



HAL
open science

Le côté sombre de la résilience : révéler les dynamiques cachées du microbiote intestinal chez les chevaux – une solution agroécologique

Núria Mach

► **To cite this version:**

Núria Mach. Le côté sombre de la résilience : révéler les dynamiques cachées du microbiote intestinal chez les chevaux – une solution agroécologique. *INRAE Productions Animales*, 2025, 38, pp.9291. <10.20870/productions-animales.2025.38.3.9291>. <hal-05270057>

HAL Id: hal-05270057

<https://hal.inrae.fr/hal-05270057v1>

Submitted on 20 Sep 2025

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.



Distributed under a Creative Commons CC BY 4.0 - Attribution - International License

Le côté sombre de la résilience : révéler les dynamiques cachées du microbiote intestinal chez les chevaux – une solution agroécologique

Núria MACH

IHAP, INRAE, ENVT, Université de Toulouse, 31076, Toulouse, France

Courriel : nuria.mach@inrae.fr

■ Le microbiote intestinal joue un rôle crucial dans la santé et le bien-être des animaux. Nos travaux révèlent que des chevaux soumis à un stress chronique en raison de l'hébergement en box, d'une alimentation excessivement riche en concentrés, et d'un entraînement intensif, présentent une composition microbienne intestinale altérée. Le microbiote affiche une diminution de la diversité microbienne, ainsi qu'une prolifération de bactéries opportunistes, affectant leur état de santé et bien-être global. Afin d'atténuer ces effets, nous recommandons des pratiques agroécologiques favorisant le pâturage en groupe pour réduire le stress chronique et promouvoir un microbiote intestinal sain¹.

Introduction

À travers l'Europe, la population équine a progressé rapidement depuis 1995 (Jez *et al.*, 2015). En France, le nombre de chevaux s'est élevé à 1,2 million en 2025, représentant environ 20 % de la population équine totale en Europe. Cette croissance est alimentée par l'augmentation de la pratique équestre chez les jeunes et par la passion toujours croissante pour l'équitation de loisir et les paris hippiques. Cependant, cette augmentation des chiffres et de l'enthousiasme a un revers. Beaucoup de ces chevaux sont nourris avec des concentrés et sont logés principalement dans des boxes individuels, ce qui, bien que fournissant un

environnement sûr (Ruet *et al.*, 2019), limite les chevaux dans l'expression de leurs comportements naturels. Or, en tant qu'herbivores, les chevaux passent environ 17 à 67 % de leur temps à brouter (Arnold, 1984), ce qui favorise non seulement leur digestion mais aussi leur équilibre comportemental et physiologique. Cette restriction comportementale est mise en évidence par le modèle des cinq domaines (Fletcher *et al.*, 2021), qui permet d'évaluer le bien-être animal en intégrant à la fois des critères physiologiques et des dimensions psychologiques. Ce modèle repose sur cinq aspects interconnectés : la nutrition, l'environnement, la santé, le comportement et l'expérience mentale. L'altération de ces domaines, notamment par l'isolement social et la

restriction de mouvement, peut induire du stress chronique et des déséquilibres physiologiques, compromettant la santé globale des chevaux.

Nous avons démontré qu'au-delà de la détérioration du bien-être (Ruet *et al.*, 2019), les chevaux logés en continu dans des boxes individuels et nourris avec des régimes hyperconcentrés subissent des altérations substantielles de leurs communautés microbiennes intestinales, suggérant le lien entre le bien-être et le microbiote intestinal (Mach *et al.*, 2020). Le microbiote intestinal, composé de bactéries, d'archées, de virus, d'eucaryotes et de champignons, joue un rôle dans la santé animale à travers ses interactions complexes avec l'hôte. Ces interactions, probablement

¹ Cet article est issu d'une présentation aux Carrefours de l'innovation agronomique (« Élevages herbivores : les apports de la biodiversité, des sols aux territoires »), le 12 décembre 2024 à Rennes. <https://ciag.hub.inrae.fr/les-carrefours-de-l-innovation/elevages-herbivores-les-apports-de-la-biodiversite-des-sols-aux-territoires>

favorisées par la diversité génétique et fonctionnelle du microbiote, contribuent aux processus physiologiques et immunitaires essentiels (Mach *et al.*, 2020). Le microbiote intestinal est très réactif aux changements environnementaux, aux conditions d'élevage, aux infections et aux facteurs propres à l'hôte (Fassarella *et al.*, 2021). La composition du microbiote intestinal adulte peut notamment changer rapidement avec des changements alimentaires et des perturbations importantes telles que l'administration d'antibiotiques ou l'exposition à un stress chronique (Brugman *et al.*, 2018).

Le stress chronique, par ses effets néfastes sur la santé intestinale (Kelly *et al.*, 2015 ; Karl *et al.*, 2018 ; Mayer, 2000), met en lumière l'importance de l'axe microbiote-intestin-cerveau, une relation bidirectionnelle complexe qui influence profondément le bien-être (Carabotti *et al.*, 2015 ; O'Mahony *et al.*, 2015 ; Martin *et al.*, 2018). En effet, les altérations de la composition microbienne intestinale induites par le stress sont associées à une production modifiée de neuromédiateurs clés, tels que la sérotonine, dopamine, et le GABA (acide γ -aminobutyrique), qui sont essentiels à la régulation de l'anxiété et du comportement (Foster *et al.*, 2017). De plus, les métabolites microbiens, tels que les acides gras à chaîne courte (SCFA), peuvent contribuer à la modulation des réponses neurophysiologiques et comportementales (Rhee *et al.*, 2009 ; O'Mahony *et al.*, 2015). Les métabolites microbiens peuvent aussi stimuler les nerfs sensoriels dans l'intestin, ce qui renforce l'activité de la dopamine dans le cerveau (Dohnalová *et al.*, 2022). Cette interaction pourrait accroître la motivation à adopter différents comportements.

Par ailleurs, les catécholamines et d'autres hormones neuroendocriniennes modulent directement la croissance microbienne (Lyte *et al.*, 2011). Que l'intestin soit un élément central de la santé et du bien-être est reconnu depuis l'Antiquité. Le médecin grec Hippocrate, qui a vécu entre 460 et 370 av. J.-C., est souvent crédité d'avoir dit : « Toutes les maladies commencent dans l'intestin », soulignant le

rôle crucial de la santé intestinale dans la santé et le bien-être. Cette sagesse antique nous conduit au concept de résilience du microbiote, c'est-à-dire sa capacité à restaurer un équilibre fonctionnel après une perturbation, en conservant ses propriétés essentielles malgré les variations environnementales. À l'inverse, la résistance correspond à la capacité du microbiote à rester inchangé malgré les perturbations (Lozupone *et al.*, 2012 ; Lloyd-Price *et al.*, 2016).

La résilience du microbiote face aux stress biotiques et abiotiques est censée avoir des implications importantes pour la santé et le bien-être, garantissant sa capacité à s'adapter et à se restaurer face aux perturbations, tout en maintenant ses fonctions, structures et processus essentiels. Cette résilience, bien que généralement bénéfique, peut constituer un obstacle dans certaines circonstances. Un microbiote très résilient, mais dont l'impact est négatif pour l'hôte, peut être difficile à corriger (Bordenstein & Theis, 2015). Cet équilibre entre stabilité et adaptabilité souligne les complexités de la résilience du microbiote intestinal. Notre étude sur les chevaux de sport d'élite dans un état de stress chronique a révélé un microbiote résilient qui restait nuisible malgré une courte exposition à des changements environnementaux (Mach *et al.*, 2020, 2021a). Nous avons montré que de courtes expositions à des environnements positifs, tels que le pâturage en groupe avec des congénères, ne suffisent pas à changer le microbiote vers un état plus équilibré et bénéfique pour la santé et le bien-être. Cela souligne l'importance d'une exposition prolongée et régulière à un environnement enrichissant pour favoriser des modifications durables du microbiote et soutenir le bien-être animal.

Dans cet article de synthèse, nous explorerons la relation complexe entre le microbiote intestinal et le bien-être animal, en soulignant le rôle crucial de la résilience du microbiote dans la promotion de la santé et du bien-être. De plus, nous recommandons l'accès au pâturage en groupe pour promouvoir des comportements naturels et réduire

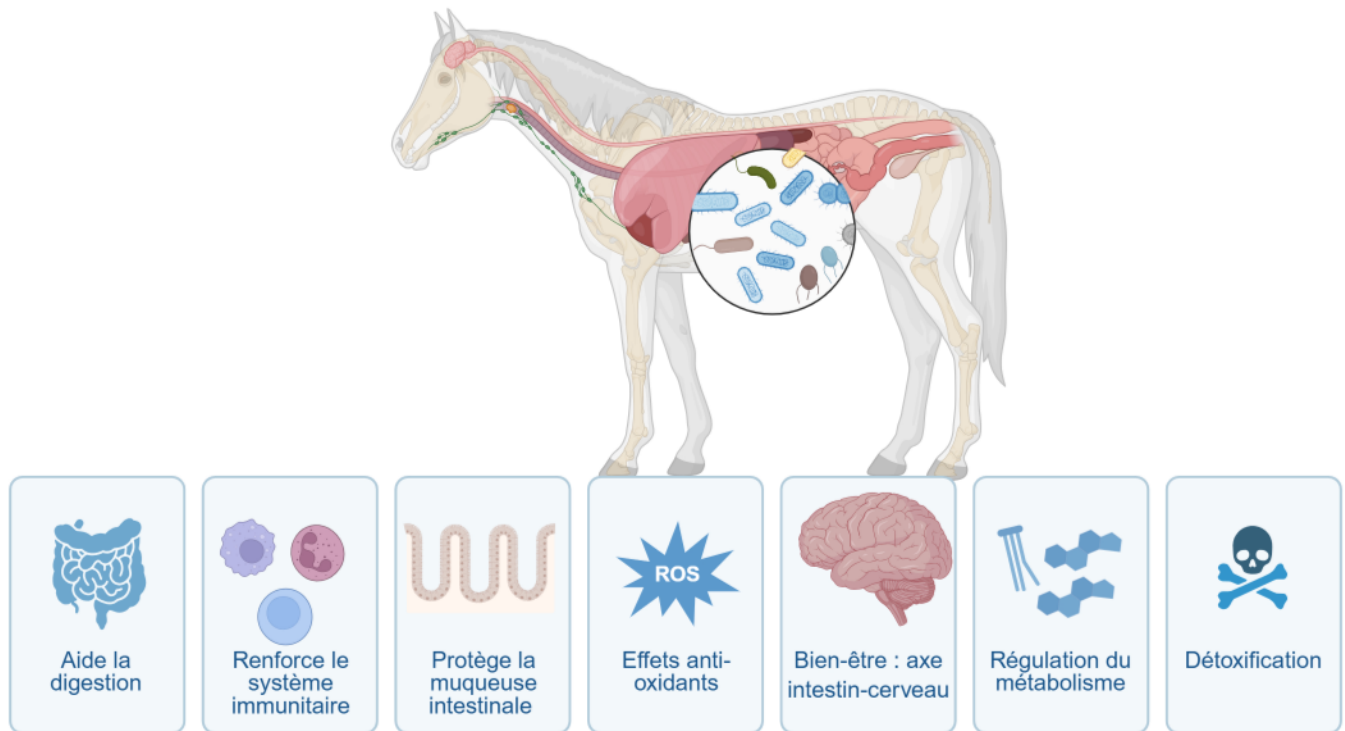
le stress chronique. Les pratiques agroécologiques, qui mettent l'accent sur le pâturage naturel et l'utilisation durable des terres, offrent un cadre optimal pour favoriser ces interactions positives. En intégrant ces pratiques, nous pouvons favoriser des communautés microbiennes intestinales bénéfiques, tout en soutenant la santé globale des chevaux dans un environnement respectueux de leur biologie et de leur bien-être.

1. Le microbiote intestinal : un acteur clé dans la santé équine

Le microbiote intestinal, composé de bactéries, archées, virus, eucaryotes et champignons, joue un rôle crucial dans la digestion, le renforcement du système immunitaire et la protection de la muqueuse intestinale (Noverr & Huffnagle, 2004 ; Nicholson *et al.*, 2012 ; Donaldson *et al.*, 2015). Il possède des effets antioxydants et favorise la régulation métabolique (Michaudel & Sokol, 2020) (figure 1). Les avancées en recherche multi-omiques ont détaillé la structure taxonomique, les fonctions et les profils métaboliques du microbiote intestinal, notamment son développement après la naissance, les différences selon les états de santé, les performances et la modélisation prédictive des maladies (Mach *et al.*, 2017b ; Kauter *et al.*, 2019 ; Mach *et al.*, 2021b, 2022).

Chez les chevaux, nous avons récemment généré un catalogue des gènes microbiens intestinaux représentant plus de 25 millions de gènes non redondants, élargissant ainsi l'état actuel de diversité pour le microbiome intestinal équin (Mach *et al.*, 2022). La construction de ce catalogue de génomes de micro-organismes a aussi multiplié par vingt le nombre de genres connus résidant dans le tractus gastro-intestinal des chevaux (Garrett *et al.*, 2002 ; Yamano *et al.*, 2008 ; Grønvold *et al.*, 2010 ; Rodriguez *et al.*, 2015 ; Schoster *et al.*, 2016 ; Mach *et al.*, 2017a ; Clark *et al.*, 2018 ; Salem *et al.*, 2018 ; Stewart *et al.*, 2018 ; Destrez *et al.*, 2019 ; Plancade *et al.*, 2019 ; Walshe *et al.*, 2019 ; Mach *et al.*, 2020 ; Massacci

Figure 1. Le rôle du microbiote intestinal dans la santé équine.



Cette figure met en évidence que la composition diversifiée du microbiote intestinal joue des rôles essentiels dans la digestion, le soutien du système immunitaire et la protection de la muqueuse intestinale. De plus, la figure illustre les effets antioxydants, la régulation métabolique et le rôle crucial de l'axe intestin-cerveau facilité par le microbiote intestinal, soulignant son importance capitale pour la santé et les performances globales des chevaux.

Figure créée sous <https://BioRender.com>

et al., 2020 ; Mach *et al.*, 2021 a, 2021 b ; Silvers *et al.*, 2021 ; Theelen *et al.*, 2021 ; Boisseau *et al.*, 2023 ; Gomez *et al.*, 2023 ; Park *et al.*, 2024). Ce catalogue a également révélé un nombre sans précédent d'espèces procaryotes et eucaryotes, principalement issues des phylums *Ascomycota*, *Ciliophora*, *Basidiomycota*, *Chytridiomycota*, *Evosea* et *Apicomplexa*. De manière intéressante, ce catalogue a capturé un large éventail de fonctions spécifiques, suggérant que les microbiomes intestinaux équins possèdent des capacités fonctionnelles adaptées pour exploiter de manière remarquable l'énergie des ressources alimentaires, microbiennes, hôtes et pour la réparation tissulaire (Barton *et al.*, 2018).

Le microbiome intestinal produit des milliers de métabolites qui peuvent potentiellement influencer de nombreux aspects de la physiologie de l'hôte et les activités de nutrition croisée entre micro-organismes (Donia & Fischbach, 2015 ; Husted *et al.*, 2017 ; Mach & Fuster-Botella, 2017 ; Ticinesi *et al.*, 2019 ; Mach *et al.*, 2020, 2021b). Représentant un vaste réservoir de

composés bioactifs (> 830 métabolites microbiens intestinaux identifiés chez les humains), le microbiote intestinal produit des molécules comme les SCFA, la vitamine B12, les acides aminés, l'histamine, ainsi que des neurotransmetteurs (Dohnalová *et al.*, 2022). Ces métabolites peuvent agir localement dans l'intestin ou s'accumuler à des concentrations pouvant atteindre le millimolaire dans différents fluides corporels (Fischbach, 2018), influençant, par exemple, la performance athlétique (Li *et al.*, 2025) et la fonction cérébrale et le comportement. À travers l'axe microbiote-intestin-cerveau, un réseau bidirectionnel qui influence les fonctions neurophysiologiques et comportementales, des métabolites produits par le microbiote tels que le butyrate, le propionate et l'acétate, peuvent influencer le fonctionnement psychologique. Ils exercent leurs effets sur le cerveau par des mécanismes directs *via* la circulation sanguine, ainsi que par des voies hormonales, immunitaires et neuronales indirectes (Dalile *et al.*, 2019). De même, le tryptophane, précurseur de la sérotonine,

est transformé par certaines bactéries intestinales, influençant directement la régulation de l'humeur et la réponse au stress (Deng *et al.*, 2021). Par ailleurs, des espèces microbiennes comme *Lactobacillus* et *Bifidobacterium* participent à la production de GABA, un neurotransmetteur inhibiteur clé dans la régulation de l'anxiété et du comportement (Yunes *et al.*, 2016). En outre, la dopamine, impliquée dans la régulation des fonctions cognitives, notamment la prise de décision, l'attention, la mémoire, la motivation, peut être modulée par certaines bactéries intestinales (González-Arancibia *et al.*, 2019).

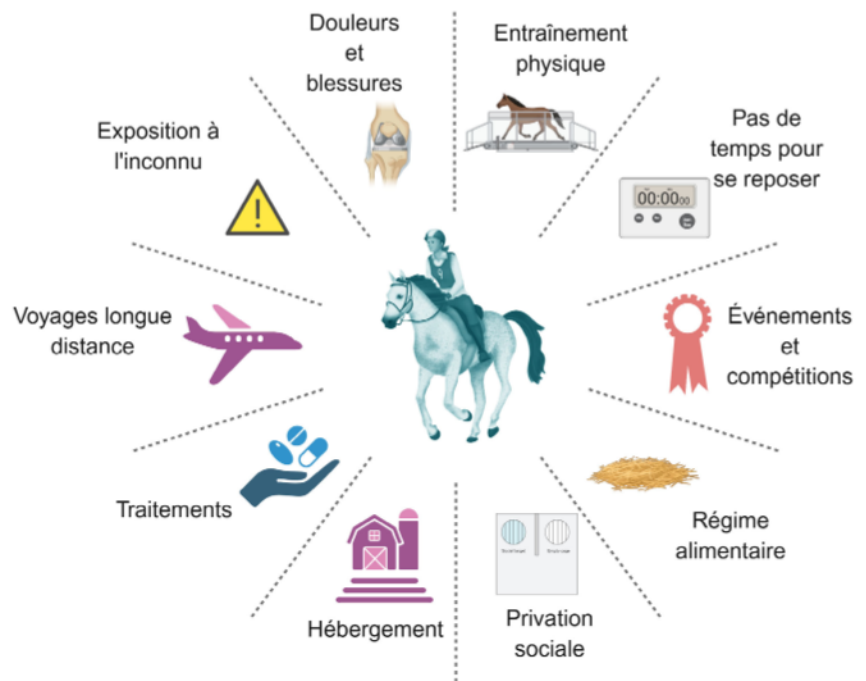
En termes généraux, le microbiote intestinal répond aux changements créés par l'environnement, les maladies et les facteurs liés à l'hôte. En effet, la composition du microbiote intestinal des chevaux adultes peut changer en quelques jours lorsqu'elle est confrontée à des changements alimentaires (Destrez *et al.*, 2015, 2019 ; Salem *et al.*, 2018). Ces changements influencent bien plus que la fonction digestive – ils jouent un rôle clé dans le comportement

et la réactivité des chevaux. Par exemple, des études (Bulmer *et al.*, 2019 ; Destrez *et al.*, 2019) ont montré que des chevaux soumis à un régime riche en fibres consacrent davantage de temps à explorer leur environnement à la recherche de nourriture alors que ceux nourris avec un régime riche en amidon présentent des comportements de changement de rythme plus fréquents. En outre, de grandes perturbations, comme l'administration d'antibiotiques (Gomez *et al.*, 2023) ou le stress physique, alimentaire et/ou social (Destrez *et al.*, 2015 ; Mach *et al.*, 2021b ; Silvers *et al.*, 2021) peuvent altérer durablement le microbiote intestinal vers différents états stables, qu'ils soient « bénéfiques » ou non (Lozupone *et al.*, 2012). Les dysbioses impliquent un déséquilibre dans la composition, la diversité et le fonctionnement des communautés microbiennes intestinales, souvent caractérisé par une réduction de la diversité microbienne et une prolifération de micro-organismes potentiellement pathogènes (Brüssow, 2020). Par exemple, une dysbiose induite par l'administration d'antibiotiques favorise la colonisation ou la prolifération de pathogènes, tels que *Clostridioides* (anciennement *Clostridium*) difficile (Barr *et al.*, 2013). La dysbiose peut entraîner des troubles gastro-intestinaux, une perméabilité intestinale et un risque accru d'infections (Shin *et al.*, 2015). Elle peut également impacter la santé mentale, contribuant à l'apparition d'états d'anxiété ou dépressifs via l'axe intestin-cerveau (Foster *et al.*, 2017 ; Deng *et al.*, 2021 ; Warren *et al.*, 2024).

2. Stress : architecte du microbiote intestinal équin

Le stress, qu'il soit biotique ou abiotique, influence les mécanismes adaptatifs des organismes en modulant divers processus physiologiques et biologiques. Il joue également un rôle dans la dynamique du microbiote intestinal, pouvant altérer sa composition et ses interactions avec l'hôte, ce qui peut avoir des implications sur la santé et l'homéostasie globale (Mach *et al.*, 2021b ; Silvers *et al.*, 2021 ; Park

Figure 2. Facteurs de stress impactant le microbiote intestinal des chevaux.



Cette figure illustre divers facteurs de stress pouvant impacter le microbiote intestinal des chevaux. Ces facteurs incluent l'hébergement dans des boxes individuels, l'exposition à des environnements inconnus, les voyages longue distance, les traitements médicaux, l'isolement social, les régimes alimentaires inadéquats, la participation à des événements et compétitions, le manque de repos et l'entraînement intensif. Ces conditions d'élevage imposées à l'animal empêchent les chevaux de s'engager dans des comportements naturels, tels que le pâturage et la socialisation, qui sont essentiels à leur bien-être physique et mental.

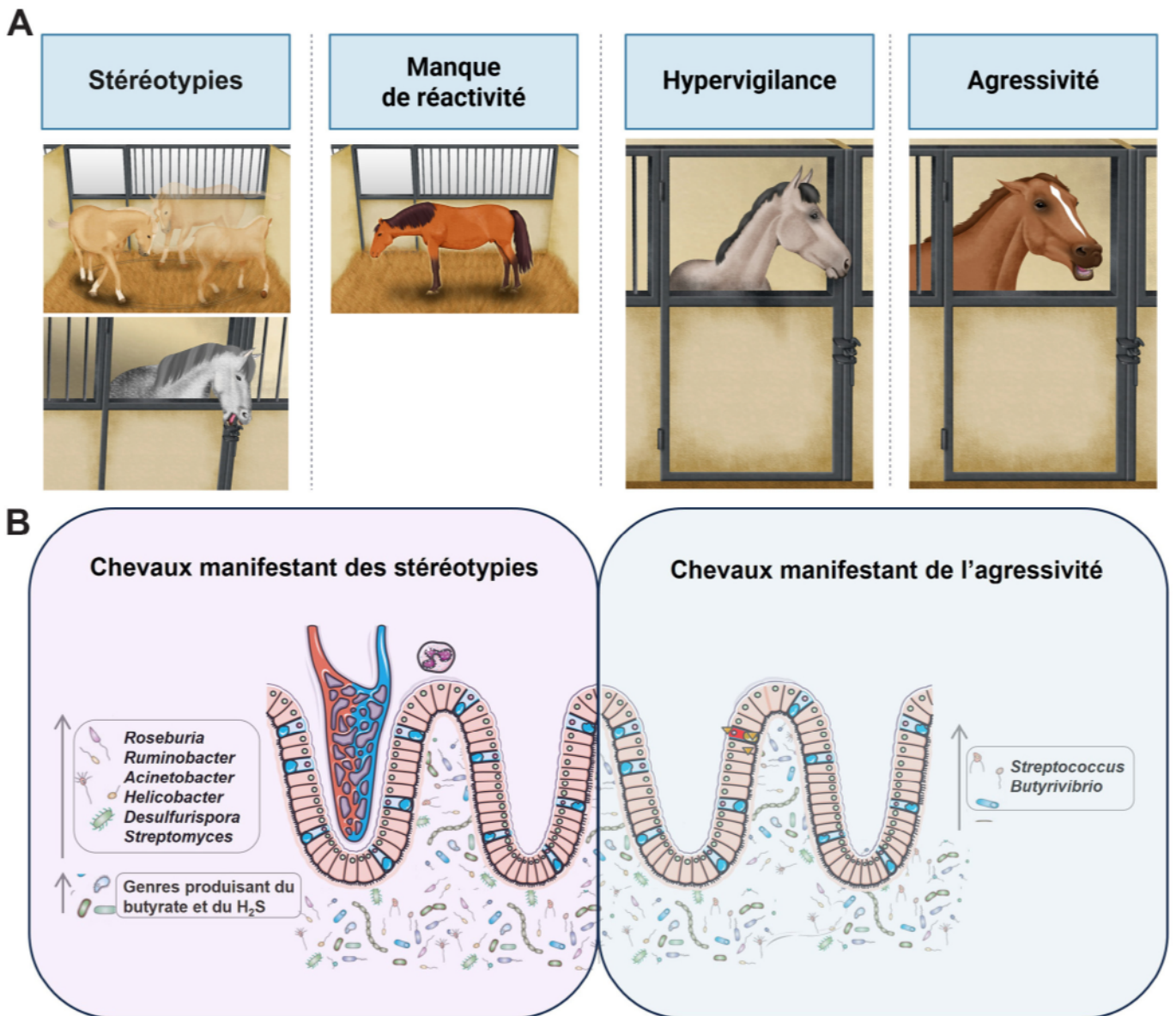
Figure créée sous <https://BioRender.com>

et al., 2024). Le stress est une réponse généralisée à des défis menaçant l'intégrité de l'organisme, induisant des changements physiologiques pouvant impacter les fonctions cognitives (Ulrich-Lai & Herman, 2009). Chez les chevaux, l'enfermement dans des boxes individuels pour des périodes prolongées, l'exposition à des environnements inconnus, les longs déplacements, les traitements médicaux, l'isolement social, des régimes alimentaires inadéquats, la participation à des événements et compétitions, le manque de repos et un entraînement intense induisent tous des réponses de stress physiologiques et comportementales (figure 2). Ces conditions de vie entraînent une activation prolongée de l'axe « hypothalamo-pituitaire-adrenal » (HPA), responsable de la production de cortisol, l'hormone du stress. Une élévation persistante des niveaux de cortisol peut altérer la régulation du microbiote intestinal, entraînant une dysbiose qui affecte l'axe microbiote-intestin-cerveau (Ruet *et al.*, 2019 ; Warren *et al.*, 2024).

En étudiant une cohorte de 185 chevaux pendant huit mois, notre équipe a observé des manifestations de stress chronique chez les chevaux athlètes dues aux conditions de vie des animaux (logement individuel en box, alimentation concentrée, forte pression d'entraînement et d'événements) : 17 % des chevaux présentaient des stéréotypies, qu'elles soient orales ou liées à la locomotion. De plus, 99 % des individus ont montré une absence de réactivité à leur environnement au moins une fois au cours des huit mois d'observation. L'hypervigilance a été observée chez 75 % des individus au moins une fois durant l'étude, ces chevaux manifestant des signes d'alerte excessive et prolongée. Enfin, des comportements agressifs ont été détectés chez 43 % des chevaux, que ce soit envers d'autres individus ou des humains au moins une fois pendant l'étude (Mach *et al.*, 2020) (figure 3A).

Le stress se manifeste non seulement par des effets comportementaux, mais compromet également l'intégrité de la

Figure 3. Manifestations du stress chez les chevaux d'élite.



(A) Cette figure illustre les manifestations du stress, observées dans une cohorte de 185 chevaux en bonne santé, gardés individuellement en intérieur pendant huit mois. 17 % des chevaux présentent des stéréotypies (comportements répétitifs et sans but), 99 % montrent une non-réactivité (absence de réponse aux stimuli), 75 % sont hypervigilants (état d'alerte constant), et 43 % expriment des comportements agressifs envers d'autres chevaux ou des humains au moins une fois pendant la période d'observation (Mach *et al.*, 2021a).

(B) Le stress se manifeste non seulement par des effets comportementaux, mais compromet potentiellement l'intégrité de la barrière intestinale et perturbe le microbiote existant. Cette figure a été adaptée de Mach *et al.* (2021a).

Figure créée sous <https://BioRender.com>

barrière intestinale et perturbe le microbiote existant (Kelly *et al.*, 2015 ; Bassett *et al.*, 2019). Chez l'humain, de nombreuses études ont établi un lien entre la dysbiose et diverses pathologies psychiatriques ou mentales telles que la dépression, l'autisme, l'anxiété, la schizophrénie, la maladie de Parkinson et la maladie d'Alzheimer (Rhee *et al.*, 2009 ; Luna & Foster, 2015 ; Burokas *et al.*, 2017 ; Du *et al.*, 2020). Des recherches démontrent également comment le

microbiote joue un rôle dans les processus cognitifs, qui englobent l'ensemble des fonctions mentales impliquées dans la perception, la mémoire, l'apprentissage, la formation de concepts, le langage et l'attention (Bruce-Keller *et al.*, 2017). Divers modèles animaux ont été essentiels pour identifier les profils caractéristiques de microbiote et les effets du stress sur les fonctions cognitives. Les souris axéniques et la dysbiose intestinale induite par des

antibiotiques sont deux approches couramment utilisées pour établir un lien de causalité entre le microbiote intestinal et le cerveau (Fröhlich *et al.*, 2016), évoquant le concept de l'axe microbiote-intestin-cerveau. Cet axe implique le système nerveux central (CNS), le système nerveux entérique (ENS), le métabolisme du tryptophane, le nerf vague, et le système immunitaire (Luna & Foster, 2015 ; Du *et al.*, 2020). De plus, certains métabolites microbiens

peuvent traverser la barrière hémato-encéphalique et altérer la fonction neuronale, influençant le comportement et l'état émotionnel.

Les chevaux, eux aussi, peuvent servir de modèles précieux pour étudier les troubles liés au stress. Les niveaux élevés d'exercice auxquels ils sont soumis, combinés au logement en boxes individuels et à une alimentation composée principalement de concentrés, augmentent significativement leur niveau de stress (Ruet *et al.*, 2019). Cette combinaison unique de facteurs fait des chevaux un excellent modèle pour comprendre l'impact du stress chronique sur le microbiote intestinal.

Chez les chevaux, le rôle du microbiote intestinal dans les changements comportementaux a été avancé par Destrez *et al.* (2015), qui ont observé que la concentration de bactéries amyolytiques et l'abondance des *Succinivibrionaceae* étaient positivement corrélées au comportement d'alerte, considéré comme une forme d'hypervigilance, après un régime pauvre en fibres mais riche en amidon. Chez les poneys nourris avec des régimes riches en amidon, une réactivité comportementale accrue a été liée à des changements dans le microbiote intestinal, suggérant que la composition du microbiote intestinal et le comportement sont liés et s'influencent mutuellement (Bulmer *et al.*, 2019). Notre équipe, à son tour, a démontré que chez les chevaux d'élite, des indicateurs comportementaux de bien-être, tels que les stéréotypies, l'hypervigilance et l'agressivité, ont été associés à des profils de microbiote intestinal différents (Mach *et al.*, 2020) (figure 3B). Plus spécifiquement, l'abondance des genres *Desulfurispora*, *Helicobacter*, *Acinetobacter*, *Ruminobacter*, *Pseudobacteroides*, *Roseburia* et des membres de la famille *Marinilabiliaceae* était plus élevée chez les chevaux présentant des stéréotypies orales. En revanche, le genre *Streptomyces* était plus abondant chez ceux présentant des stéréotypies de locomotion. Une fréquence plus élevée d'agressivité était associée à une prolifération des genres *Streptococcus* et *Butyrivibrio* spp., mais inversement corrélée à la prévalence

d'*Anaeroplasma*. Des premières indications suggèrent une association entre le genre *Streptococcus* et les réponses au stress chez les mammifères, mais des recherches approfondies restent nécessaires pour mieux comprendre ce lien (Nguyen *et al.*, 2015). Les indices de diversité ont indiqué que l'hypervigilance était associée à un microbiote plus hétérogène. Bien qu'il n'y ait pas de différences dans le nombre d'espèces microbiennes entre les animaux, l'hypervigilance a induit des différences notables dans l'abondance de certaines bactéries comme *Denitrobacterium* et *Dehalobacterium* (Mach *et al.*, 2020). Jusqu'à présent, aucune étude n'établit une association entre ces deux genres bactériens et le stress. Des expériences supplémentaires sont nécessaires pour corroborer ces résultats.

En plus d'analyser les profils de microbiote et le comportement, la caractérisation du stress chronique chez les individus a été évaluée par la mesure de la longueur des télomères et des niveaux de cortisol, ainsi que le profilage transcriptomique dans le sang. Ces paramètres fournissent une compréhension globale des changements physiologiques et moléculaires associés au stress chronique chez les chevaux (Foury *et al.*, 2023). Cela montre comment le stress chronique est lié aux profils du microbiote intestinal et, à son tour, à la santé globale des chevaux. Des analyses complémentaires, telles que la métagénomique par « *shotgun* », la métatranscriptomique et la métabolomique, pourraient encore améliorer les résultats. Ces techniques avancées fourniraient des informations plus approfondies sur les capacités fonctionnelles du microbiote, les profils d'expression génétique et les changements métaboliques, offrant une vue plus holistique de l'impact du stress chronique sur l'axe microbiote-intestin-cerveau.

3. Résilience dévoilée : son côté sombre

La résilience est la capacité d'un système à tolérer le stress avant de passer à un nouvel état avec des fonctions différentes (Lozupone *et al.*, 2012 ;

Holling & Robin, 2013 ; Sommer *et al.*, 2017 ; Fassarella *et al.*, 2021). Ainsi, la résilience du microbiote intestinal correspond à sa capacité à maintenir un équilibre fonctionnel face aux perturbations et à retrouver un état stable après des événements transitoires tels que les infections, les traitements antibiotiques, une disponibilité réduite en nutriments ou un stress. Cette faculté repose sur l'adaptabilité des communautés microbiennes et leur interaction dynamique avec l'hôte (Sommer *et al.*, 2017). La résilience du microbiote intestinal est associée à des mécanismes biologiques complexes impliquant la compétition pour les ressources, la production de substances antimicrobiennes, l'inhibition métabolique des espèces opportunistes, la formation de biofilms favorisant la stabilité microbienne, ainsi que la régulation du comportement collectif *via* le « *quorum sensing* » (mode de communication bactérienne basé sur des signaux chimiques, permettant d'adapter leur comportement selon la densité de leur population) (Lozupone *et al.*, 2012 ; Mach & Clark, 2017 ; Sommer *et al.*, 2017). L'hôte contribue également, en libérant des antimicrobiens, en produisant du mucus et en contrôlant les propriétés du tractus gastro-intestinal (Mach, 2024).

Constatant un profil microbiotique moins diversifié chez les chevaux athlètes soumis à un stress chronique dû aux pressions physiques et émotionnelles continues des compétitions et de l'entraînement intensif (Mach *et al.*, 2020), nous avons cherché à déterminer si ce microbiote était intrinsèquement résilient aux changements. Pour tester cette hypothèse, nous avons induit une perturbation environnementale positive – associant l'accès au pâturage et l'interaction sociale avec des congénères – pendant une courte période de 1,5 mois sur la moitié de notre cohorte. En particulier, 27 athlètes ont été suivis avant et après le pâturage, et comparés à 18 chevaux maintenus dans des boxes individuels. Nous avons ensuite évalué si cette intervention modifiait le microbiote, tant sur le plan de sa composition que de sa fonctionnalité (Mach *et al.*, 2021a). Globalement, la composition et la diversité du microbiote des

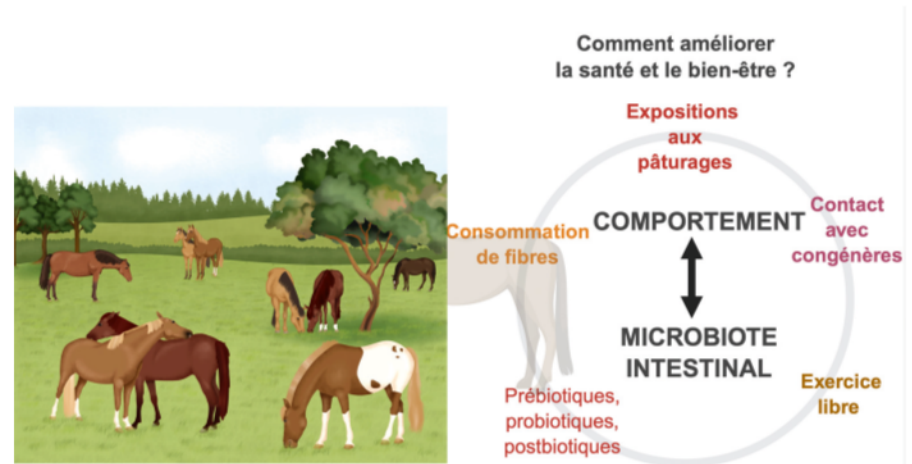
animaux envoyés au pâturage pendant une courte période n'ont pas changé. Bien que certains genres microbiens aient montré des variations, leur abondance est revenue à son niveau initial trois semaines après la réintégration en box, ce qui met en évidence une forte résilience microbienne et la difficulté d'établir une nouvelle structure écologique. L'adoption d'un microbiote différent nécessite de surmonter des barrières écologiques qui limitent la colonisation de nouvelles bactéries. Ces barrières résultent généralement d'interactions complexes entre les micro-organismes, le système immunitaire de l'hôte et les conditions environnementales du tractus intestinal (Zhang *et al.*, 2009). Ce phénomène est particulièrement notable lorsque le microbiote est hautement résilient, surtout si sa composition et ses fonctions sont défavorables à l'hôte. Un microbiote stable mais nuisible peut être extrêmement difficile à modifier. Acquérir un écosystème intestinal avec un potentiel de résilience élevé rend difficile la gestion des interventions qui peuvent briser le cercle vicieux de l'apathie et du stress et rétablir la santé et le bien-être.

Ainsi, comprendre les mécanismes derrière cette résilience est crucial pour développer des stratégies efficaces pour promouvoir la santé intestinale et le bien-être général des chevaux. Ces résultats suggèrent que des pratiques de gestion à long terme sont nécessaires pour modifier le lien entre le comportement et l'écosystème intestinal. Ainsi, la résilience seule n'est pas toujours bénéfique pour la santé et la performance ; un microbiote diversifié et fonctionnel est tout aussi essentiel.

4. Adopter et appliquer des pratiques agroécologiques

Les effets délétères potentiels de la résilience du microbiote et ses implications pour la santé et le bien-être des chevaux soulignent le besoin urgent de stratégies de gestion alternatives alignées sur les principes agroécologiques.

Figure 4. Pratiques agroécologiques pour des chevaux et des écosystèmes en meilleure santé.



Cette figure illustre les avantages des pratiques agroécologiques pour les chevaux et leurs environnements. Elle met en évidence la manière dont les systèmes de pâturage naturel, l'amélioration de la santé des sols et les écosystèmes diversifiés favorisent le bien-être des chevaux. En permettant aux chevaux de brouter, de socialiser et de s'engager dans des comportements naturels, ces pratiques réduisent le stress et soutiennent un microbiote intestinal plus sain. De plus, le pâturage des chevaux aide à maintenir la diversité des plantes, à promouvoir la santé des sols et à contribuer à la durabilité et à la résilience des paysages agricoles.

Figure créée sous <https://BioRender.com>

L'agroécologie figure parmi les options les plus prometteuses pour atténuer les impacts négatifs de l'élevage sur l'environnement et développer des systèmes locaux reposant sur des méthodes d'élevage éthiquement acceptables (Dumont *et al.*, 2025). L'agroécologie met l'accent sur des pratiques de gestion animale durables, favorisant la biodiversité, l'équilibre écologique et le bien-être. Elle intègre également des dimensions sociales et politiques essentielles, telles que l'organisation communautaire, l'autonomie des acteurs et l'accès aux ressources foncières (Dumont *et al.*, 2025).

Pour les chevaux, cela signifie adopter notamment des pratiques de gestion alignées sur leurs comportements et besoins naturels. Permettre aux chevaux de passer plus de temps dans des pâturages avec leurs congénères peut significativement améliorer leur bien-être en réduisant le stress et en favorisant un microbiote intestinal plus sain. Comme l'expliquent Julliard et Grimm (2017), des régimes riches en fibres entraînent une augmentation de la diversité microbienne et des modifications du milieu intestinal, notamment une réduction de la matière sèche et

de la production d'acide valérique. Ces mêmes auteurs ont également démontré qu'une alimentation riche en fibres favorise des comportements alimentaires naturels et réduit les réactions excitables, contribuant ainsi à la santé et au bien-être des chevaux (Raspa *et al.*, 2022). Les systèmes basés sur le pâturage permettent aux chevaux de brouter, de socialiser et de s'engager dans des comportements naturels (figure 4). Ces environnements favorisent la santé globale et produisent des chevaux robustes et athlétiques. Par exemple, les chevaux élevés dans de tels systèmes sont très prisés pour la conduite traditionnelle dans la région de la Camargue (France) et leur endurance exceptionnelle dans les courses, comme les chevaux arabes dans la région du Causse (Jouven *et al.*, 2016). En permettant aux chevaux de prospérer dans un habitat naturel, nous pouvons garantir qu'ils développent la force et l'agilité nécessaires pour ces activités exigeantes.

De plus, le pâturage des chevaux a un impact positif sur la préservation des habitats naturels, la diversité des espèces végétales et la fertilisation des sols, bénéficiant à l'ensemble de l'écosystème (Dumont *et al.*, 2013).

Les chevaux sont excellents pour contrôler les herbes compétitives et maintenir des zones ouvertes en pâturant. Comme l'ont avancé Fleurance et Dumont (2020) lors de leur présentation orale à l'EAAP, les chevaux sont des herbivores qui adaptent leur stratégie de pâturage en sélectionnant des zones de végétation courte à forte valeur écologique. Ce comportement favorise l'hétérogénéité du couvert végétal et contribue à la préservation des prairies naturelles. Les chevaux influencent donc directement la structure et la diversité des habitats herbacés, renforçant ainsi leur rôle écologique dans la gestion des paysages. De plus, le pâturage des chevaux entraîne une augmentation de l'abondance des légumineuses dans les zones de pâturage stable ainsi que certains effets sur la diversité des insectes. En particulier, le pâturage des chevaux crée une mosaïque de zones de hautes et de courtes herbes, soutenant une biodiversité élevée de plantes à fleurs et d'insectes pollinisateurs (Thulin *et al.*, 2025) et bénéficiant à diverses espèces animales (Jouven *et al.*, 2016). En Camargue, le pâturage des chevaux a permis de remplacer les plantes hautes et compétitives par des plantes plus petites et compétitives en nutriments, permettant ainsi à plus d'espèces de coexister. Cependant, les pratiques agricoles jouent également un rôle. Les modifications de la gestion des pâturages,

de la densité de chargement et de la rotation du pâturage peuvent influencer la succession végétale et la stabilité des écosystèmes (Jouven *et al.*, 2016). Dans le centre de la France, les chevaux ont surpassé les bovins dans le contrôle des espèces prairiales de faible valeur nutritive et ont favorisé celles de valeur nutritive moyenne. Les chevaux se sont également révélés plus efficaces que les moutons pour améliorer la valeur pastorale des prairies subméditerranéennes. Enfin, le pâturage des chevaux contribue à promouvoir la santé des sols en améliorant le cycle des nutriments et en réduisant l'érosion des sols.

En intégrant les principes agroécologiques dans la gestion des chevaux, nous pouvons créer des environnements qui soutiennent la diversité et la santé des animaux ainsi que celle de leurs écosystèmes. L'accès aux pâturages, la consommation de fibres, l'exercice libre et le contact social avec les congénères, jouent un rôle essentiel dans le bien-être et la résilience des équidés. En complément, l'ajout de probiotiques, prébiotiques et postbiotiques peut renforcer l'équilibre du microbiote intestinal, optimisant ainsi la santé digestive et immunitaire des chevaux. Cette approche combinée, offre une stratégie holistique visant à améliorer le bien-être des chevaux tout en préservant la durabilité des systèmes d'élevage.

Conclusion

Le stress chronique et les pratiques d'élevage peuvent affecter la composition et la fonction du microbiote intestinal, entraînant des problèmes de santé et de bien-être importants. L'adoption des principes agroécologiques et le respect de leurs comportements naturels, tels que le pâturage prolongé et la socialisation, peuvent contribuer à la diversité du microbiote intestinal et favoriser leur santé et leur bien-être global.

Remerciements

L'auteur tient à exprimer sa gratitude envers Léa Lansade, Alice Ruet, Marie-Pierre Moisan, Aline Foury et le personnel de l'Institut français du cheval et de l'équitation (IFCE) et de l'Institut national de la recherche pour l'agriculture, l'alimentation et l'environnement (INRAE) de Jouy-en-Josas et Nouzilly (France). Je remercie particulièrement Patrick Galloux, Xavier Goupil, Isabelle Burgaud, Sophie Biau, le Colonel Patrick Teisserenc, Jean-Marie Yvon, Milena Trosh et tous les soigneurs d'animaux pour leur collaboration lors de l'expérimentation au Cadre noir de Saumur. La production des ensembles de données utilisés dans l'étude a été financée par des subventions du Fonds Éperon et de l'IFCE.

Références

- Arnold, G. W. (1984). Comparison of the time budgets and circadian patterns of maintenance activities in sheep, cattle and horses grouped together. *Applied Animal Behaviour Science*, 13(1-2), 19-30. [https://doi.org/10.1016/0168-1591\(84\)90048-0](https://doi.org/10.1016/0168-1591(84)90048-0)
- Barr, B. S., Waldrige, B. M., Morresey, P. R., Reed, S. M., Clark, C., Belgrave, R., Donecker, J. M., & Weigel, D. J. (2013). Antimicrobial-associated diarrhoea in three equine referral practices. *Equine Veterinary Journal*, 45(2), 154-158. <https://doi.org/10.1111/j.2042-3306.2012.00595.x>
- Barton, W., Penney, N. C., Cronin, O., Garcia-Perez, I., Molloy, M. G., Holmes, E., Shanahan, F., Cotter, P. D., & O'Sullivan, O. (2018). The microbiome of professional athletes differs from that of more sedentary subjects in composition and particularly at the functional metabolic level. *Gut*, 67(4), 625-633. <https://doi.org/10.1136/gutjnl-2016-313627>
- Bassett, S. A., Young, W., Fraser, K., Dalziel, J. E., Webster, J., Ryan, L., Fitzgerald, P., Stanton, C., Dinan, T. G., Cryan, J. F., Clarke, G., Hyland, N., & Roy, N. C. (2019). Metabolome and microbiome profiling of a stress-sensitive rat model of gut-brain axis dysfunction. *Scientific Reports*, 9(1), 14026. <https://doi.org/10.1038/s41598-019-50593-3>
- Boisseau, M., Dhone-Pollet, S., Bars-Cortina, D., Courtot, É., Serreau, D., Annonay, G., Lluch, J., Gesbert, A., Reigner, F., Sallé, G., & Mach, N. (2023). Species interactions, stability, and resilience of the gut microbiota - Helminth assemblage in horses. *iScience*, 26(2), 106044. <https://doi.org/10.1016/j.isci.2023.106044>
- Bordenstein, S. R., & Theis, K. R. (2015). Host biology in light of the microbiome: Ten principles of holobionts and hologenomes. *PLoS Biology*, 13(8), e1002226. <https://doi.org/10.1371/journal.pbio.1002226>
- Bruce-Keller, A. J., Fernandez-Kim, S.-O., Townsend, R. L., Kruger, C., Carmouche, R., Newman, S., Salbaum, J. M., & Berthoud, H. R. (2017). Maternal obese-Type gut microbiota differentially impact cognition, anxiety and compulsive behavior in male and female offspring in mice. *PLoS ONE*, 12(4), e0175577. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0175577>
- Brugman, S., Ikeda-Ohtsubo, W., Braber, S., Folkerts, G., Pieterse, C. M. J., & Bakker, P. A. H. M. (2018). A comparative review on microbiota manipulation: lessons from fish, plants, livestock, and human research. *Frontiers in Nutrition*, 5, 80. <https://doi.org/10.3389/fnut.2018.00080>
- Brüssow, H. (2020). Problems with the concept of gut microbiota dysbiosis. *Microbial Biotechnology*, 13(2), 423-434. <https://doi.org/10.1111/1751-7915.13479>
- Bulmer, L. S., Murray, J.-A., Burns, N. M., Garber, A., Wemelsfelder, F., McEwan, N. R., & Hastie, P. M. (2019).

- High-starch diets alter equine faecal microbiota and increase behavioural reactivity. *Scientific Reports*, 9, 18621. <https://doi.org/10.1038/s41598-019-54039-8>
- Burokas, A., Arbolea, S., Moloney, R. D., Peterson, V. L., Murphy, K., Clarke, G., Stanton, C., Dinan, T. G., & Cryan, J. F. (2017). Targeting the Microbiota-Gut-Brain Axis: Prebiotics Have Anxiolytic and Antidepressant-like Effects and Reverse the Impact of Chronic Stress in Mice. *Biological Psychiatry*, 82, 472-487. <https://doi.org/10.1016/j.biopsych.2016.12.031>
- Carabotti, M., Scirocco, A., Maselli, M. A., & Severi, C. (2015). The gut-brain axis: Interactions between enteric microbiota, central and enteric nervous systems. *Annals of Gastroenterology*, 28(2), 203-209. <http://www.annalsgastro.gr/index.php/annalsgastro/article/view/1959>
- Clark, A., Sallé, G., Ballan, V., Reigner, F., Meynadier, A., Cortet, J., Koch, C., Riou, M., Blanchard, A., & Mach, N. (2018). Strongyle Infection and Gut Microbiota: Profiling of Resistant and Susceptible Horses Over a Grazing Season. *Frontiers in Physiology*, 9. <https://doi.org/10.3389/fphys.2018.00272>
- Dalile, B., Van Oudenhove, L., Vervliet, B., & Verbeke, K. (2019). The role of short-chain fatty acids in microbiota-gut-brain communication. *Nature Reviews Gastroenterology & Hepatology*, 16(8), 461-478. <https://doi.org/10.1038/s41575-019-0157-3>
- Deng, Y., Zhou, M., Wang, J., Yao, J., Yu, J., Liu, W., Wu, L., Wang, J., & Gao, R. (2021). Involvement of the microbiota-gut-brain axis in chronic restraint stress: disturbances of the kynurenine metabolic pathway in both the gut and brain. *Gut Microbes*, 13(1). <https://doi.org/10.1080/19490976.2020.1869501>
- Destrez, A., Grimm, P., Cézilly, F., & Julliand, V. (2015). Changes of the hindgut microbiota due to high-starch diet can be associated with behavioral stress response in horses. *Physiology & Behavior*, 149, 159-164. <https://doi.org/10.1016/j.physbeh.2015.05.039>
- Destrez, A., Grimm, P., & Julliand, V. (2019). Dietary-induced modulation of the hindgut microbiota is related to behavioral responses during stressful events in horses. *Physiology & Behavior*, 202, 94-100. <https://doi.org/10.1016/j.physbeh.2019.02.003>
- Dohnalová, L., Lundgren, P., Carty, J. R. E., Goldstein, N., Wenski, S. L., Nanudorn, P., Thiengmag, S., Huang, K.-P., Litichevskiy, L., Descamps, H. C., Chellappa, K., Glassman, A., Kessler, S., Kim, J., Cox, T. O., Dmitrieva-Posocco, O., Wong, A. C., Allman, E. L., Ghosh, S., ... Thaiss, C. A. (2022). A microbiome-dependent gut-brain pathway regulates motivation for exercise. *Nature*, 612(7941), 739-747. <https://doi.org/10.1038/s41586-022-05525-z>
- Donaldson, G. P., Lee, S. M., & Mazmanian, S. K. (2015). Gut biogeography of the bacterial microbiota. *Nature Reviews Microbiology*, 14(1), 20-32. <https://doi.org/10.1038/nrmicro3552>
- Donia, M. S., & Fischbach, M. A. (2015). Small molecules from the human microbiota. *Science*, 349(6246). <https://doi.org/10.1126/science.1254766>
- Du, Y., Gao, X.-R., Peng, L., & Ge, J.-F. (2020). Crosstalk between the microbiota-gut-brain axis and depression. *Heliyon*, 6, E04097. <https://doi.org/10.1016/j.heliyon.2020.e04097>
- Dumont, B., Fortun-Lamothe, L., Jouven, M., Thomas, M., & Tichit, M. (2013). Prospects from agroecology and industrial ecology for animal production in the 21st century. *Animal*, 7(6), 1028-1043. <https://doi.org/10.1017/S1751731112002418>
- Dumont, B., Barlagne, C., Cassart, P., Duval, J. E., Fancone, A., Gourdière, J.-L., Huguénin-Elie, O., Kazakova, Y., Klötzli, J., Lüscher, A., Oteros-Rozas, E., Pomies, D., Rivera Ferre, M. G., Rossing, W. A. H., Stefanova, V., Swartebroekx, A., & Zagaria, C. (2025). Principles, barriers and enablers to agroecological animal production systems: a qualitative approach based on five case studies. *Animal*, 19, 101367. <https://doi.org/10.1016/j.animal.2024.101367>
- Fassarella, M., Blaak, E. E., Penders, J., Nauta, A., Smidt, H., & Zoetendal, E. G. (2021). Gut microbiome stability and resilience: Elucidating the response to perturbations in order to modulate gut health. *Gut*, 70(3), 595-605. <https://doi.org/10.1136/gutjnl-2020-321747>
- Fischbach, M. A. (2018). Microbiome: Focus on Causation and Mechanism. *Cell*, 174(4), 785-790. <https://doi.org/10.1016/j.cell.2018.07.038>
- Fletcher, K., Cameron, L., & Freeman, M. (2021). Contemplating the Five Domains model of animal welfare assessment: UK horse owner perceptions of equine well-being. *Animal Welfare*, 30(3), 259-268. <https://doi.org/10.7120/09627286.30.3.003>
- Fleurance, G., & Dumont, B. (2020). *How do grazing horses shape biodiversity - stressing the lack of evidence in mesophile grasslands* [Oral communication]. 71th Annual Meeting of the European Federation of Animal Science, Virtual Meeting. https://docs.eaap.org/boa/2020_EAAP_Book_of_Abstracts.pdf
- Foster, J. A., Rinaman, L., & Cryan, J. F. (2017). Stress & the gut-brain axis: Regulation by the microbiome. *Neurobiology of Stress*, 7, 124-136. <https://doi.org/10.1016/j.ynstr.2017.03.001>
- Foury, A., Mach, N., Ruet, A., Lansade, L., & Moisan, M. P. (2023). Transcriptomic signature related to poor welfare of sport horses. *Comprehensive Psychoneuroendocrinology*, 16, 100201. <https://doi.org/10.1016/j.cpnec.2023.100201>
- Fröhlich, E. E., Farzi, A., Mayerhofer, R., Reichmann, F., Jačan, A., Wagner, B., Zinser, E., Bordag, N., Magnes, C., Fröhlich, E., Kashofer, K., Gorkiewicz, G., & Holzer, P. (2016). Cognitive impairment by antibiotic-induced gut dysbiosis: Analysis of gut microbiota-brain communication. *Brain, Behavior, and Immunity*, 56, 140-155. <https://doi.org/10.1016/j.bbi.2016.02.020>
- Garrett, L. A., Brown, R., & Poxton, I. R. (2002). A comparative study of the intestinal microbiota of healthy horses and those suffering from equine grass sickness. *Veterinary Microbiology*, 87(1), 81-88. [https://doi.org/10.1016/S0378-1135\(02\)00018-4](https://doi.org/10.1016/S0378-1135(02)00018-4)
- Gomez, D., Toribio, R., Caddey, B., Costa, M., Vijan, S., & Dembek, K. (2023). Longitudinal effects of oral administration of antimicrobial drugs on fecal microbiota of horses. *Journal of Veterinary Internal Medicine*, 37(6), 2562-2572. <https://doi.org/10.1111/jvim.16853>
- González-Arancibia, C., Urrutia-Piñones, J., Illanes-González, J., Martínez-Pinto, J., Sotomayor-Zárate, R., Julio-Pieper, M., & Bravo, J. A. (2019). Do your gut microbes affect your brain dopamine? *Psychopharmacology*, 236(5), 1611-1622. <https://doi.org/10.1007/s00213-019-05265-5>
- Grønvold, A.-M. R., L'Abée-Lund, T. M., Strand, E., Sørum, H., Yannarell, A. C., & Mackie, R. I. (2010). Fecal microbiota of horses in the clinical setting: Potential effects of penicillin and general anesthesia. *Veterinary Microbiology*, 145(3-4), 366-372. <https://doi.org/10.1016/j.vetmic.2010.03.023>
- Holling, C. S., & Robin, L. (2013). Resilience and Stability of Ecological Systems (1973). In L. Robin, S. Sörlin, & P. Warde (Eds.), *The Future of Nature: Documents of Global Change* (pp. 245-260). Yale University Press. <https://doi.org/10.2307/j.ctt5vm5bn.29>
- Husted, A. S., Trauelsen, M., Rudenko, O., Hjorth, S. A., & Schwartz, T. W. (2017). GPCR-Mediated Signaling of Metabolites. *Cell Metabolism*, 25(4), 777-796. <https://doi.org/10.1016/j.cmet.2017.03.008>
- Jez, C., Coudurier, B., Cressent, M., Mea, F., Perrier-Cornet, P., & Rossier, E. (2015). The French horse industry in 2030: scenarios to inform decision-making. In C. Vial, & R. Evans (Eds.), *The new equine economy in the 21st century* (pp. 157-166). Wageningen Academic. https://doi.org/10.3920/978-90-8686-824-7_14
- Jouven, M., Vial, C., & Fleurance, G. (2016). Horses and rangelands: perspectives in Europe based on a French case study. *Grass and Forage Science*, 71(2), 178-194. <https://doi.org/10.1111/gfs.12204>
- Julliand, V., & Grimm, P. (2017). The Impact of Diet on the Hindgut Microbiome. *Journal of Equine Veterinary Science*, 52, 23-28. <https://doi.org/10.1016/j.jevs.2017.03.002>
- Karl, J. P., Hatch, A. M., Arcidiacono, S. M., Pearce, S. C., Pantoja-Feliciano, I. G., Doherty, L. A., & Soares, J. W. (2018). Effects of psychological, environmental and physical stressors on the gut microbiota. *Frontiers in Microbiology*, 9. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2018.02013>
- Kauter, A., Epping, L., Semmler, T., Antao, E.-M., Kannapin, D., Stoeckle, S. D., Gehlen, H., Lübke-Becker, A., Günther, S., Wieler, L. H., & Walther, B. (2019). The gut microbiome of horses: current research on equine enteral microbiota and future perspectives. *Animal Microbiome*, 1(1). <https://doi.org/10.1186/s42523-019-0013-3>
- Kelly, J. R., Kennedy, P. J., Cryan, J. F., Dinan, T. G., Clarke, G., & Hyland, N. P. (2015). Breaking down the barriers: the gut microbiome, intestinal permeability and stress-related psychiatric disorders. *Frontiers in Cellular Neuroscience*, 9. <https://doi.org/10.3389/fncel.2015.00392>

- Li, C., Li, X., Liu, K., Xu, J., Yu, J., Liu, Z., Mach, N., Ni, W., Liu, C., Zhou, P., Wang, L., & Hu, S. (2025). Multiomic analysis of different horse breeds reveals that gut microbial butyrate enhances racehorse athletic performance. *npj Biofilms and Microbiomes*, 11(1), 87. <https://doi.org/10.1038/s41522-025-00730-w>
- Lloyd-Price, J., Abu-Ali, G., & Huttenhower, C. (2016). The healthy human microbiome. *Genome Medicine*, 8(1). <https://doi.org/10.1186/s13073-016-0307-y>
- Luzopone, C. A., Stomabaugh, J. I., Gordon, J. I., Jansson, J. K., & Knight, R. (2012). Diversity, stability and resilience of the human gut microbiota. *Nature*, 489(7415), 220-230. <https://doi.org/10.1038/nature11550>
- Luna, R. A., & Foster, J. A. (2015). Gut brain axis: Diet microbiota interactions and implications for modulation of anxiety and depression. *Current Opinion in Biotechnology*, 32, 35-41. <https://doi.org/10.1016/j.copbio.2014.10.007>
- Lyte, M., Vulchanova, L., & Brown, D. R. (2011). Stress at the intestinal surface: Catecholamines and mucosa-bacteria interactions. *Cell and Tissue Research*, 343(1), 23-32. <https://doi.org/10.1007/s00441-010-1050-0>
- Mach, N. (2024). The forecasting power of the mucin-microbiome interplay in livestock respiratory diseases. *Veterinary Quarterly*, 44(1), 1-18. <https://doi.org/10.1080/01652176.2024.2340003>
- Mach, N., & Clark, A. (2017). Micronutrient deficiencies and the human gut microbiota. *Trends in Microbiology*, 25(8), 607-610. <https://doi.org/10.1016/j.tim.2017.06.004>
- Mach, N., & Fuster-Botella, D. (2017). Endurance exercise and gut microbiota: A review. *Journal of Sport and Health Science*, 6(2), 179-197. <https://doi.org/10.1016/j.jshs.2016.05.001>
- Mach, N., Foury, A., Kittelmann, S., Reigner, F., Moroldo, M., Ballester, M., Esquerré, D., Rivière, J., Sallé, G., Gérard, P., Moisan, M.-P., & Lansade, L. (2017a). The Effects of Weaning Methods on Gut Microbiota Composition and Horse Physiology. *Frontiers in Physiology*, 8. <https://doi.org/10.3389/fphys.2017.00535>
- Mach, N., Ramayo-Caldas, Y., Clark, A., Moroldo, M., Robert, C., Barrey, E., López, J. M., & Le Moyec, L. (2017b). Understanding the response to endurance exercise using a systems biology approach: combining blood metabolomics, transcriptomics and miRNomics in horses. *BMC Genomics*, 18(1), 187. <https://doi.org/10.1186/s12864-017-3571-3>
- Mach, N., Ruet, A., Clark, A., Bars-Cortina, D., Ramayo-Caldas, Y., Crisci, E., Pennarun, S., Dhorne-Pollet, S., Foury, A., Moisan, M.-P., & Lansade, L. (2020). Priming for welfare: gut microbiota is associated with equitation conditions and behavior in horse athletes. *Scientific Reports*, 10(1), 8311. <https://doi.org/10.1038/s41598-020-65444-9>
- Mach, N., Lansade, L., Bars-Cortina, D., Dhorne-Pollet, S., Foury, A., Moisan, M.-P., & Ruet, A. (2021a). Gut microbiota resilience in horse athletes following holidays out to pasture. *Scientific Reports*, 11, 5007. <https://doi.org/10.1038/s41598-021-84497-y>
- Mach, N., Moroldo, M., Rau, A., Lecardonnel, J., Le Moyec, L., Robert, C., & Barrey, E. (2021b). Understanding the Holobiont: Crosstalk Between Gut Microbiota and Mitochondria During Long Exercise in Horse. *Frontiers in Molecular Biosciences*, 8. <https://doi.org/10.3389/fmolb.2021.656204>
- Mach, N., Midoux, C., Leclercq, S., Pennarun, S., Le Moyec, L., Rué, O., Robert, C., Sallé, G., & Barrey, E. (2022). Mining the equine gut metagenome: poorly-characterized taxa associated with cardiovascular fitness in endurance athletes. *Communications Biology*, 5(1), 1032. <https://doi.org/10.1038/s42003-022-03977-7>
- Martin, C. R., Osadchiv, V., Kalani, A., & Mayer, E. A. (2018). The Brain-Gut-Microbiome Axis. *Cellular and Molecular Gastroenterology and Hepatology*, 6(2), 133-148. <https://doi.org/10.1016/j.jcmgh.2018.04.003>
- Massacci, F. R., Clark, A., Ruet, A., Lansade, L., Costa, M., & Mach, N. (2020). Inter-breed diversity and temporal dynamics of the faecal microbiota in healthy horses. *Journal of Animal Breeding and Genetics*, 137(1), 103-120. <https://doi.org/10.1111/jbg.12441>
- Mayer, E. A. (2000). The neurobiology of stress and gastrointestinal disease. *Gut*, 47(6), 861-869. <https://doi.org/10.1136/gut.47.6.861>
- Michaudel, C., & Sokol, H. (2020). The Gut Microbiota at the Service of Immunometabolism. *Cell Metabolism*, 32(4), 514-523. <https://doi.org/10.1016/j.cmet.2020.09.004>
- Nicholson, J. K., Holmes, E., Kinross, J., Burcelin, R., Gibson, G., Jia, W., & Pettersson, S. (2012). Host-Gut Microbiota Metabolic Interactions. *Science*, 336(6086), 1262-1267. <https://doi.org/10.1126/science.1223813>
- Noverr, M. C., & Huffnagle, G. B. (2004). Does the microbiota regulate immune responses outside the gut? *Trends in Microbiology*, 12(12), 562-568. <https://doi.org/10.1016/j.tim.2004.10.008>
- Nguyen, C. T., Park, S.-S., & Rhee, D.-K. (2015). Stress responses in Streptococcus species and their effects on the host. *Journal of Microbiology*, 53(11), 741-749. <https://doi.org/10.1007/s12275-015-5432-6>
- O'Mahony, S. M., Clarke, G., Borre, Y. E., Dinan, T. G., & Cryan, J. F. (2015). Serotonin, tryptophan metabolism and the brain-gut-microbiome axis. *Behavioural Brain Research*, 277, 32-48. <https://doi.org/10.1016/j.bbr.2014.07.027>
- Park, T., Yoon, J., Yun, Y., & Unno, T. (2024). Comparison of the fecal microbiota with high- and low performance race horses. *Journal of Animal Science and Technology*, 66(2), 425-437. <https://doi.org/10.5187/jast.2023.e45>
- Plancade, S., Clark, A., Philippe, C., Helbling, J.-C., Moisan, M.-P., Esquerré, D., Le Moyec, L., Le, Robert, C., Barrey, E., & Mach, N. (2019). Unraveling the effects of the gut microbiota composition and function on horse endurance physiology. *Scientific Reports*, 9(1), 9620. <https://doi.org/10.1038/s41598-019-46118-7>
- Raspa, F., Tarantola, M., Muca, E., Bergero, D., Soglia, D., Cavallini, D., Vervuert, I., Bordin, C., De Palo, P., & Valle, E. (2022). Does Feeding Management Make a Difference to Behavioural Activities and Welfare of Horses Reared for Meat Production? *Animals*, 12(14), 1740. <https://doi.org/10.3390/ani12141740>
- Rhee, S. H., Pothoulakis, C., & Mayer, E. A. (2009). Principles and clinical implications of the brain-gut-enteric microbiota axis. *Nature Reviews Gastroenterology & Hepatology*, 6(5), 306-314. <https://doi.org/10.1038/nrgastro.2009.35>
- Rodriguez, C., Taminiau, B., Brévers, B., Avesani, V., Van Broeck, J., Leroux, A., Gallot, M., Bruwier, A., Amory, H., Delmée, M., & Daube, G. (2015). Faecal microbiota characterisation of horses using 16 rDNA barcoded pyrosequencing, and carriage rate of clostridium difficile at hospital admission. *BMC Microbiology*, 15(1), 181. <https://doi.org/10.1186/s12866-015-0514-5>
- Ruet, A., Lemarchand, J., Parias, C., Mach, N., Moisan, M.-P., Foury, A., Briant, C., & Lansade, L. (2019). Housing Horses in Individual Boxes Is a Challenge with Regard to Welfare. *Animals*, 9(9), 621. <https://doi.org/10.3390/ani9090621>
- Salem, S. E., Maddox, T. W., Berg, A., Antczak, P., Ketley, J. M., Williams, N. J., & Archer, D. C. (2018). Variation in faecal microbiota in a group of horses managed at pasture over a 12-month period. *Scientific Reports*, 8(1), 8510. <https://doi.org/10.1038/s41598-018-26930-3>
- Schoster, A., Mosing, M., Jalali, M., Staempfli, H. R., & Weese, J. S. (2016). Effects of transport, fasting and anaesthesia on the faecal microbiota of healthy adult horses. *Equine Veterinary Journal*, 48(5), 595-602. <https://doi.org/10.1111/evj.12479>
- Shin, N.-R., Whon, T. W., & Bae, J.-W. (2015). Proteobacteria: Microbial signature of dysbiosis in gut microbiota. *Trends in Biotechnology*, 33(9), 496-503. <https://doi.org/10.1016/j.tibtech.2015.06.011>
- Silvers, B. L., Leatherwood, J. L., Bradbery, A. N., Guy, C. P., Martinez, R. E., Much, M. L., Keshri, J., Dass, S. C., & White-Springer, S. H. (2021). 23 Forced exercise on gut microbiota and cytokines in young horses. *Journal of Equine Veterinary Science*, 100, 103486. <https://doi.org/10.1016/j.jevs.2021.103486>
- Sommer, F., Anderson, J. M., Bharti, R., Raes, J., & Rosenstiel, P. (2017). The resilience of the intestinal microbiota influences health and disease. *Nature Reviews Microbiology*, 15(10), 630-638. <https://doi.org/10.1038/nrmicro.2017.58>
- Stewart, H. L., Pitta, D., Indugu, N., Vecchiarelli, B., Engiles, J. B., & Southwood, L. L. (2018). Characterization of the fecal microbiota of healthy horses. *American Journal of Veterinary Research*, 79(8), 811-819. <https://doi.org/10.2460/ajvr.79.8.811>
- Theelen, M. J. P., Luiken, R. E. C., Wagenaar, J. A., Sloet van Oldruitenborgh-Oosterbaan, M. M., Rossen, J. W. A., & Zomer, A. L. (2021). The equine faecal microbiota of healthy horses and ponies in the Netherlands: Impact of host and environmental factors. *Animals*, 11(6), 1762. <https://doi.org/10.3390/ani11061762>

Thulin, C.-G., Chen, Y., & Garrido, P. (2025). Semi-Feral Horse Grazing Benefits the Grassland Diversity of Flowering Plants Including a Pollinator-Promoting Indicator Species. *Animals*, 15(6), 862. <https://doi.org/10.3390/ani15060862>

Ticinesi, A., Lauretani, F., Tana, C., Nouvenne, A., Ridolo, E., & Meschi, T. (2019). Exercise and immune system as modulators of intestinal microbiome: Implications for the gut-muscle axis hypothesis. *Exercise Immunology Review*, 25(96), 84-95. <http://eir-isei.de/2019/eir-2019-084-article.pdf>

Ulrich-Lai, Y. M., & Herman, J. P. (2009). Neural regulation of endocrine and autonomic stress responses. *Nature Review. Neuroscience*, 10(6), 397-409. <https://doi.org/10.1038/nrn2647>

Walshe, N., Duggan, V., Cabrera-Rubio, R., Crispie, F., Cotter, P., Feehan, O., & Mulcahy, G. (2019). Removal of adult cyathostomins alters faecal microbiota and promotes an inflammatory phenotype in horses. *International Journal for Parasitology*, 49(6), 489-500. <https://doi.org/10.1016/j.ijpara.2019.02.003>

Warren, A., Nyavor, Y., Beguelin, A., & Frame, L. A. (2024). Dangers of the chronic stress response in the context of the microbiota-gut-immune-brain axis and mental health: a narrative review. *Frontiers in Immunology*, 15. <https://doi.org/10.3389/fimmu.2024.1365871>

Yamano, H., Koike, S., Kobayashi, Y., & Hata, H. (2008). Phylogenetic analysis of hindgut microbiota in Hokkaido native horses compared to light horses.

Animal Science Journal, 79(2), 234-242. <https://doi.org/10.1111/j.1740-0929.2008.00522.x>

Yunes, R. A., Poluektova, E. U., Dyachkova, M. S., Klimina, K. M., Kovtun, A. S., Averina, O. V., Orlova, V. S., & Danilenko, V. N. (2016). GABA production and structure of gadB / gadC genes in *Lactobacillus* and *Bifidobacterium* strains from human microbiota. *Anaerobe*, 42, 197-204. <https://doi.org/10.1016/j.anaerobe.2016.10.011>

Zhang, C., Zhang, M., Wang, S., Han, R., Cao, Y., Hua, W., Mao, Y., Zhang, X., Pang, X., Wei, C., Zhao, G., Chen, Y., & Zhao, L. (2009). Interactions between gut microbiota, host genetics and diet relevant to development of metabolic syndromes in mice. *The ISME Journal*, 4(2), 232-241. <https://doi.org/10.1038/ismej.2009.112>

Résumé

Le microbiote intestinal, une communauté complexe de micro-organismes dans le tractus digestif, joue un rôle crucial dans la santé et bien-être des animaux. Bien qu'il s'adapte rapidement aux changements environnementaux, les perturbations liées au stress peuvent entraîner des modifications de la composition du microbiote difficiles à inverser. L'axe intestin-cerveau est partie prenante dans cette dynamique. Nos recherches montrent que des chevaux logés individuellement dans des boxes, sans possibilité de pâturage ni socialisation en groupe, nourris avec des régimes hyperconcentrés, et soumis à un entraînement intensif et à la compétition, présentent un stress chronique significatif. Ce stress chronique est associé à une diversité et une composition microbienne intestinale altérées. De plus, le microbiote intestinal de ces animaux stressés démontre une résilience, signifiant que malgré des tentatives de modification, il revient à son état initial. Cette stabilité constitue un obstacle majeur à la récupération, empêchant une réorganisation vers un état microbien plus équilibré et favorable pour l'hôte. L'application des principes agroécologiques, en offrant aux chevaux la possibilité de pâturer librement et de socialiser sur de longues périodes, peut réduire le stress et favoriser un microbiote intestinal diversifié, contribuant ainsi à leur santé et à leur bien-être global.

Abstract

The dark side of resilience: unveiling hidden dynamics of the intestinal microbiota in horses – An agroecological solution

The gut microbiota, a complex community of microorganisms in the digestive tract, plays a pivotal role in animal health and welfare. While it adapts rapidly to environmental changes, stress-related disturbances can cause shifts that are difficult to reverse, increasing allostatic load and impacting overall fitness. The gut-brain axis plays a role in this dynamic. Our research shows that horses kept in individual stalls, without access to pasture or group socialization, fed with highly concentrated diets, and subjected to intense training and competition, experience significant chronic stress. This chronic stress is linked to alterations in microbial diversity and composition within the gut. Furthermore, the intestinal microbiota of these stressed animals exhibits resilience, meaning that despite modification attempts, it returns to its original state. This stability poses a major obstacle to recovery, preventing a reorganization towards a more balanced and beneficial microbial state for the host. Applying agroecological principles, by allowing horses to graze freely and socialize over extended periods, can help reduce the stress and promote a diverse intestinal microbiota, ultimately contributing to their health and overall well-being.

MACH, N. (2025). Le côté sombre de la résilience : révéler les dynamiques cachées du microbiote intestinal chez les chevaux – une solution agroécologique. *INRAE Productions Animales*, 38(3), 9291.

<https://doi.org/10.20870/productions-animales.2025.38.3.9291>



Cet article est publié sous la licence Creative Commons (CC BY 4.0).

<https://creativecommons.org/licenses/by/4.0/deed.fr>

La citation comme l'utilisation de tout ou partie du contenu de cet article doit obligatoirement mentionner les auteurs, l'année de publication, le titre, le nom de la revue, le volume, les pages et le DOI en respectant les informations figurant ci-dessus.