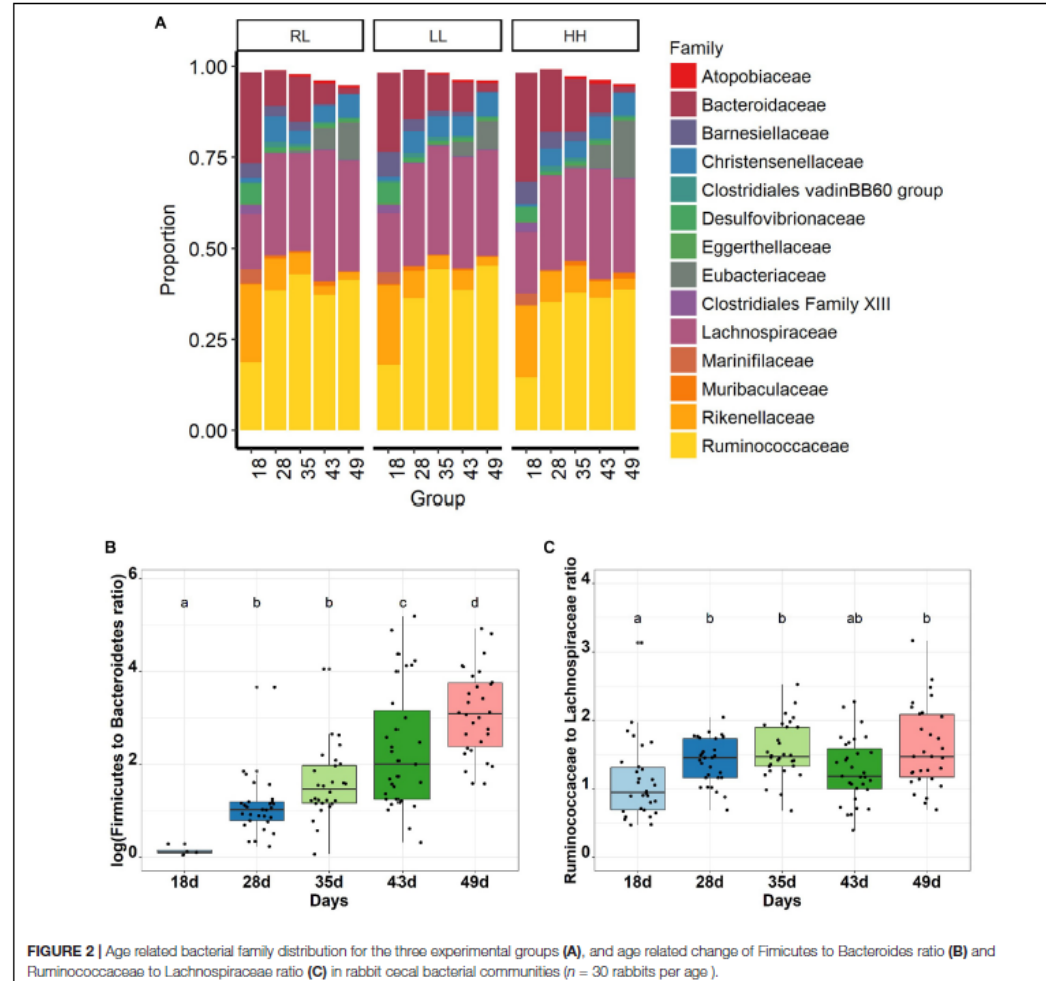
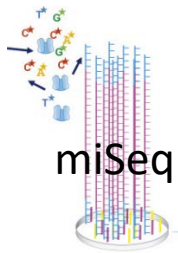
15 nov. 2023 / INRAE Genomics / Sylvie Combes

➤ Caractérisation les microbiotes

Succession écologique des espèces et connaissance taxonomique des communautés

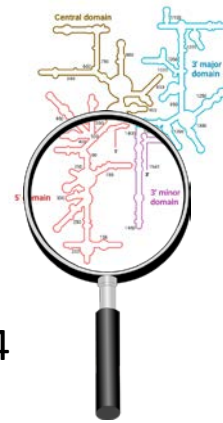


V3-V4

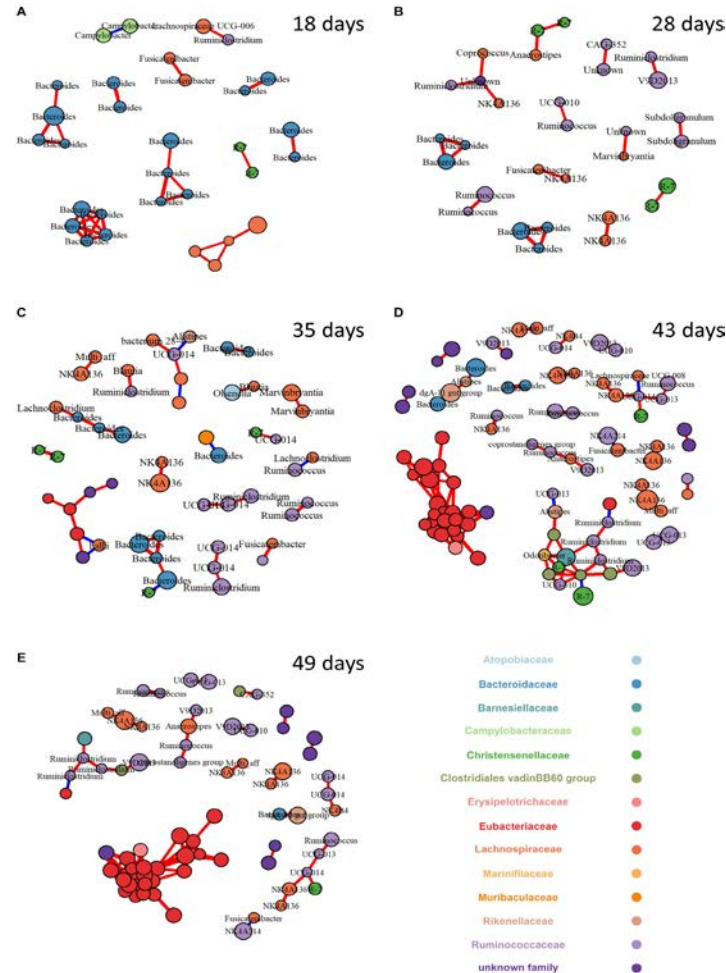
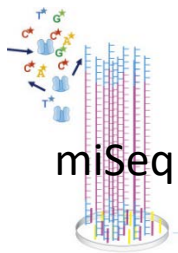


➤ Caractérisation des microbiotes

Succession écologique des espèces et connaissance taxonomique des communautés



V3-V4



Diversity and Co-occurrence Pattern Analysis of Cecal Microbiota Establishment at the Onset of Solid Feeding in Young Rabbits

Tahya Read^{1,2}, Laurence Fortun-Lamothe¹, Géraldine Pascal¹, Malo Le Boulch¹, Laurent Cauquill¹, Beatrice Gabinaud¹, Carole Bannellier¹, Elodie Balmisse¹, Nicolas Destombes², Olivier Bouchez², Thierry Gidenne¹ and Sylvie Combes^{1*}



INRAE

➤ De la caractérisation au pilotage

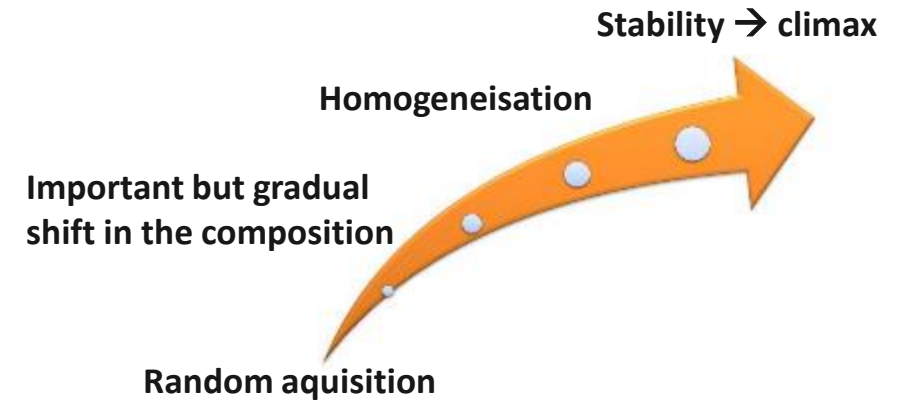


➤ Principe de la colonisation

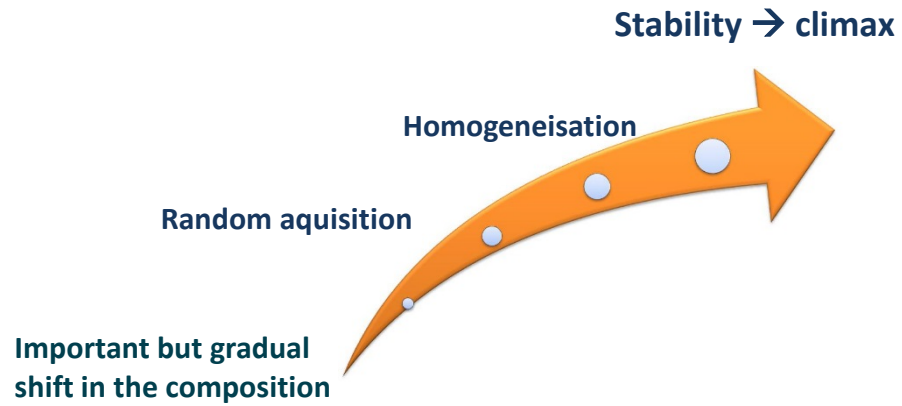
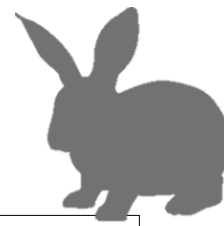
In utero, le tube digestif est stérile, la **colonisation de l'hôte débute à la naissance**

Les microorganismes primo-colonisateurs sont un échantillonnage d'une méta-communauté plus large incluant toutes les espèces capables de vivre et de se développer dans le tractus digestif (Curtis et Sloan, 2004)

- ✓ **Mère**: voie de naissance, tractus génital et digestif, peau
- ✓ **Environnement** : matière fécale, contact congénère, hygiène lieu de vie, éleveur
- ✓ **Ingestion** : lait, aliment, matière fécale



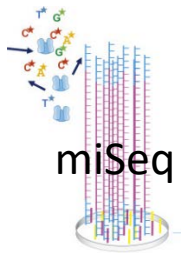
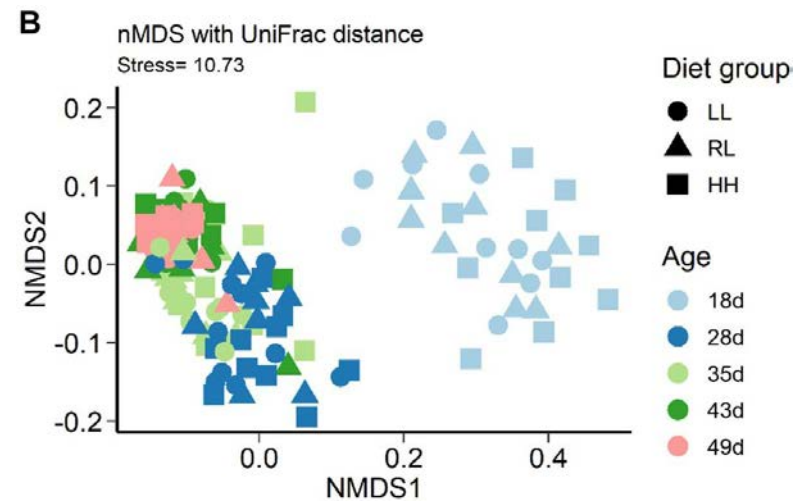
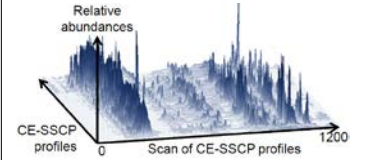
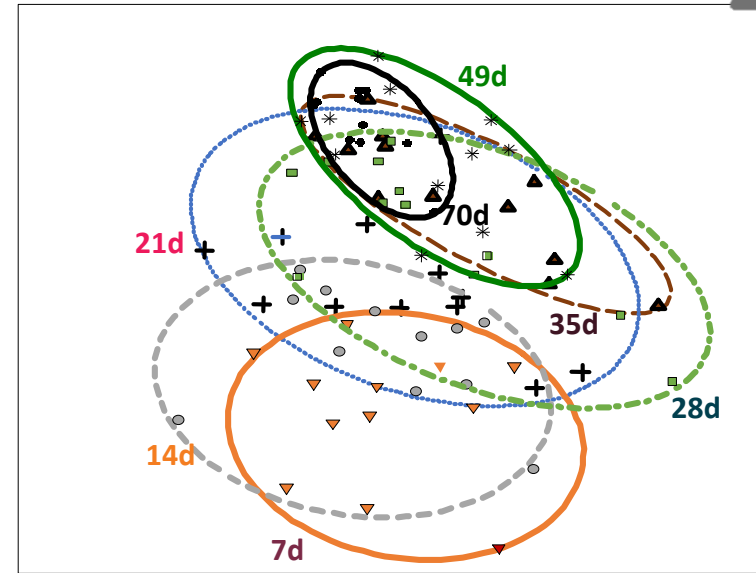
➤ Principes écologiques



1. Modifier les espèces pionnières
2. Modifier la succession écologique des espèces
3. Accélérer la maturation
4. Contrôler son fonctionnement



- Introduction d'espèces
- Suppression d'espèces
- Exclusion compétitive
- Modification du biotope
 - **Action sur le substrat**
 - Action sur l'hôte



➤ Caractérisation les microbiotes

la coprophagie



	Control	No Feces	Feces supply
# feces intake	10 c	-	36 a
Live weight at 35 days (g)	858 ab	837 b	891 a
Mortality 2-70 days (%)	15.5 ab	22.8 a	9.3 b

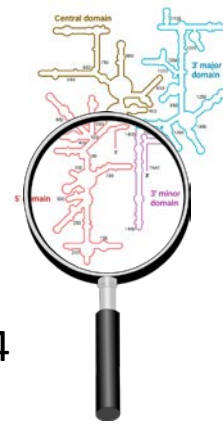


Coprophagous behavior of rabbit pups affects implantation of cecal microbiota and health status¹

S. Combes,*†‡² T. Gidenne,*†‡ L. Cauquil,*†‡ O. Bouchez,§# and L. Fortun-Lamothe*†‡

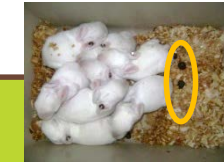
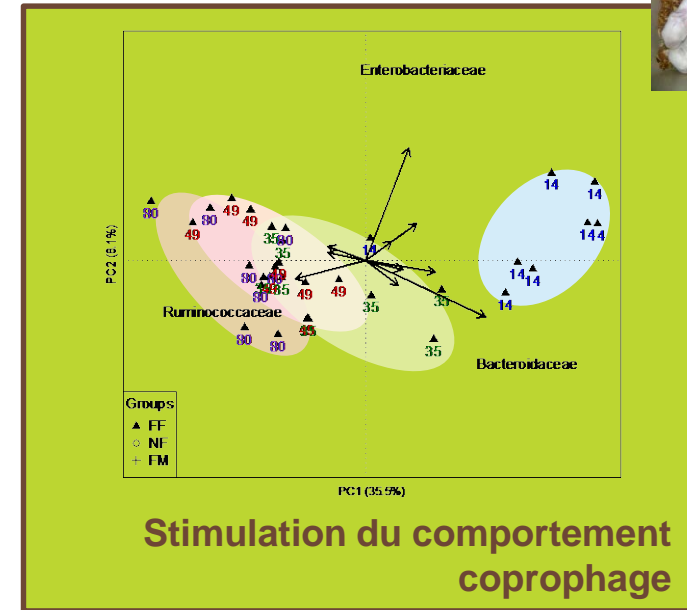
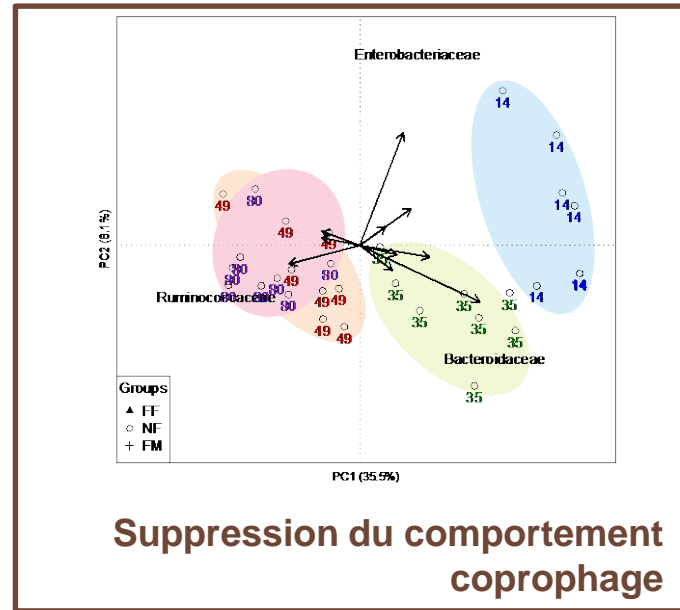
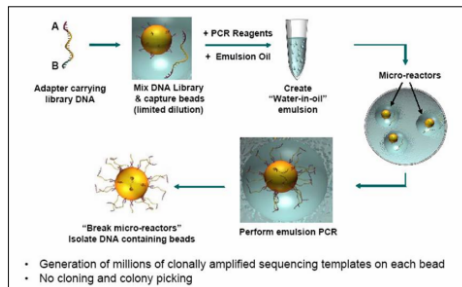
➤ Caractérisation les microbiotes

la coprophagie



V3-V4

Roche 454 pyrosequencer



- 80j
- 49j
- 35j
- 14j

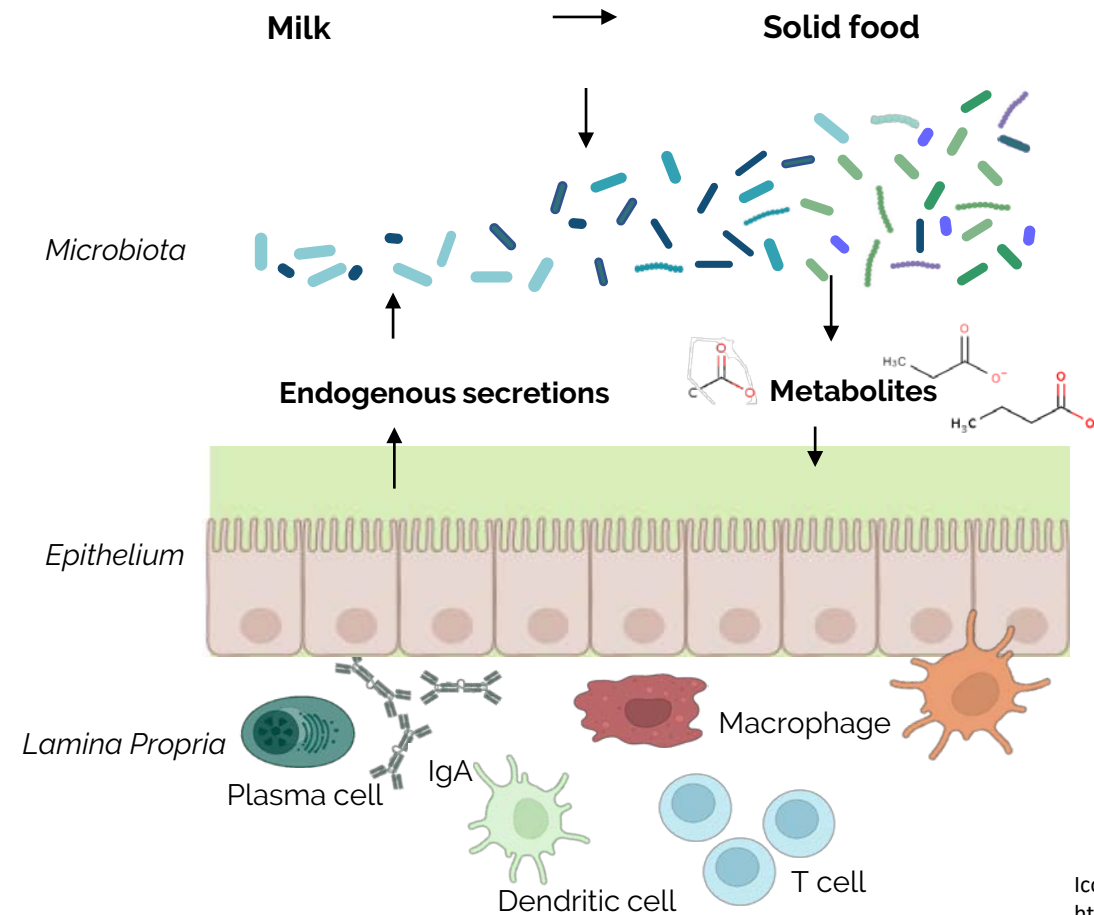


INRAE

11 nov. 2023 / INRAE Genomics / Sylvie Combes

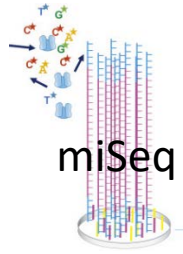
➤ La transition alimentaire

Opportunité pour piloter la production de métabolites par le microbiote

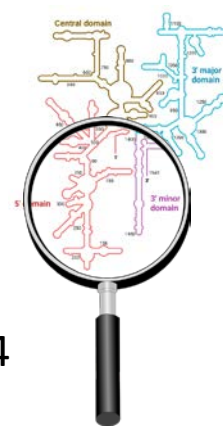
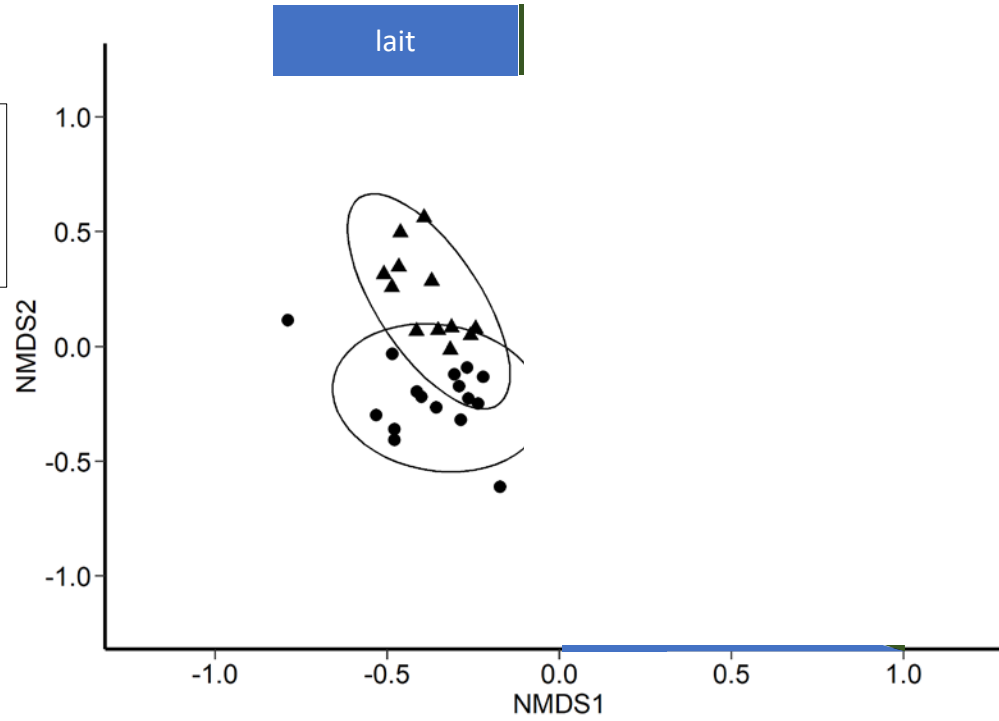


Icon used from
<https://www.biorender.com>


➤ La transition alimentaire



- D18_Milk
- ▲ D25_Milk
- D25_Milk+Solid
- + D25_Solid



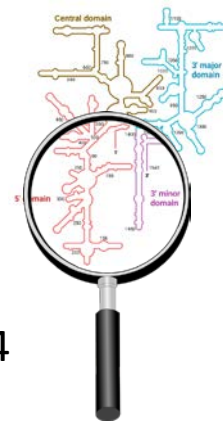
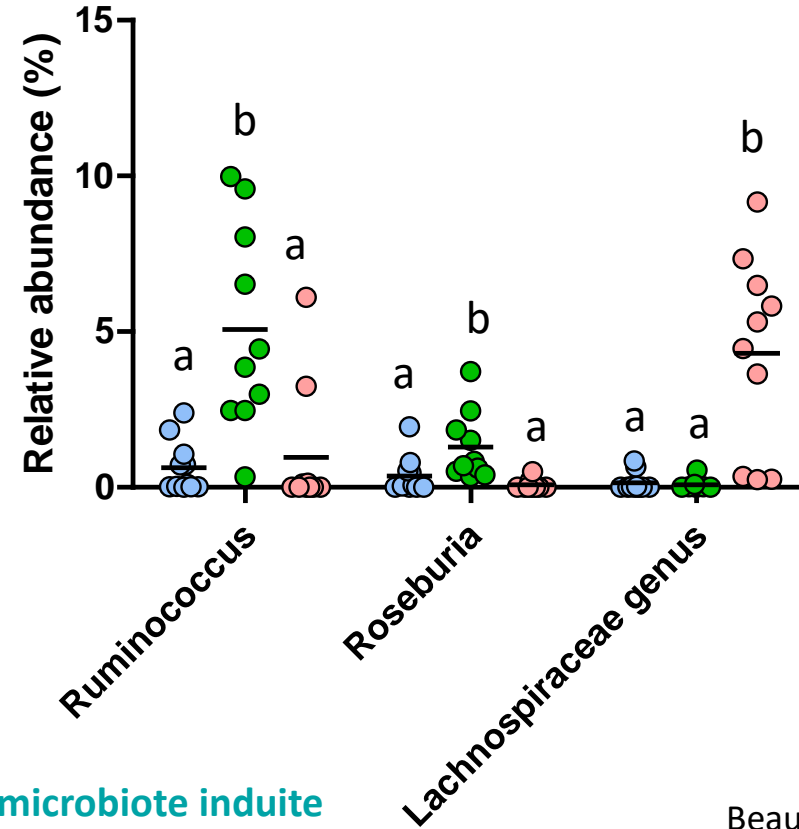
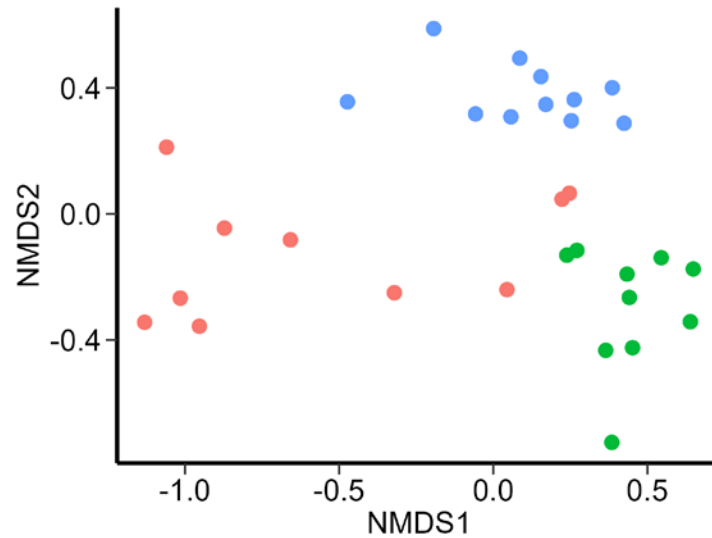
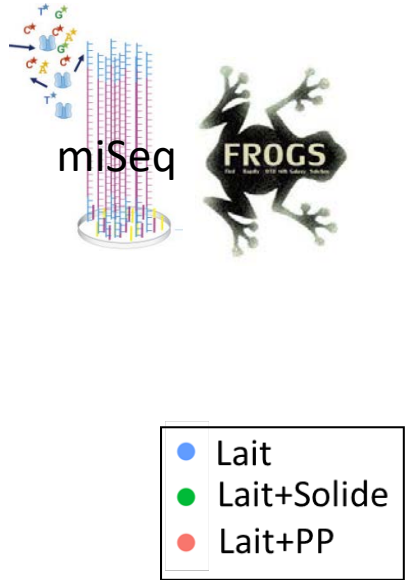
V3-V4

The Journal of Nutrition
Nutrient Physiology, Metabolism, and Nutrient-Nutrient Interactions 

Developmental Stage, Solid Food Introduction, and Suckling Cessation Differentially Influence the Comaturation of the Gut Microbiota and Intestinal Epithelium in Rabbits

Martin Beaumont,¹ Eloïse Mussard,¹ Céline Barilly,¹ Corinne Lencina,¹ Laure Gress,¹ Louise Painteaux,¹ Béatrice Gabinaud,¹ Laurent Cauquil,¹ Patrick Aymard,¹ Cécile Canlet,² Charlotte Paës,¹ Christelle Knudsen,¹ and Sylvie Combes¹

➤ Modulation de la composition de l'alimentation



La supplémentation en polyphénols module la maturation du microbiote induite par l'introduction de l'alimentation solide

Beaumont et al., non publié

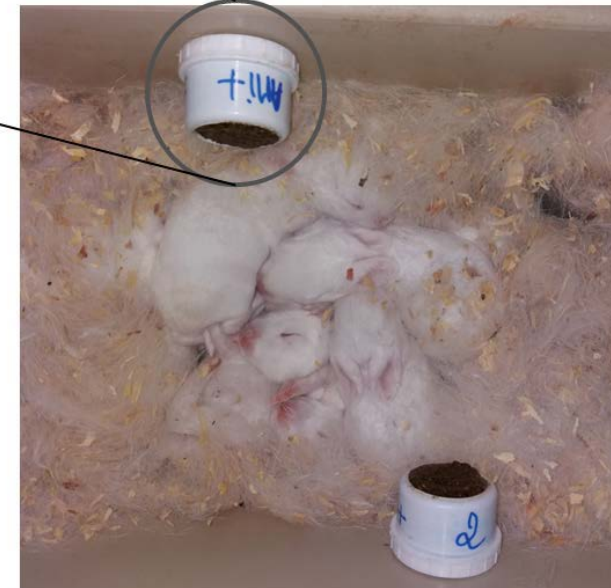
➤ Apport précoce d'aliment solide



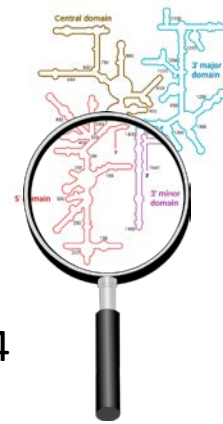
National Wildlife Federation



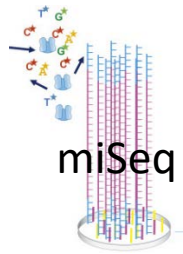
<http://www.cuniculture.info/>



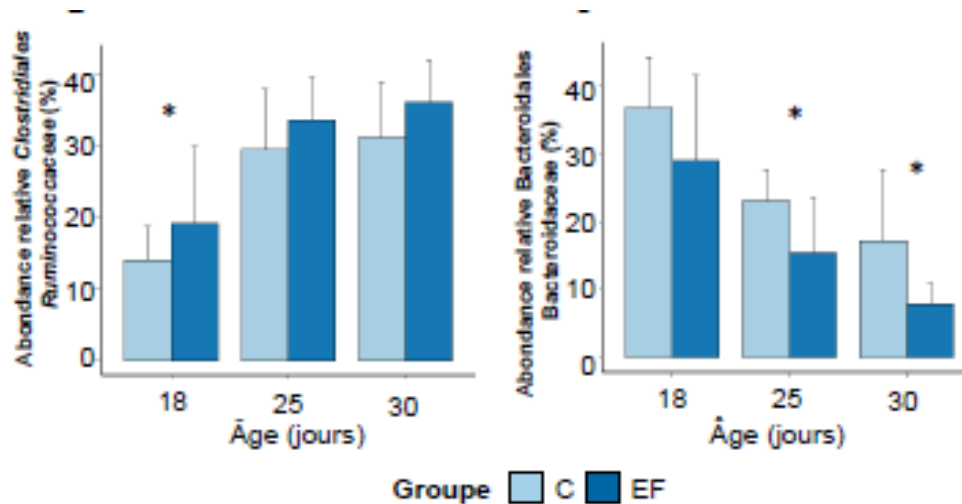
➤ Apport précoce d'aliment solide



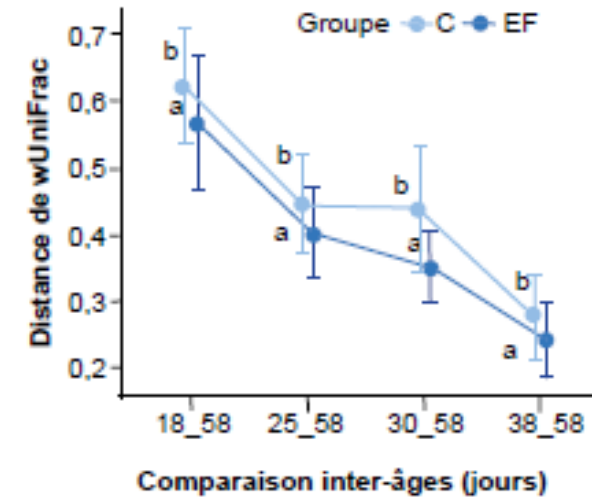
V3-V4





miSeq



A



Early Introduction of Plant Polysaccharides Drives the Establishment of Rabbit Gut Bacterial Ecosystems and the Acquisition of Microbial Functions

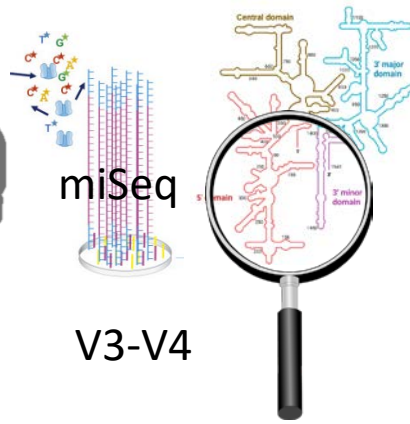
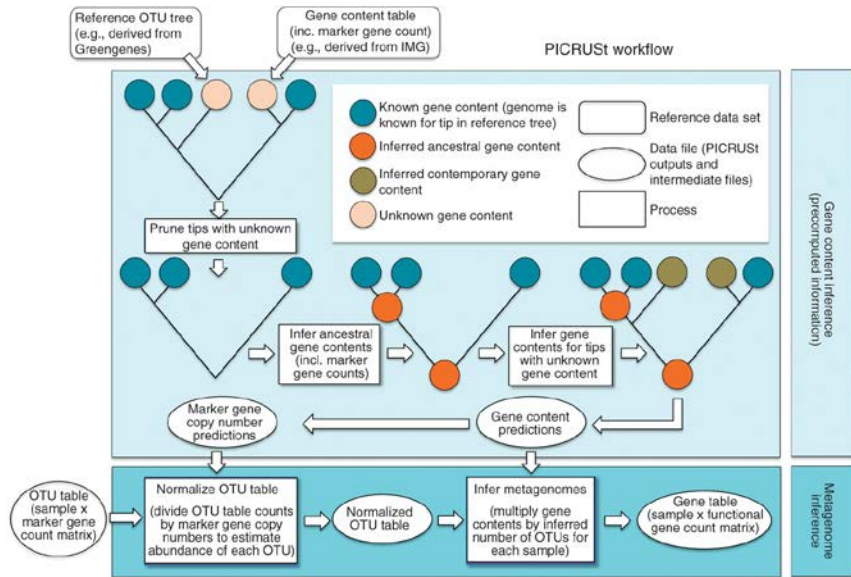
Charlotte Paës,^{a,b} Thierry Gidenne,^a Karine Bébin,^b Joël Duperray,^c Charly Gohier,^d Emeline Guené-Grand,^e Gwénaél Rebourt,^f Céline Barilly,^g Béatrice Gabinaud,^h Laurent Cauquil,^h Adrien Castinel,^g Géraldine Pascal,^g Vincent Darbot,^g Patrick Aymard,^g Anne-Marie Debrusse,^g Martin Beaumont,^g Sylvie Combes^g

➤ Des questions qui perdurent

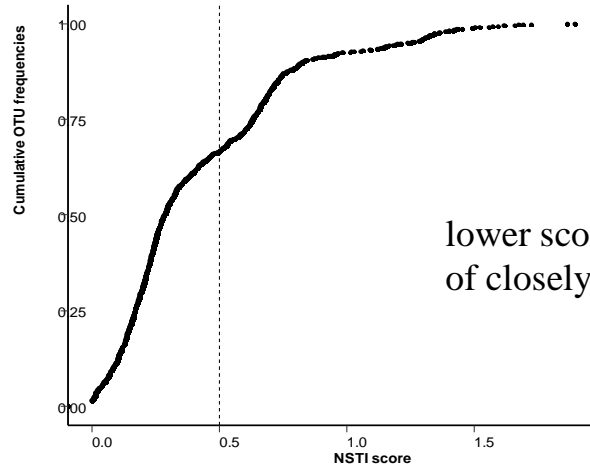
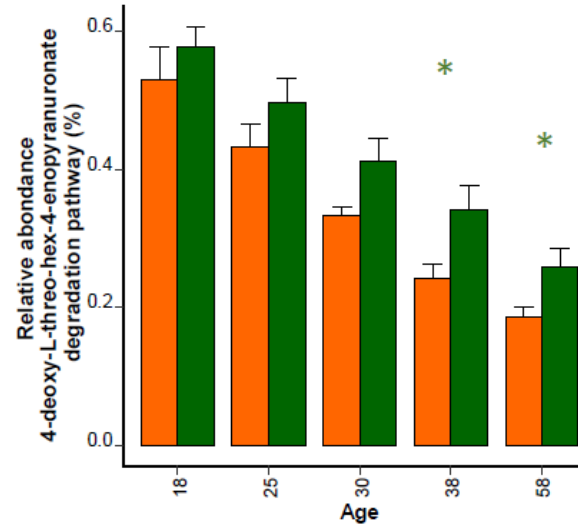
- Connaissance des espèces ?
- Quelles fonctions pour optimiser les services écosystémiques ?

➤ Quelles fonctions

Predictive functional profiling of microbial communities using 16S rRNA marker gene sequences



Intermédiaire fermentation pectine



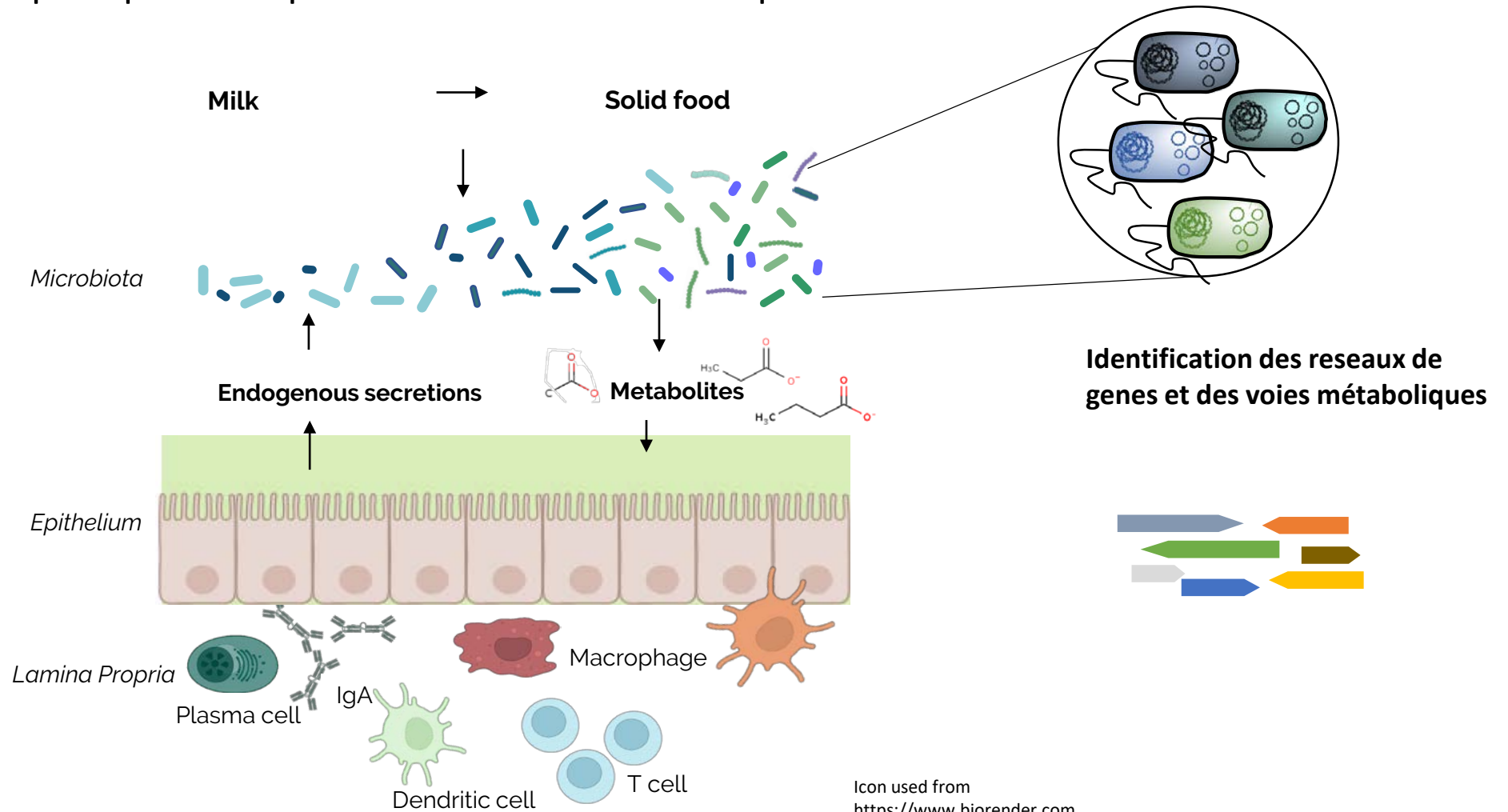
Fragilité de la prédiction lorsque les taxons ne sont pas connus



➤ La métagénomique en long read

Work in progress...

Opportunité pour piloter la production de métabolites par le microbiote



➤ La métagénomique en long read

Work in progress...



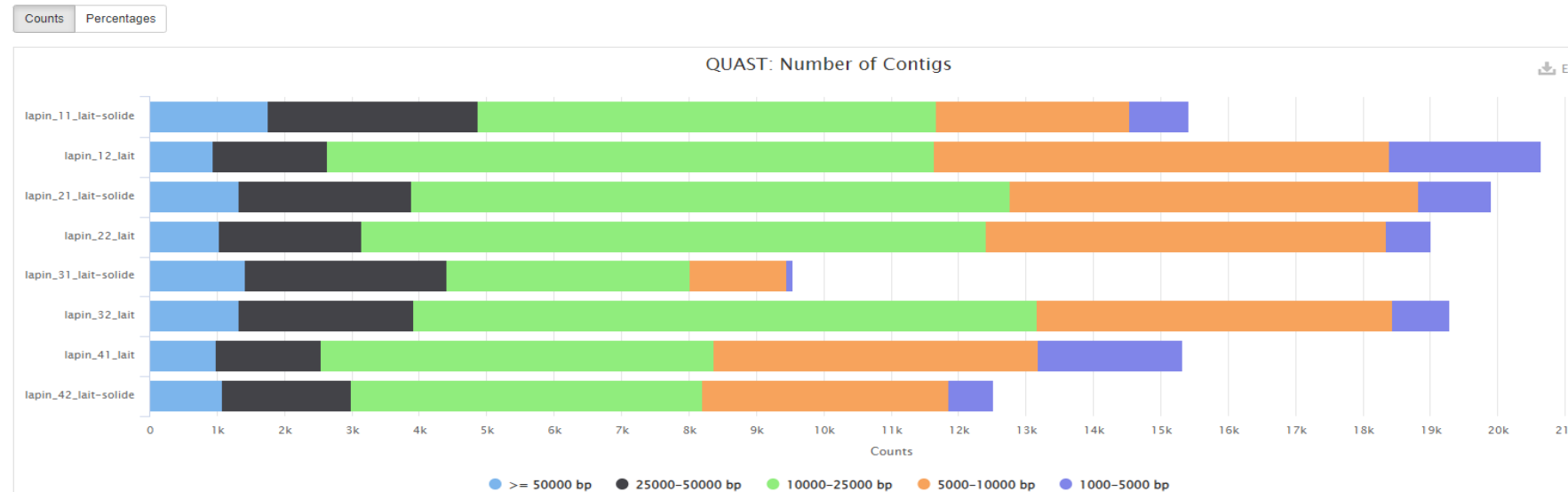
Opportunité d'amélioration des connaissances taxonomiques

Sample Name	M Reads	Length
lapin_11_lait-solide	2.9	5 906 bp
lapin_12_lait	3.4	5 519 bp
lapin_21_lait-solide	3.4	6 003 bp
lapin_22_lait	2.7	6 508 bp
lapin_31_lait-solide	1.4	8 346 bp
lapin_32_lait	2.8	6 596 bp
lapin_41_lait	3.2	5 324 bp
lapin_42_lait-solide	2.7	6 348 bp



Number of Contigs

This plot shows the number of contigs found for each assembly, broken down by length.



➤ La métagénomique en long read

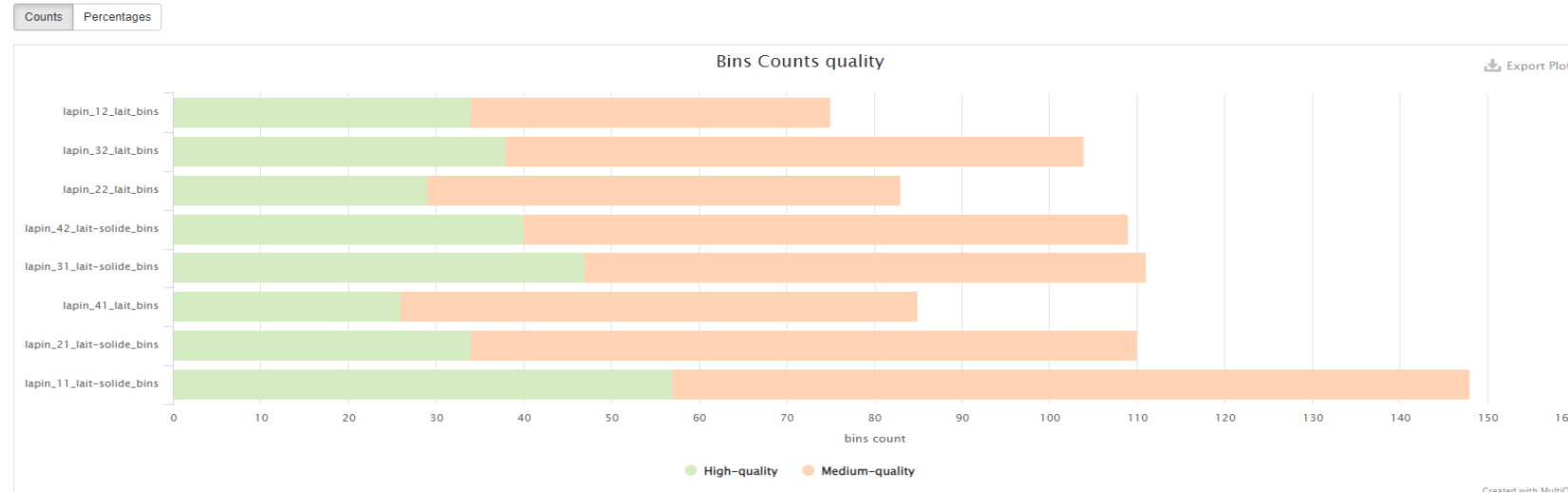
Work in progress...

Opportunité d'amélioration des connaissances taxonomiques



Bins Counts quality

Number of bins by quality category, according to MIMAG (Minimum information about a metagenome-assembled genome) standards. "High-quality" refers to genomes with Completeness > 90% and Contamination < 5%. "Medium-quality" for genomes with Completeness > 50% and Contamination < 10%. "Low-quality" for genomes with Completeness < 50%. "High-contamination" refers to genomes with Contamination > 10%. Completeness refers to the proportion of presence of universal single-copy "marker" genes within a genome. Single-copy marker genes present multiple times within a recovered genome is used to estimate potential Contamination.



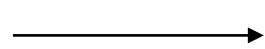
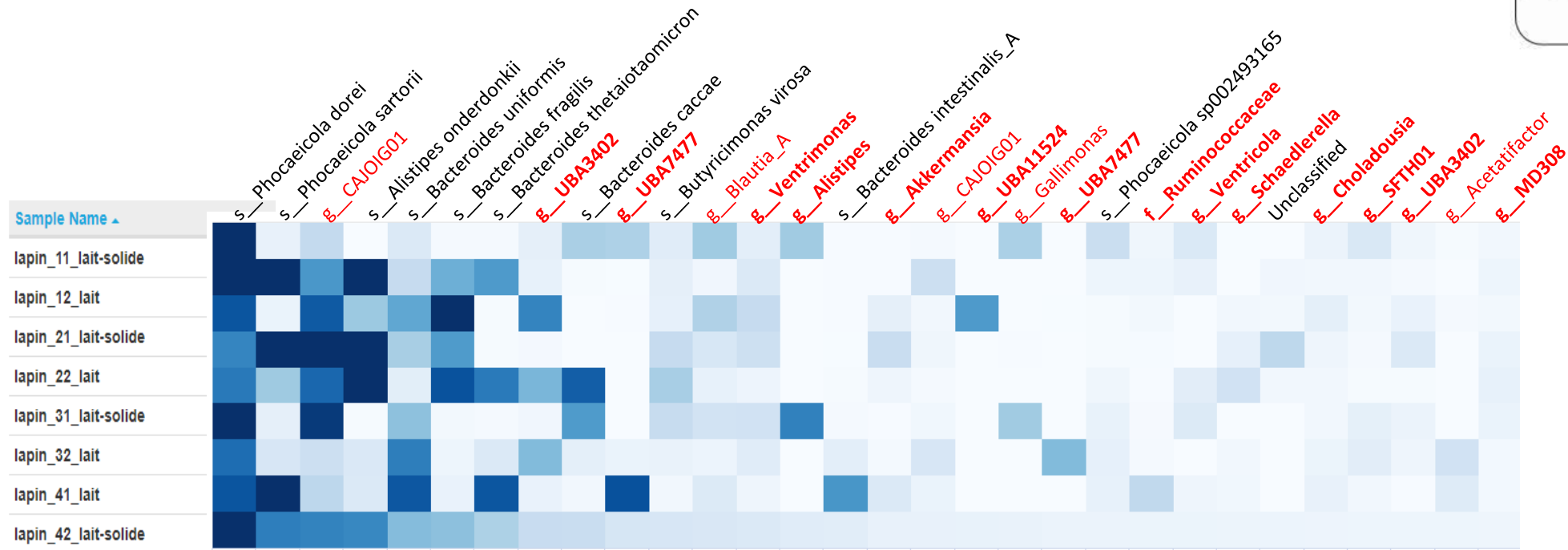
INRAE

15 nov. 2023 / INRAE Genomics / Sylvie Combes

➤ La métagénomique en long read

Work in progress...

Opportunité d'amélioration des connaissances taxonomiques



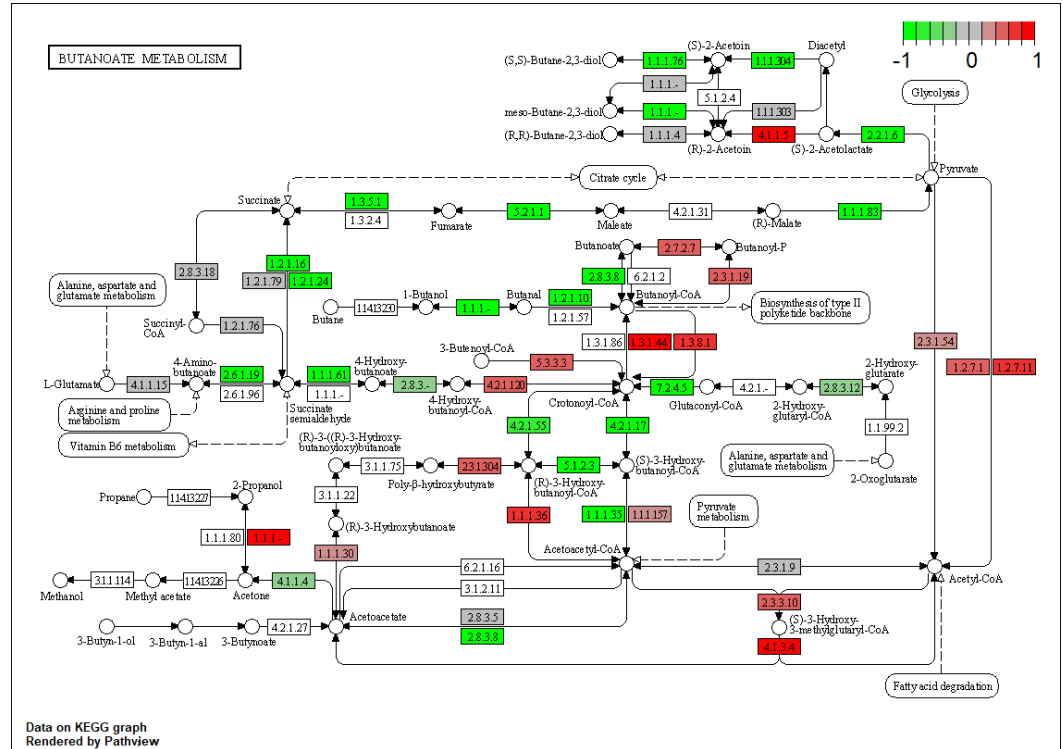
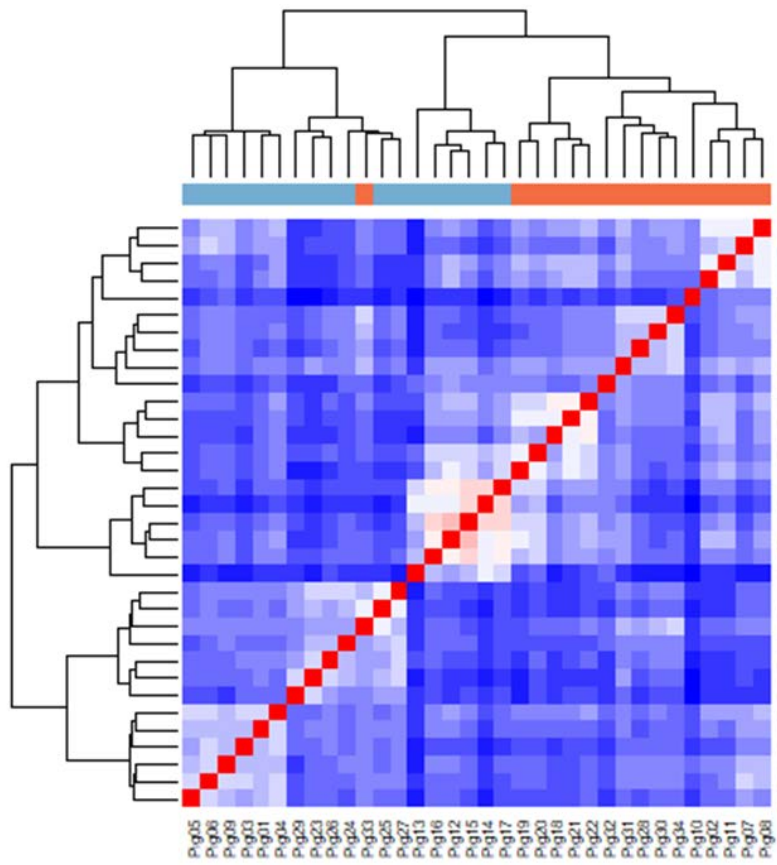
Affiner les prédictions fonctionnelles



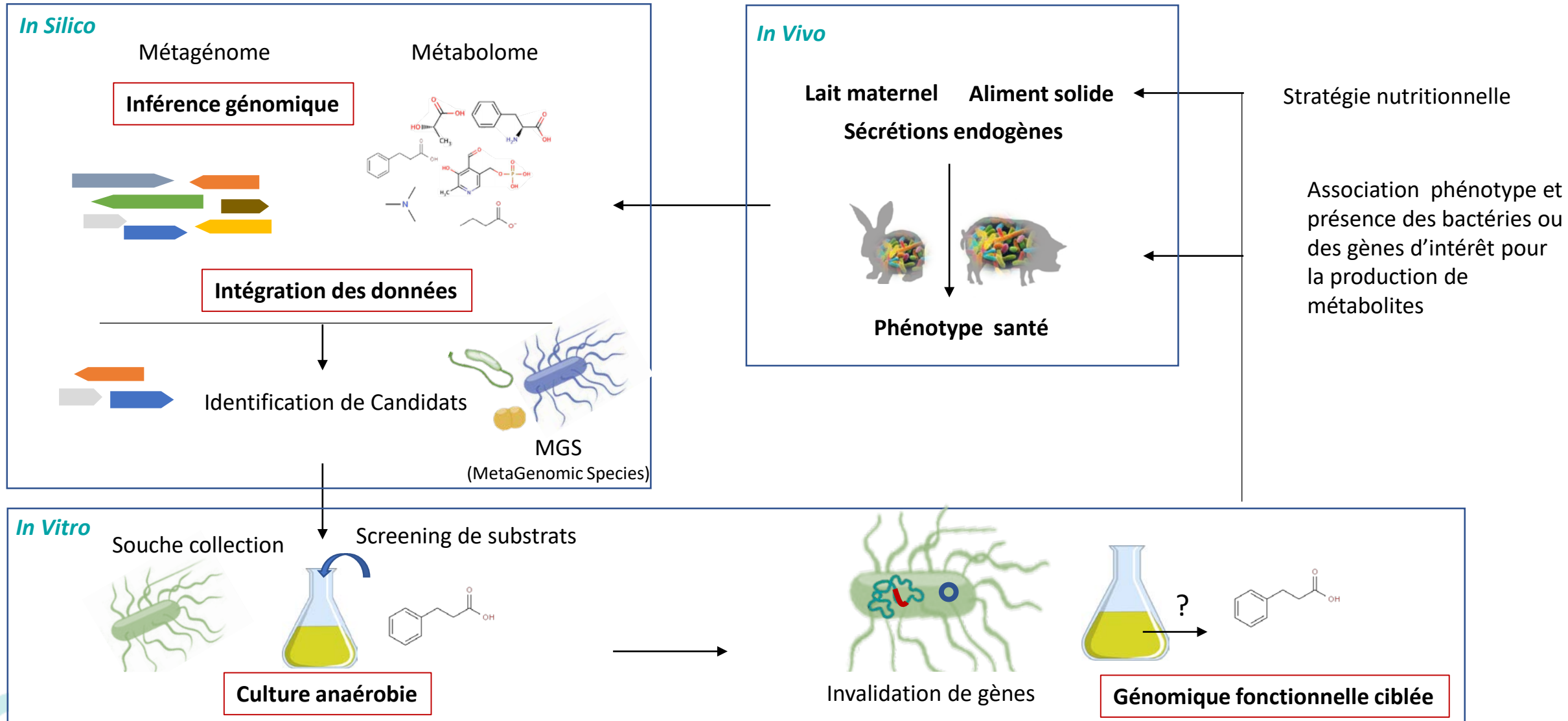
➤ La métagénomique en long read

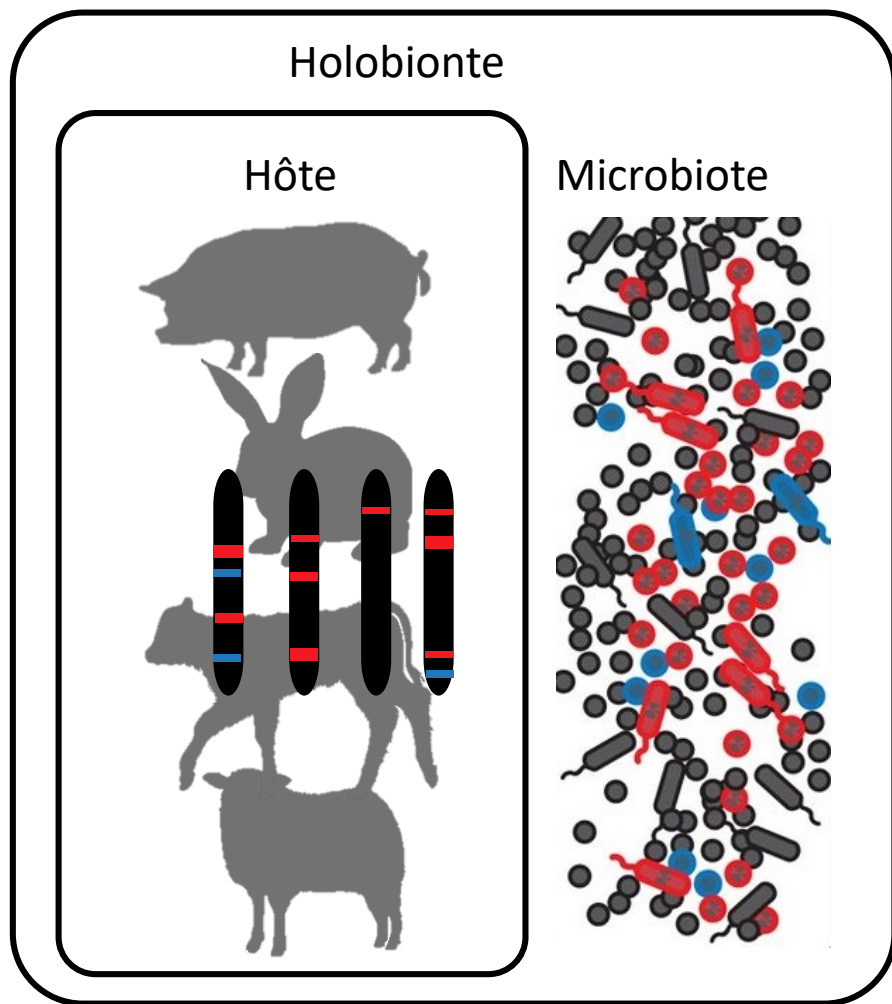
Work in progress...

Opportunité pour piloter la production de métabolites par le microbiote



➤ La métagénomique en long read couplée à des tests fonctionnels





Merci pour votre attention
&
Aux membres de l'équipe NED

