

UMR1213 Herbivores

Equipe Digestion Nutrition Aliments Métabolisme mICrobes (Dinamic)

Influence des communautés microbiennes du rumen sur les phénotypes métaboliques chez les agneaux

Ce travail décrit comment différents phénomènes de colonisation altèrent le microbiote du rumen et le phénotype de l'hôte à travers le temps. L'étude apporte de nouvelles connaissances sur les interactions des populations microbiennes du tube digestif entre eux et avec l'hôte, et elle souligne l'importance des microbes du rumen comme modificateurs du phénotype métabolique de l'hôte. Les concepts fondamentaux et certains résultats, comme le lien les *Methanomassiliicoccales* du rumen et le triméthylamine N-oxyde (un métabolite lié à l'athérosclérose chez les humains) urinaire, peuvent s'appliquer aussi bien à l'étude des ruminants qu'à d'autres espèces.

Le microbiote intestinal des animaux supérieurs offre une multitude de services écosystémiques à l'hôte. Un des processus fondamentaux pour le bon fonctionnement du microbiote gastro-intestinal est le recrutement et le développement de divers habitants microbiens. Les phénomènes de colonisation produits par différents environnements sont importants puisqu'ils se produisent dans un cadre temporel spécifique et peuvent avoir des effets de longue durée sur l'animal hôte.

Dû à des contraintes biologiques et des variables tels le génotype, la transmission maternelle et les changements de régime alimentaire, en particulier le sevrage, tester les phénomènes de colonisation sur certains mammifères est difficile. L'utilisation d'agneaux comme animal modèle se justifie par les caractéristiques précoces de l'espèce, ce qui permet de séparer rapidement les agneaux de leurs mères après la naissance et de contrôler le régime alimentaire et l'environnement immédiat. Cette étude vise à explorer simultanément le microbiote du rumen et le phénotype métabolique des agneaux afin d'identifier des associations hôte-microbe et des possible biomarqueurs de la fonction digestive.

La composition des communautés bactériennes et archées rumen a été simultanément contrôlée par des mesures de métabolome urinaire et des mesures sur la capacité de l'animal à maximiser les aliments comme la digestibilité, l'ingestion et le gain de poids. Ce travail apporte de nouvelles connaissances sur l'interaction des populations microbiennes du tube digestif entre eux et avec l'hôte, et montre l'importance des microbes comme modificateurs du phénotype métabolique hôte. Cette information est nécessaire afin de comprendre le rôle du microbiote dans la nutrition et la santé de l'hôte. Nous avons observé que la croissance des agneaux n'est affectée ni par une diversité réduite de bactéries et archées dans le rumen, ni par la présence ou non de protozoaires, ni par un stress modéré. Toutefois, la diversité microbienne du rumen a eu une influence majeure sur les paramètres de fermentation ruminale, la digestibilité et sur le métabolisme général de l'hôte, ce dernier ayant été contrôlé par le profil du métabolome urinaire. Ces résultats indiquent que sous des conditions sanitaires, environnementales et alimentaires constantes et contrôlées, une fonction ruminale peut être correctement pourvue par un microbiote à diversité réduite. Maintenir une communauté microbienne extrêmement diverse dans le rumen est un avantage évolutif pour les ruminants et peut être considéré comme une protection contre les changements alimentaires et d'éventuelles agressions par des xénobiotiques toxiques.

L'interaction découverte entre le triméthylamine N-oxyde et les méthanogènes de l'ordre des *Methanomassiliicoccales* met en évidence le potentiel de l'approche métabolomique pour la découverte et le suivi des biomarqueurs de fonctions microbiennes. Les méthodes et résultats de ce travail sont non seulement intéressants pour les travaux sur les ruminants, mais aussi pour un public scientifique plus large.

Valorisation

Morgavi D P, Rahahao-Paris E, Popova M, Bocard J, Nielsen KF, Boudra H., 2015. Rumen microbial communities influence metabolic phenotypes in lambs. *Front Microbiol* 6. 10.3389/fmicb.2015.01060

Contact : Morgavi Diego, diego.morgavi@inra.fr, UMR1213 Herbivores, F-63122 Saint-Genès-Champanelle, France.

