

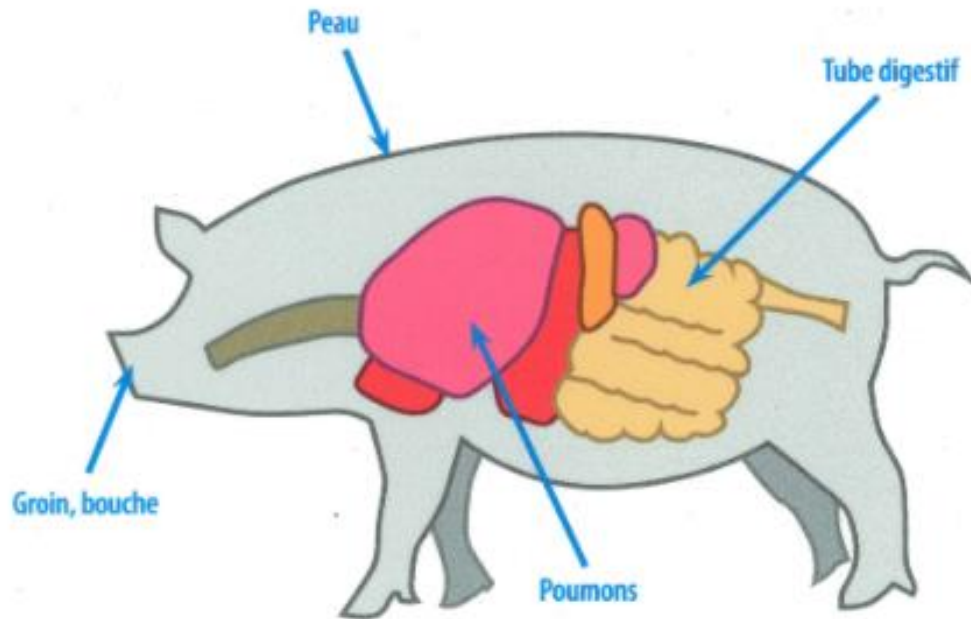
➤ Co-évolution au sein de l'holobionte chez le porc

Catherine LARZUL, INRAE GenPhySE

- GABI, équipe Génétique Microbiote Santé : C Rogel-Gaillard (coord.), J Estellé, M Borey, G Lemonnier, F Blanc
- GenPhySE, équipe ModGen : C Larzul
- MGP, équipe InfoBloStat : F Plaza-Onate
- Plateforme @BRIDGe : D Jardet, B Houel, J Lecardonnel
- Unité expérimentale GenESI, équipe Porcs : Y Billon, S Ferchaud, W Hébrard, C Niort

➤ L'holobionte porcin : l'hôte et ses microbiotes

Un microbiote est une communauté de plusieurs espèces de micro-organismes qui vivent ensemble et constituent un écosystème en symbiose avec son hôte.



Le microbiote du tube digestif est constitué majoritairement de bactéries, mais aussi de virus, protozoaires, archées, champignons, levures et helminthes.

Il peut peser plusieurs kilos !

Mais il n'y a pas que le microbiote du tube digestif !

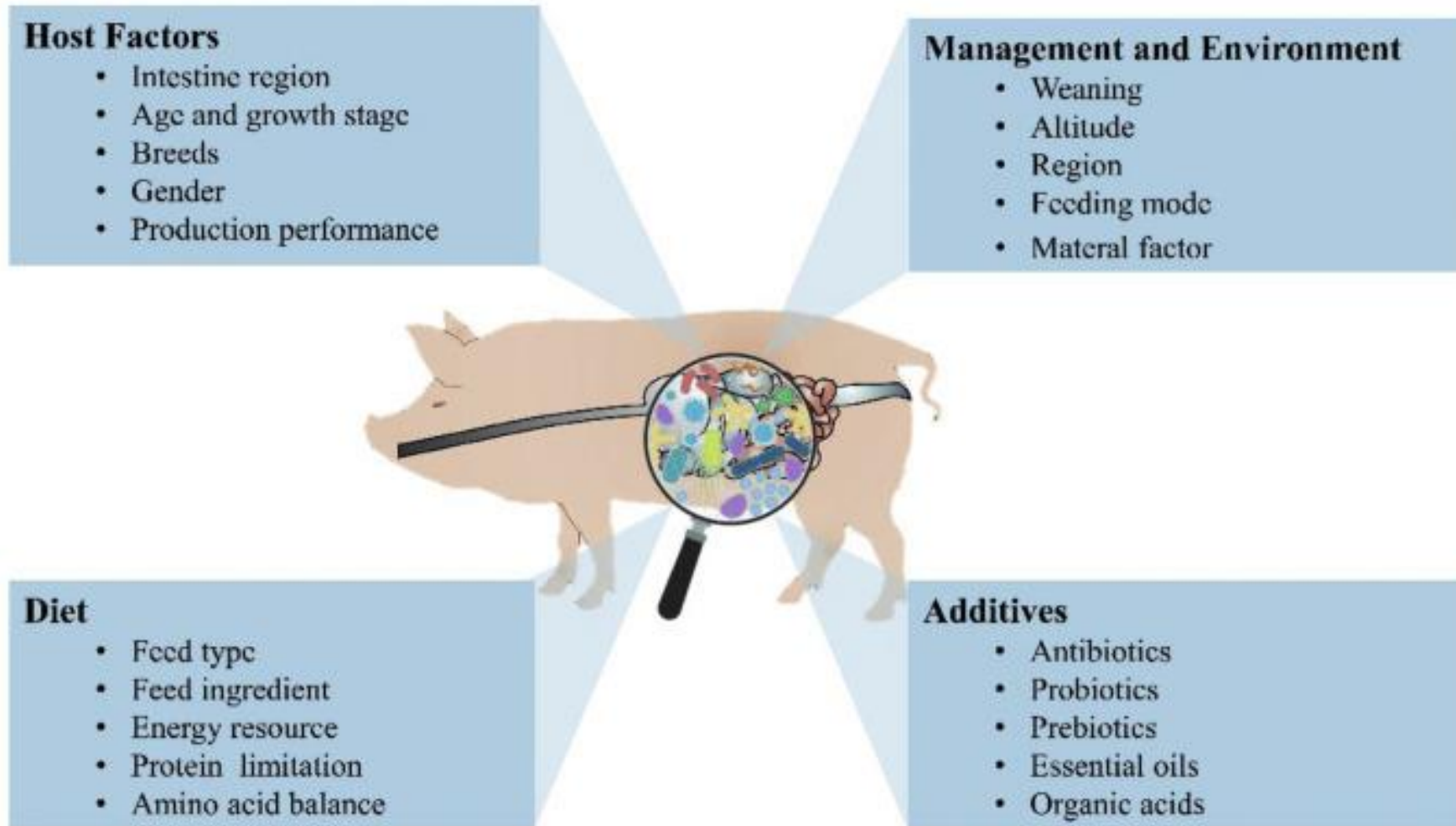
Il existe plusieurs microbiotes qui diffèrent par leur localisation et leur composition en espèces de micro-organismes.

10^{10} à 10^{12} de cellules par mL

Digestion (fermentation des polysaccharides)
utilisation des nutriments, élimination des toxines,
protection contre les agents pathogènes
régulation des systèmes endocrinien et immunitaire

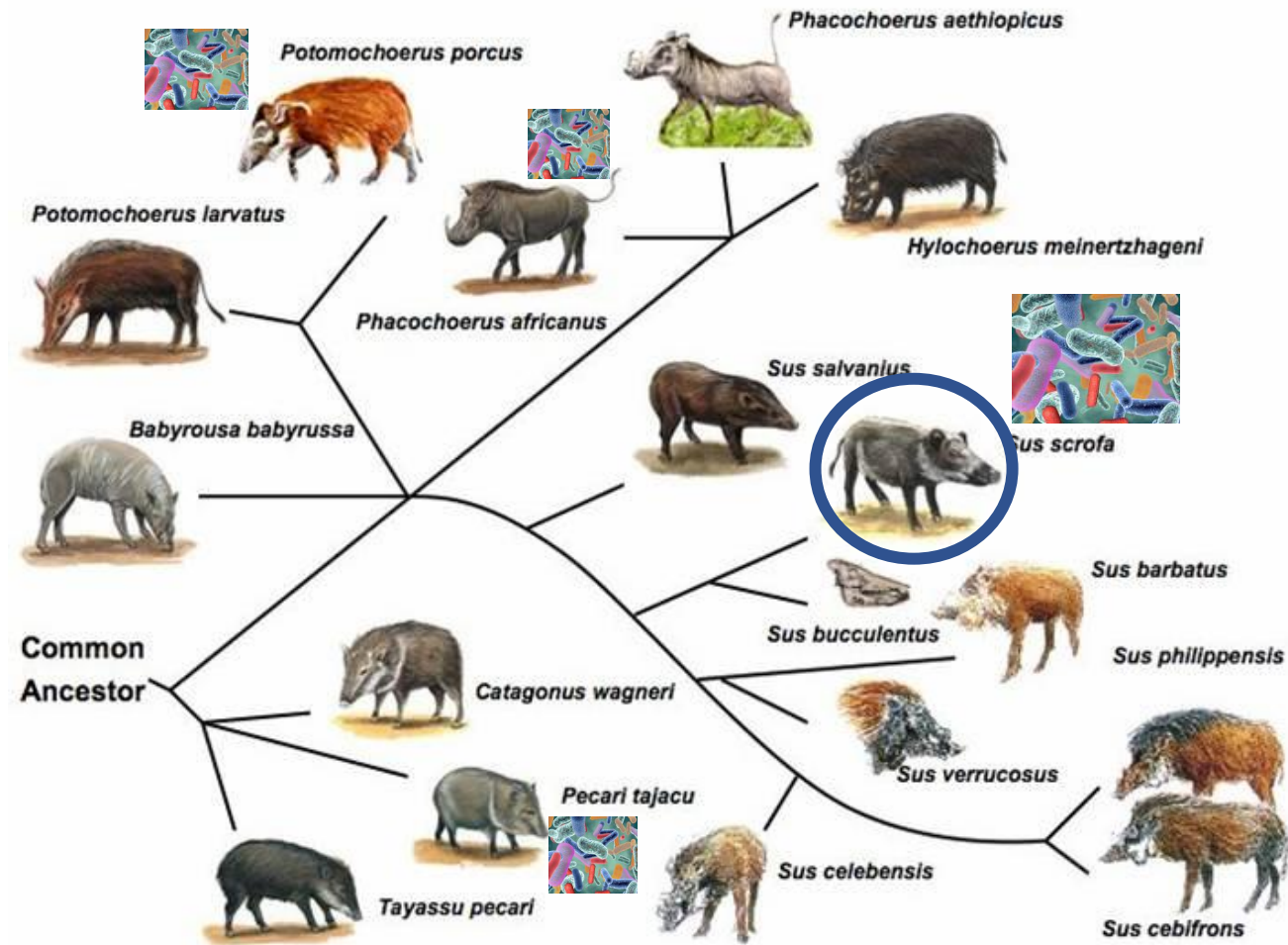
INRAE, GABI

➤ Des interactions multiples entre hôtes/environnement/microbiotes

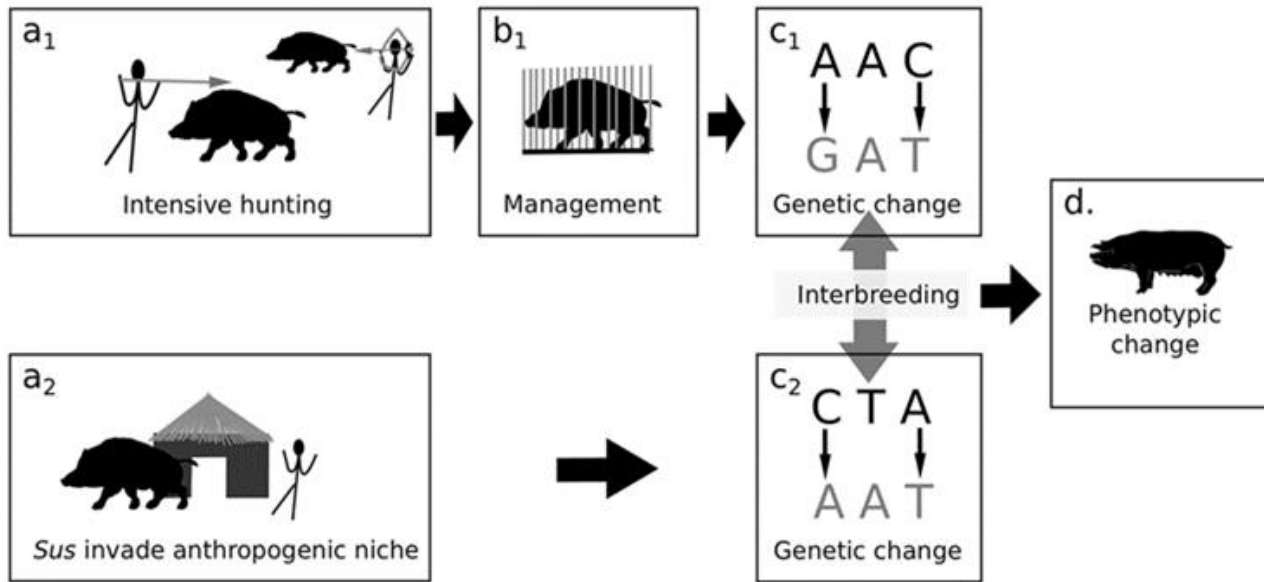


Wang et al., 2020

➤ Evolution : le porc, un suidé parmi d'autres



➤ La domestication et la sélection, facteurs importants d'évolution

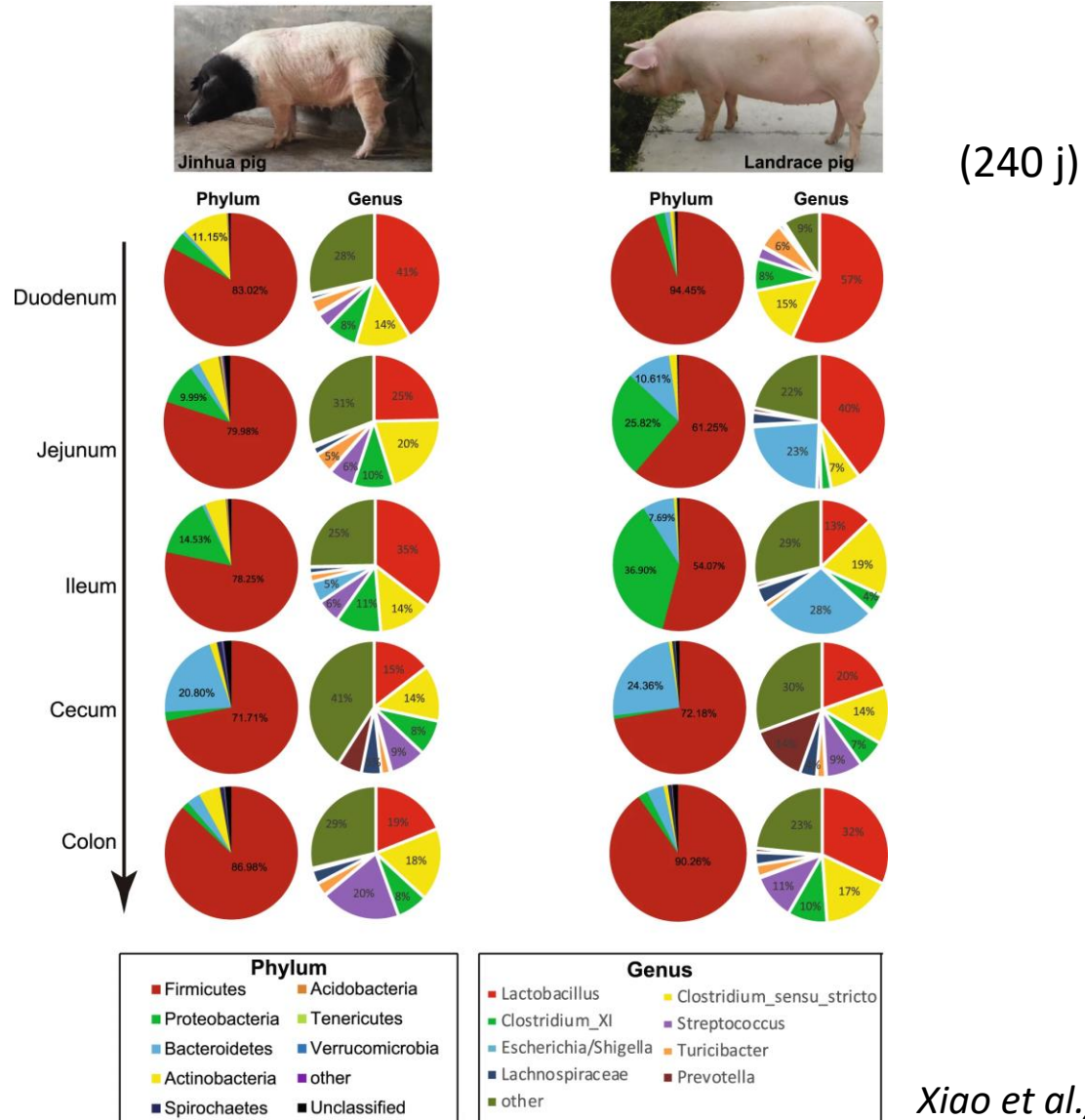


Ceramic (final two centuries BCE), in a tomb in Jiyuan ©Henan Museum

Price et Hongo, 2020

Bifidobacterium spp. ————— Enterobacteriaceae —————> *Lactobacillus*

➤ Comparaison de races porcines



➤ Effet d'un gène sur la composition du microbiote

Article

***ABO* genotype alters the gut microbiota by regulating GalNAc levels in pigs**

<https://doi.org/10.1038/s41586-022-04769-z>

Received: 29 July 2020

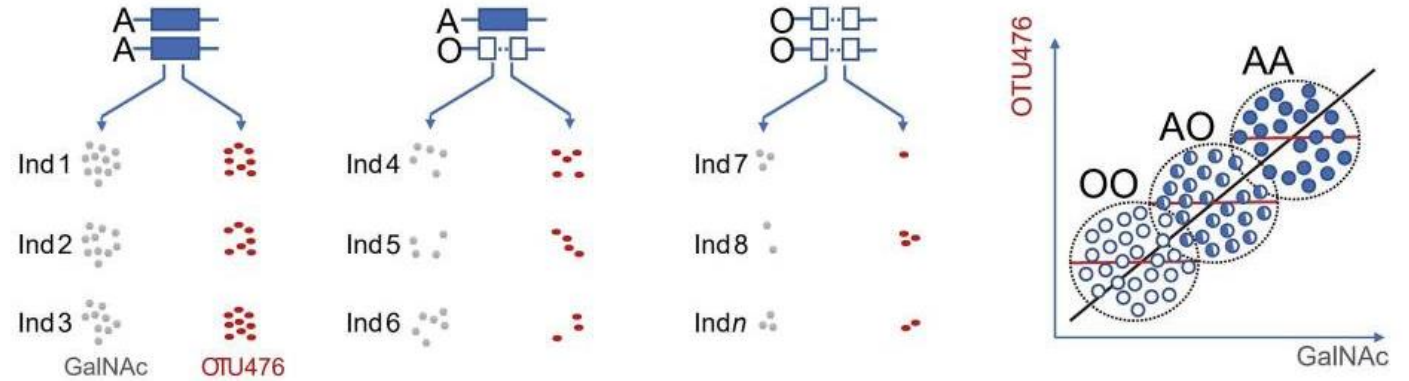
Accepted: 19 April 2022

Published online: 27 April 2022

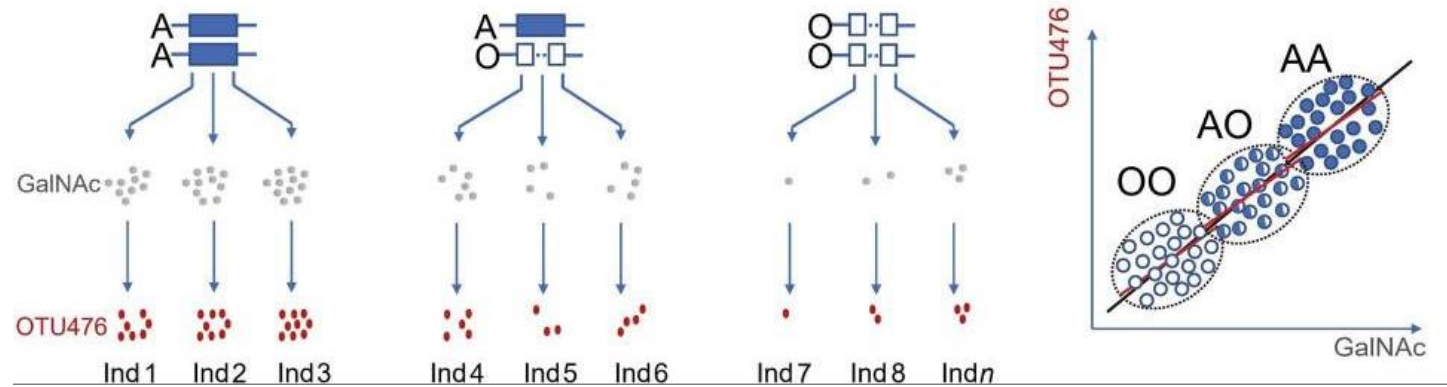
Check for updates

Hui Yang^{1,2}, Jinyuan Wu^{1,2}, Xiaochang Huang¹, Yunyan Zhou¹, Yifeng Zhang¹, Min Liu¹, Qin Liu¹, Shanlin Ke¹, Maozhang He¹, Hao Fu¹, Shaoming Fang¹, Xinwei Xiong¹, Hui Jiang¹, Zhe Chen¹, Zhongzi Wu¹, Huanfa Gong¹, Xinkai Tong¹, Yizhong Huang¹, Junwu Ma¹, Jun Gao¹, Carole Charlier^{1,2}, Wouter Coppieters², Lev Shagam², Zhiyan Zhang¹, Huashui Ai¹, Bin Yang¹, Michel Georges^{1,2,3}, Congying Chen^{1,4,5} & Lusheng Huang^{1,4,5}

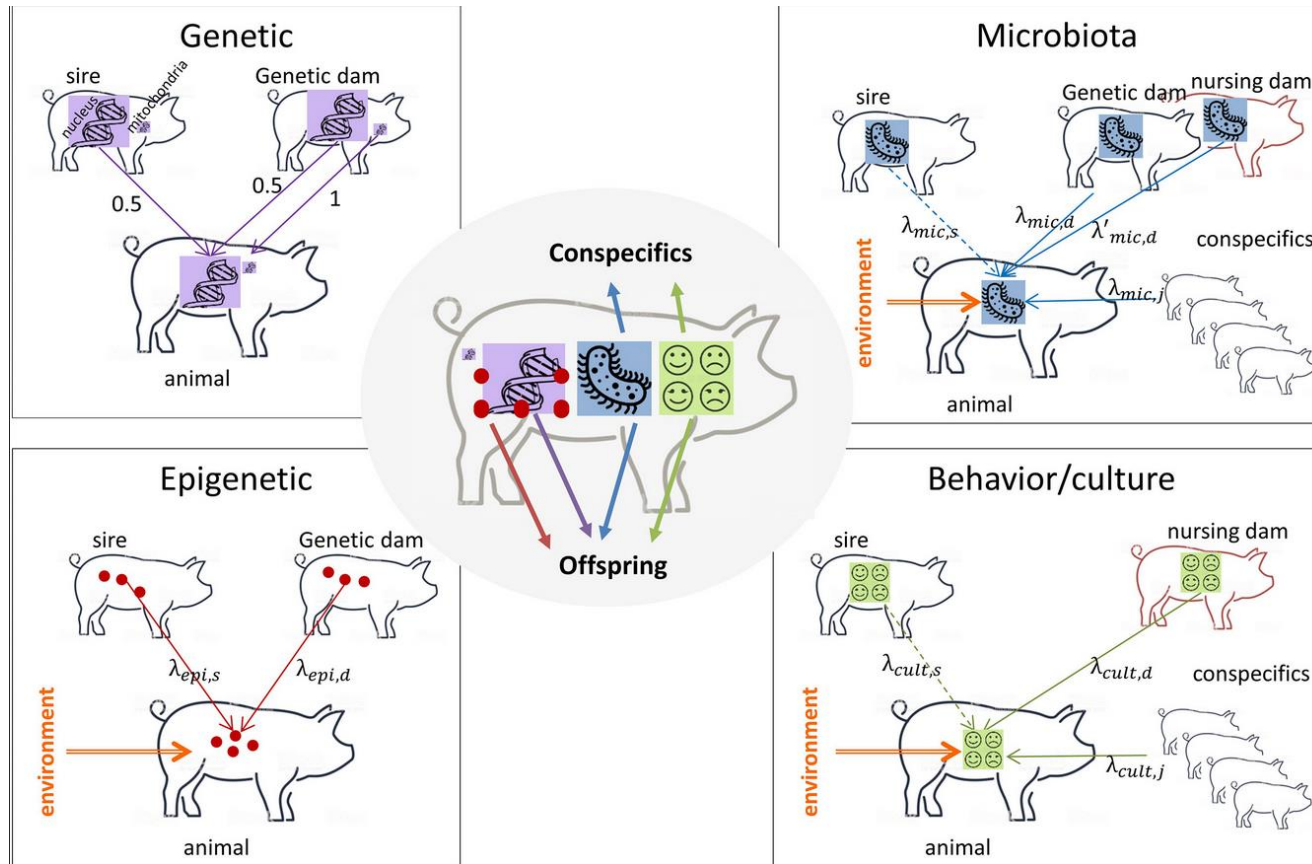
b1



b2



➤ Phénotype de l'holobionte : modalités de transmission



David et al., 2019

➤ Expérience de Sélection : un peu de contexte

Mach et al., 2015
Ramayo-Caldas et al., ISME J 2016

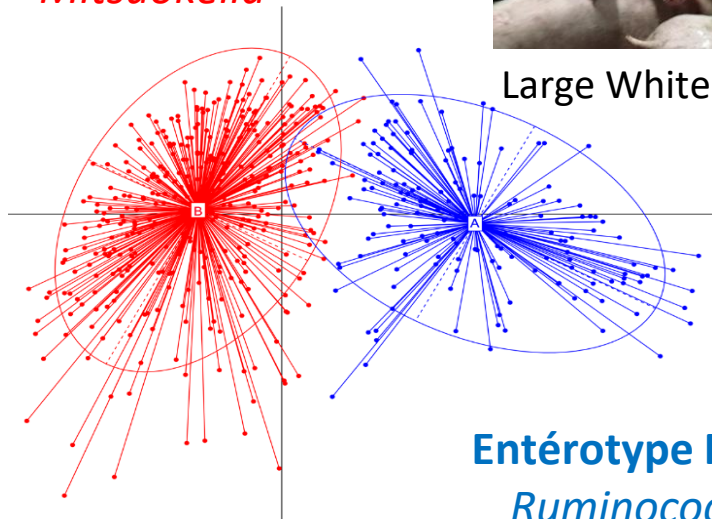
1

2 entérotypes chez porcelets J60

Entérotyp PM
Prevotella
Mitsuokella



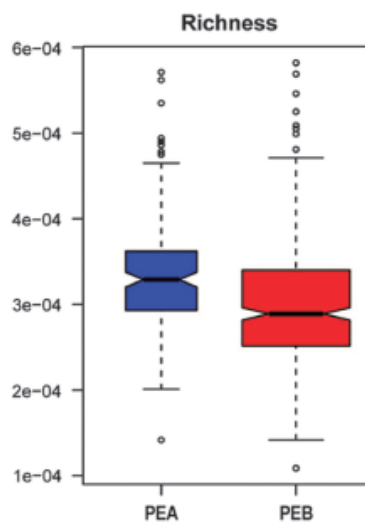
Large White pigs



Entérotyp RT
Ruminococcus
Treponema

2

RT plus diversifié que PM

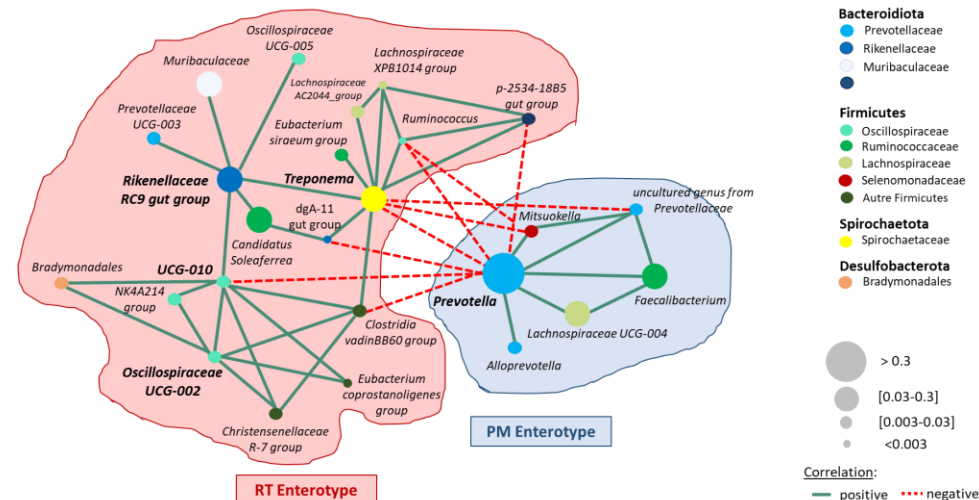


4

Quelques h² modérées pour certains genres bactériens

3

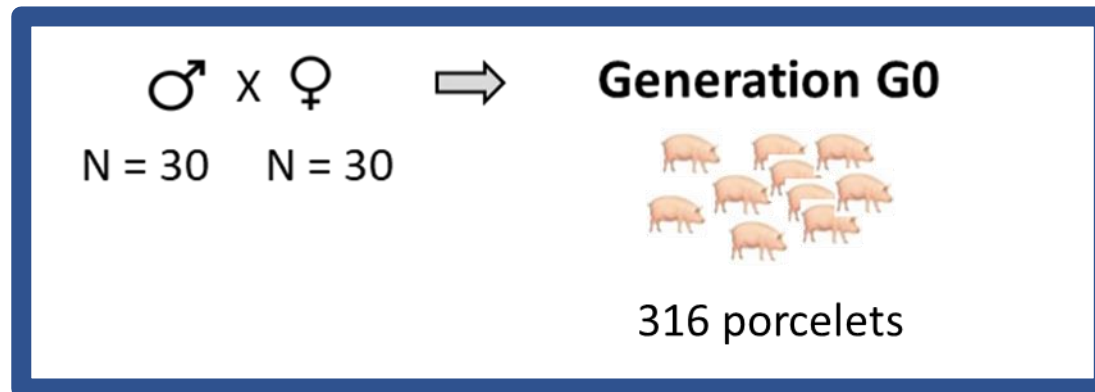
Entérotypes comme écosystème fonctionnel



5

Meilleure croissance post-sevrage pour l'entérotyp PM

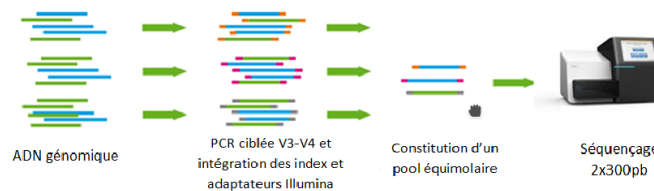
➤ Constitution d'une population de base



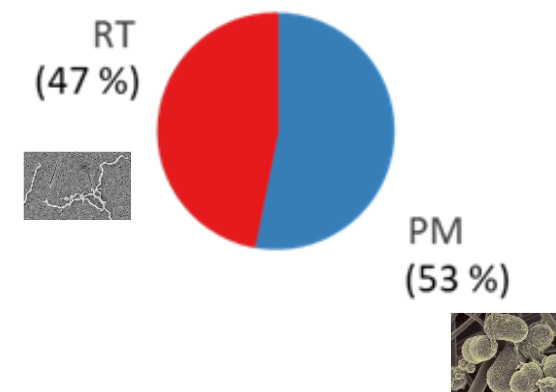
Fèces à 60 jours

Extraction d'ADN bactérien

Séquençage 16S



Classification par entérotype



Calcul des abondances relatives

Identification des genres bactériens

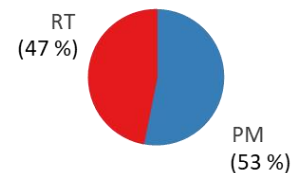


➤ L'expérience de sélection pour répondre à (presque) tout

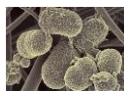
Prevotella = **Prevotella_9** + Prevotella_7 + Prevotella
 Ruminococcus = **Ruminococcus** + Ruminococcus_gnavus_group +
 Ruminococcus_torques_group + Ruminococcus_gauvreauii_group

♂ x ♀
 N = 30 N = 30

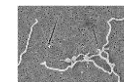
➔ **Generation G0**



Lignée HPM :
 Prevotella ++
 Mitsuokella +

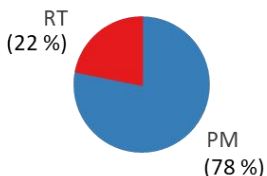


Lignée HRT :
 Treponema ++
 Ruminococcus +



♂ x ♀
 N = 6 N = 30

♂ x ♀
 N = 6 N = 30



HPM-G1

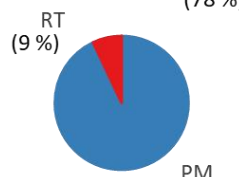


N = 133



N = 139

HRT-G1



HPM-G2

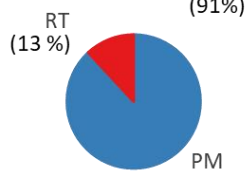
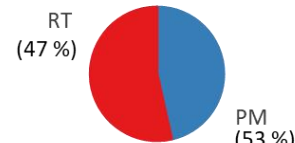


N = 114



N = 114

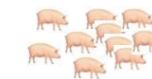
HRT-G2



HPM-G3

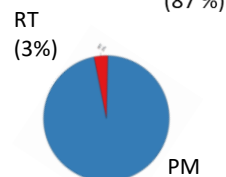


N = 126



N = 125

HRT-G3



HPM-G4

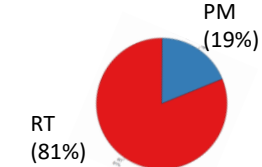


N = 115



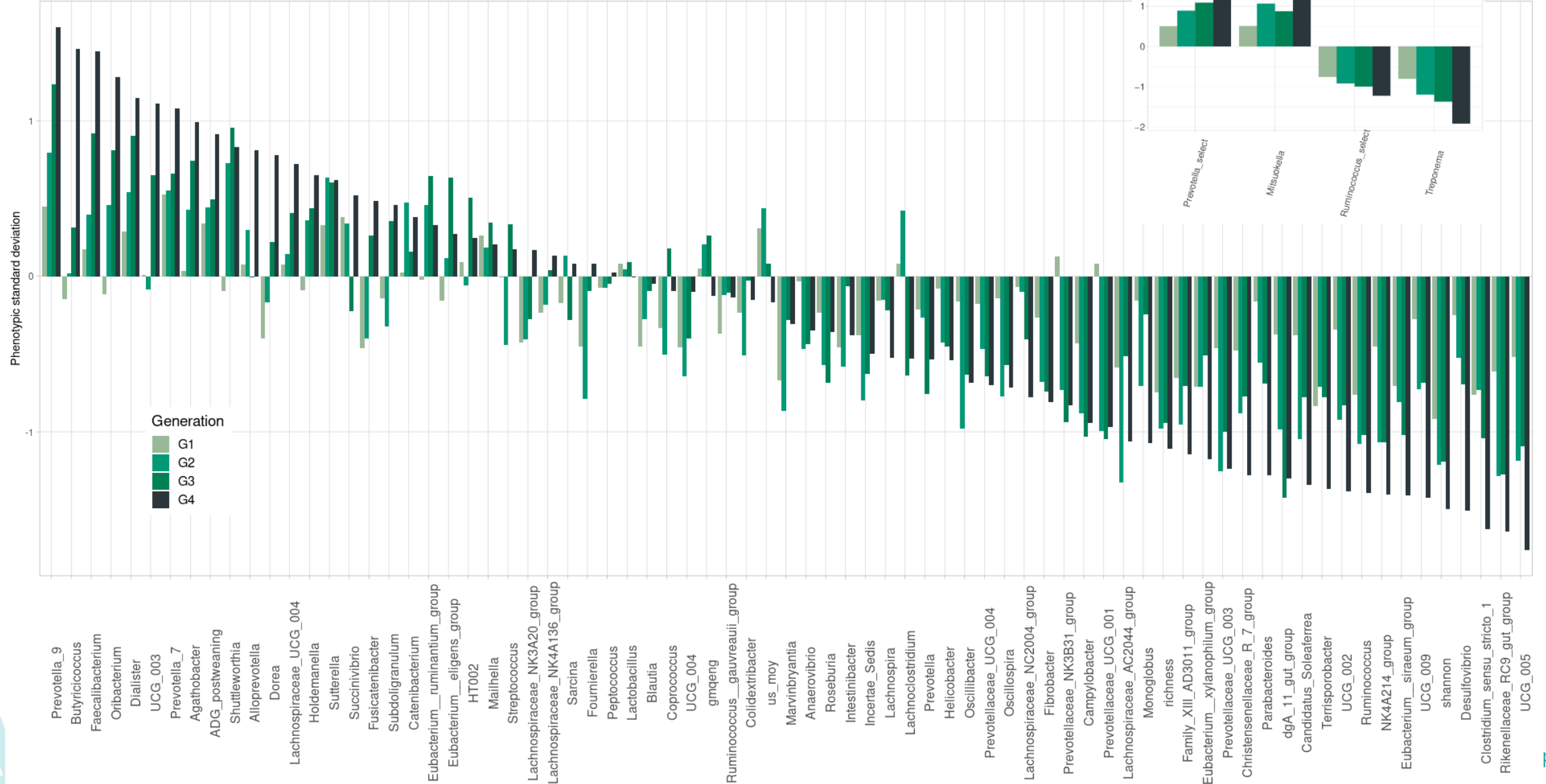
N = 118

HRT-G4

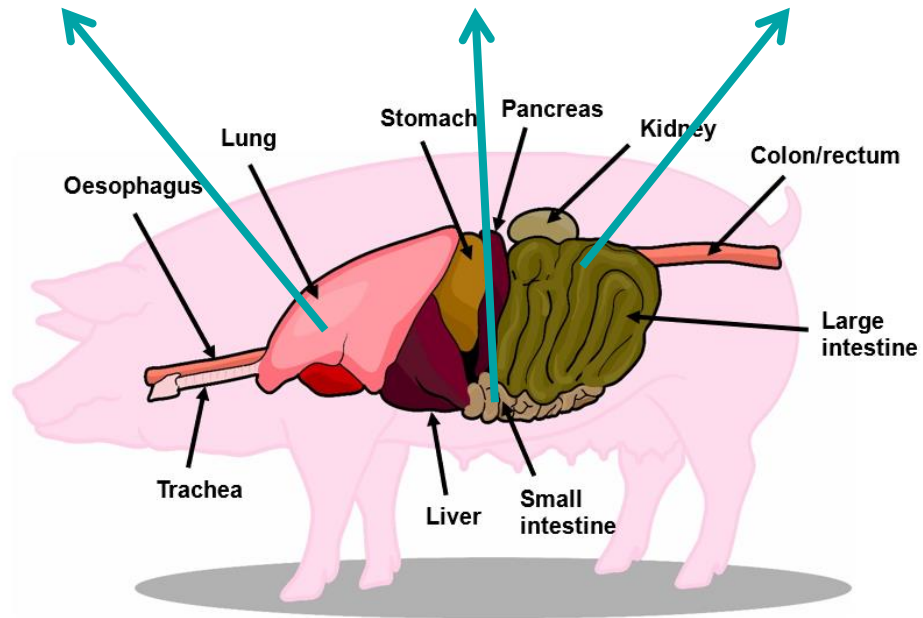
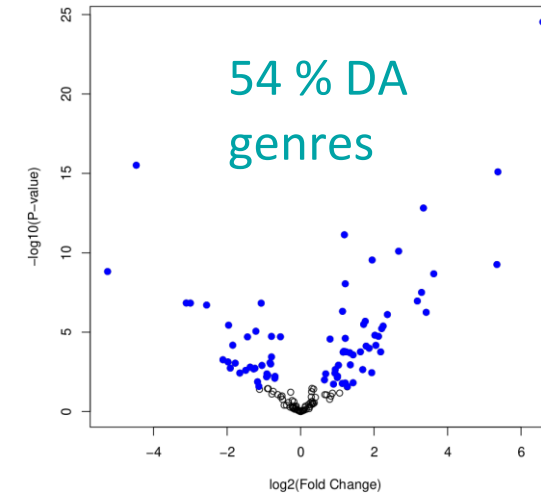
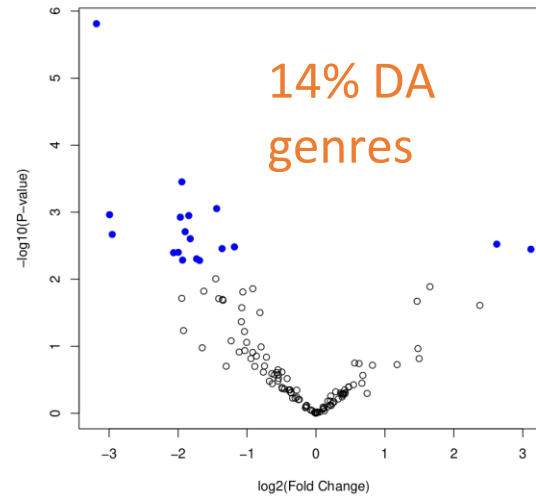
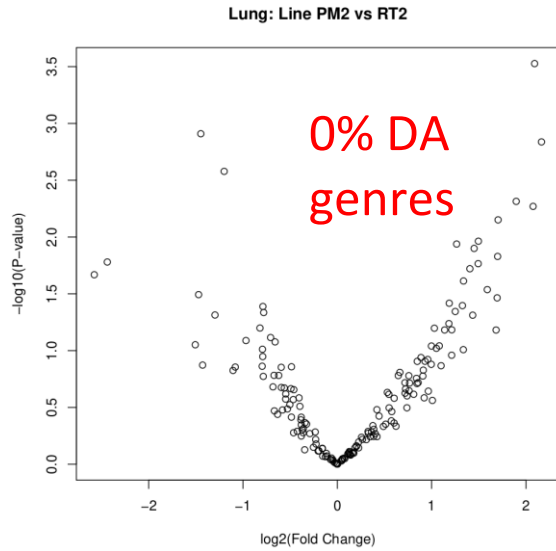


➤ Evolutions différentielles du microbiote dans les deux lignées

HPM - HRT differences per generation of selection

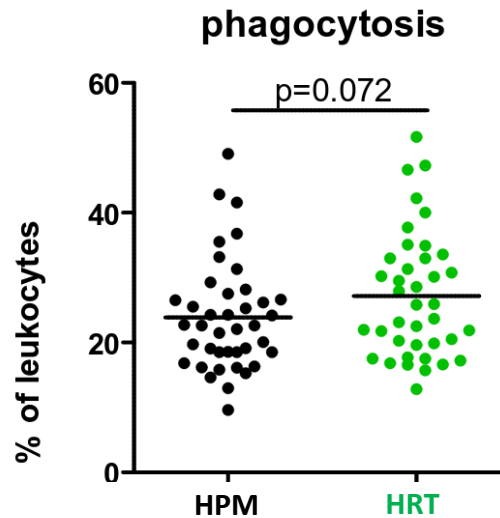
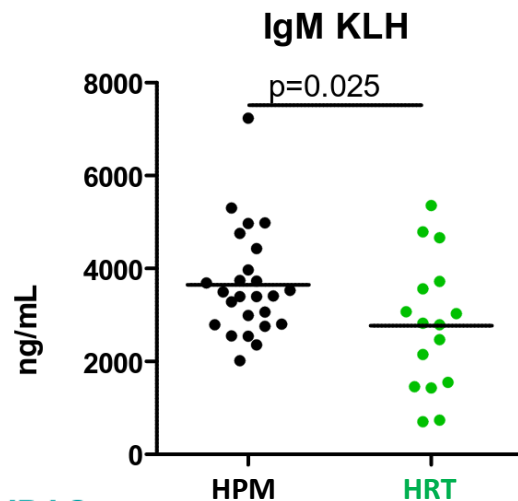
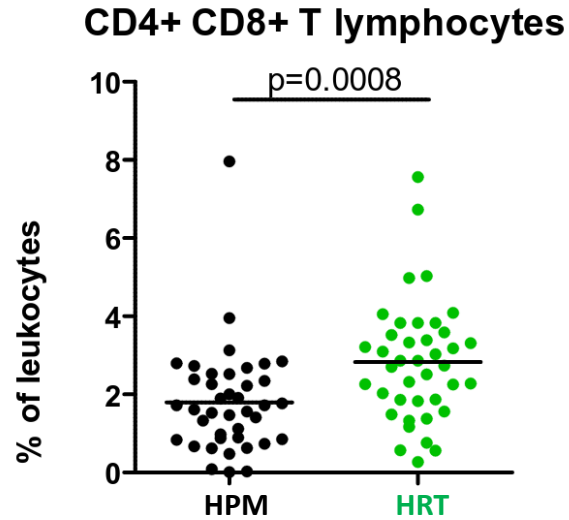
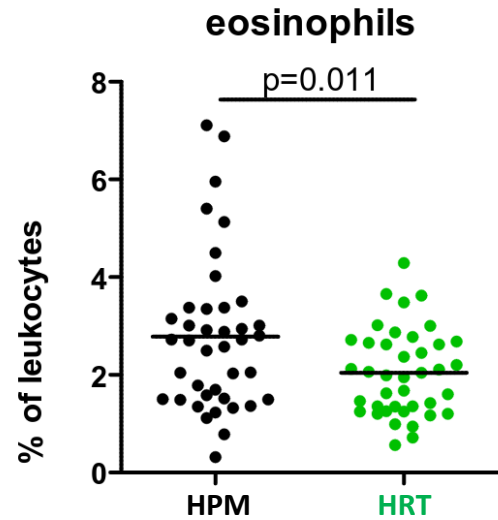


➤ Evolution du microbiote intestinal et respiratoire



- Différences importantes au niveau du colon
- Un peu plus faible au niveau de l'intestin grêle
- Pas de différences au niveau des bronches

➤ Evolution des Caractères immunologiques



- Sous populations des cellules sanguines par cytométrie de flux
- Coloration du plasma
- Total IgG, IgA et IgM
- Anticorps naturels
- Phagocytose

