

Microbiote intestinal du porc : un premier catalogue des gènes est aujourd'hui disponible

Le porc est une espèce majeure pour la production alimentaire mondiale ; il est aussi largement utilisé comme animal modèle en biomédecine. L'Inra et ses partenaires internationaux (1) publient le catalogue des gènes du microbiote intestinal porcin. Après celui du microbiote intestinal de l'Homme en 2010 et celui de la souris en 2015, c'est une première concernant une espèce animale d'élevage. Ces travaux, menés à l'initiative de l'Inra (2), ouvrent des perspectives importantes dans la compréhension des interactions entre hôte, microbiote intestinal et environnement. Ils apportent des ressources majeures pour la recherche biomédicale et l'élevage. Ils sont publiés le 19 septembre 2016 dans Nature microbiology.

MIS À JOUR LE 22/09/2016 PUBLIÉ LE 21/09/2016

MOTS-CLÉS : METAGENOME - PORC - MICROBIOTE INTESTINAL - CATALOGUE DES GÈNES

Le catalogue des gènes du microbiote intestinal du porc a été établi à partir du séquençage de l'ADN fécal de 287 porcs provenant de France, du Danemark et de Chine. Ces animaux de 17 races ou lignées sont issus de 11 élevages différents dans ces trois pays. Les données collectées ont permis aux chercheurs d'identifier 7,7 millions de gènes. Un petit sous-ensemble de gènes a été retrouvé chez tous les porcs, confirmant l'existence de gènes bactériens communs mais aussi une importante variabilité individuelle.

Les fonctions des gènes identifiés les plus représentées dans le microbiote intestinal concernent principalement les mécanismes liés à l'information génétique (réplication et réparation de l'ADN), au métabolisme (acides aminés, glucides) et à la circulation de l'information (transport membranaire).

96% des fonctions biologiques du microbiote intestinal humain présentes dans le microbiote intestinal du porc

96% des fonctions biologiques identifiées dans le microbiote intestinal de l'Homme sont présentes dans celui du porc, confirmant le potentiel offert par l'utilisation des porcs pour la recherche biomédicale. Inversement, seulement 78% des fonctions identifiées dans le catalogue des gènes du porc sont retrouvées chez l'homme, suggérant des fonctions additionnelles dans le système digestif du porc.

Les chercheurs montrent que le sexe, l'âge et la génétique de l'hôte influencent vraisemblablement la composition du microbiote intestinal du porc.

Une confirmation de l'importance de supprimer l'usage des antibiotiques dans l'alimentation pour réduire le risque de dissémination des antibiorésistances

Ils ont mis en évidence la présence de gènes de résistance aux antibiotiques chez tous les porcs, indépendamment du pays d'origine ou de la supplémentation en antibiotiques. Cependant, ils montrent que la charge en gènes de résistance aux antibiotiques est beaucoup plus élevée chez les porcs chinois, auxquels sont administrés des antibiotiques en continu. Les résultats confirment ainsi l'efficacité d'éliminer l'usage des antibiotiques de l'alimentation animale pour réduire le risque, lié

aux pratiques d'élevage, de dissémination dans l'environnement de gènes de résistance aux antibiotiques.

Le catalogue des gènes du microbiote intestinal du porc est une ressource de référence majeure, dans la continuité des informations apportées par le séquençage du génome du porc (3). Il permet dorénavant d'aborder finement les fonctionnalités de l'écosystème microbien digestif du porc, en lien avec les variations physiologiques de l'hôte (efficacité alimentaire, défenses immunitaires, etc.). Ces résultats ouvrent la voie pour de nouvelles recherches en biologie prédictive et intégrative chez le porc, à fort potentiel pour le développement de stratégies innovantes et l'identification de leviers d'intervention pour l'élevage et les systèmes alimentaires durables de demain.

(1) Les partenaires internationaux : l'Université de Copenhague (Danemark) ; le Beijing Genomics Institute – Shenzhen (Chine) ; le National Institute of Nutrition and Seafood Research (Norvège).

(2) Ces travaux ont été initiés par l'Inra dans le cadre de son programme de recherche transdisciplinaire et transversal, le métaprogramme « Méta-omiques et écosystèmes microbiens » (Mem).

(3) <http://presse.inra.fr/Ressources/Communiqués-de-presse/genome-porcin>

Contact(s)

Contact(s) scientifique(s) :	Claire ROGEL-GAILLARD, Directrice de l'unité mixte de recherche GABI, Directrice de Sciences Animales Paris-Saclay (01 34 65 22 01) Unité mixte de recherche GABI « Génétique Animale et Biologie Intégrative » Inra-AgroParisTech
Contact(s) presse :	Inra service de presse (01 42 75 91 86)
Département(s) associé(s) :	Génétique animale
Centre(s) associé(s) :	Jouy-en-Josas

RÉFÉRENCE

A reference gene catalogue of the pig gut microbiome

Liang Xiao¹, Jordi Estellé, Pia Kiilerich, Yulixis Ramayo-Caldas, Zhongkui Xia, Qiang Feng, Suisha Liang, Anni Øyan Pedersen, Niels Jørgen Kjeldsen, Chuan Liu, Emmanuelle

Maguin, Joël Doré, Nicolas Pons, Emmanuelle Le Chatelier, Edi Prifti, Junhua Li, Huijue Jia, Xin Liu¹, Xun Xu¹, Stanislav D. Ehrlich, Lise Madsen, Karsten Kristiansen, Claire Rogel-Gaillard and Jun Wang

Nature Microbiology 1, Article number: 16161 (2016)

doi:10.1038/nmicrobiol.2016.161