



HAL
open science

Suivi de l’empreinte métabolique urinaire durant les différentes colonisations microbiennes du rumen chez l’agneau

Hamid Boudra, Milka Popova, Estelle Rathahao-Paris, Diego Morgavi

► To cite this version:

Hamid Boudra, Milka Popova, Estelle Rathahao-Paris, Diego Morgavi. Suivi de l’empreinte métabolique urinaire durant les différentes colonisations microbiennes du rumen chez l’agneau. 8èmes Journées Scientifiques, May 2014, Lyon, France. 1 p., 2014, 8èmes Journées Scientifiques. hal-01173819

HAL Id: hal-01173819

<https://hal.science/hal-01173819>

Submitted on 3 Jun 2020

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.

Suivi de l’empreinte métabolique urinaire durant les différentes colonisations microbiennes du rumen chez l’agneau

H. Boudra^a, M. Popova^a, Estelle Rathahao-Paris^{b,c,d}, J.F Martin^e & D. P. Morgavi^a

^a INRA, UMRH1213 Herbivores, F-63122 Saint-Genès-Champanelle, France

^b INRA, UMR1145 Ingénierie Procédés Aliments, F-75231 Paris, France

^c AgroParisTech, UMR1145 Ingénierie Procédés Aliments, F-75231 Paris, France

^e INRA, UMR1331, Toxalim, F- 31027 Toulouse, France

Résumé:

Le microbiote ruminal acquis à la naissance peut avoir un effet sur la relation hôte-microbes et sa fonction. Dans ce travail, nous avons exploré l’établissement de la flore microbienne en présence et absence de protozoaires et son influence sur l’empreinte métabolique urinaire. Quatre paires de jumeaux d’agneaux males ont été utilisées dans cette étude : Ils ont été maintenus dans le même environnement depuis leur naissance jusqu’à l’âge de 14 semaines (Période 1, P1). A l’âge de 15 semaines, ils ont été divisés en 2 lots avec un frère dans chaque lot, puis inoculés par voie orale avec du jus de rumen avec et sans protozoaires (P2). En semaine 21 (P3), tous les animaux ont reçu par voie orale pendant 4 semaines une dose quotidienne d’ochratoxine A de 30 µg/kg pv. Enfin, tous les agneaux ont été remis ensemble à partir de la semaine 27 (P4). Une analyse du microbiote ruminal par séquençage haut débit et une empreinte urinaire par LC/ESI-qTof ont été effectuées aux temps 14, 20, 26 et 31 semaines d’âge. La présence ou l’absence de protozoaires est primordiale dans l’établissement de la population microbienne notamment sa diversité. L’analyse multivariée des données obtenues par spectrométrie de masse a montré que les profils métaboliques urinaires ont été fortement influencés par l’inoculation en période 2. L’analyse en PLS-DA montre une séparation claire entre les 2 lots d’animaux (avec et sans protozoaires). La majorité des composés discriminants est impliquée dans les voies métaboliques des acides aminés et des protéines, et plusieurs d’entre eux sont communs aux 3 périodes. Cette discrimination entre les 2 lots d’animaux est restée « stable » après la colonisation par contact (P3) des animaux sans protozoaires, mais aussi après un stress extérieur en semaine 21. En revanche, la colonisation par contact en période 3 a effacé la différence des communautés microbiennes entre les 2 lots d’animaux, suggérant que la signature métabolique peut subsister au-delà des conditions physiologiques ou externes rencontrées durant la vie.

Mots clés : Microbiote ruminal, métabolomique, LC/ESI-qTof, Séquençage haut débit.