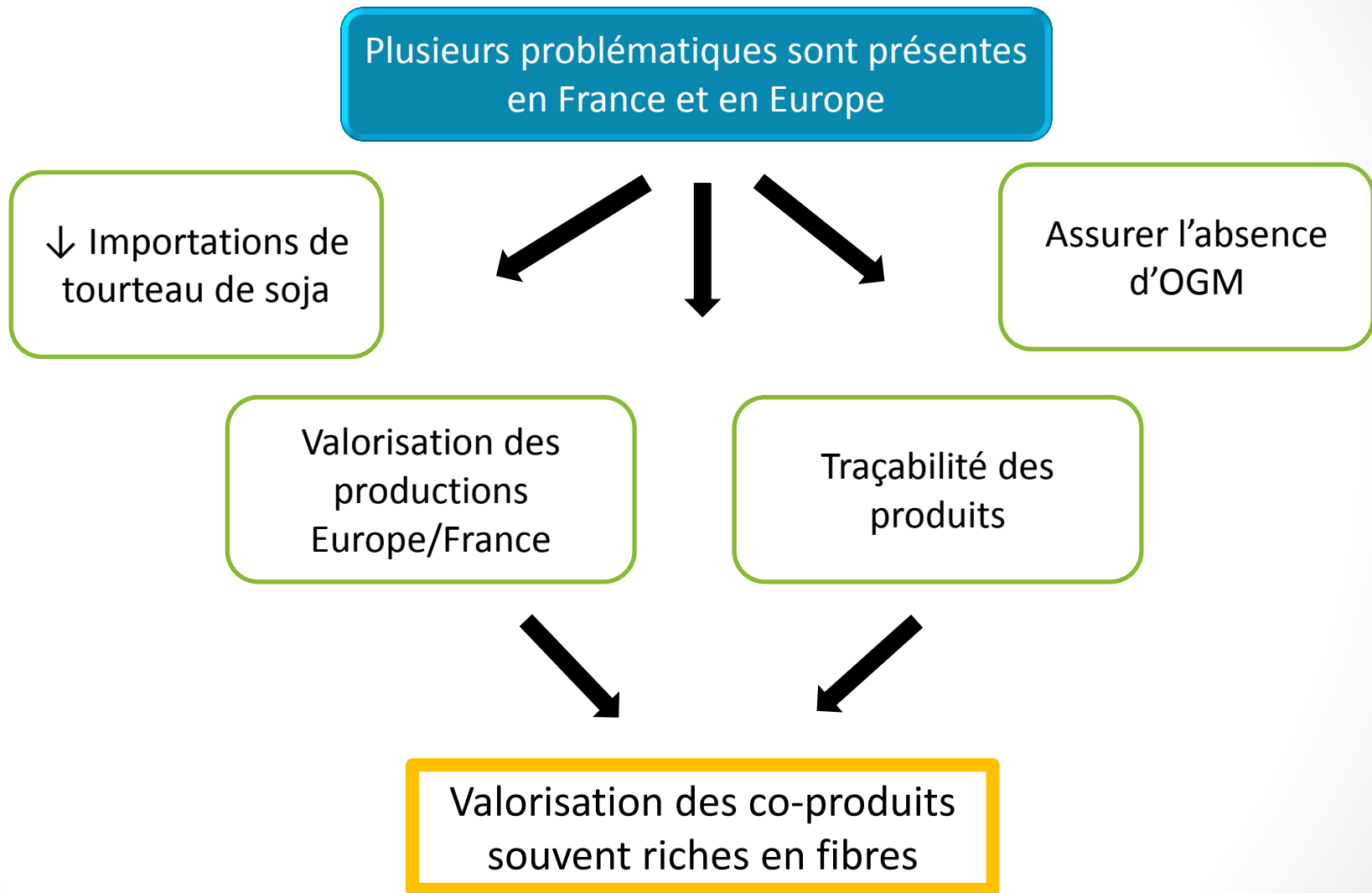


Fibres et microbiote: état des lieux des connaissances

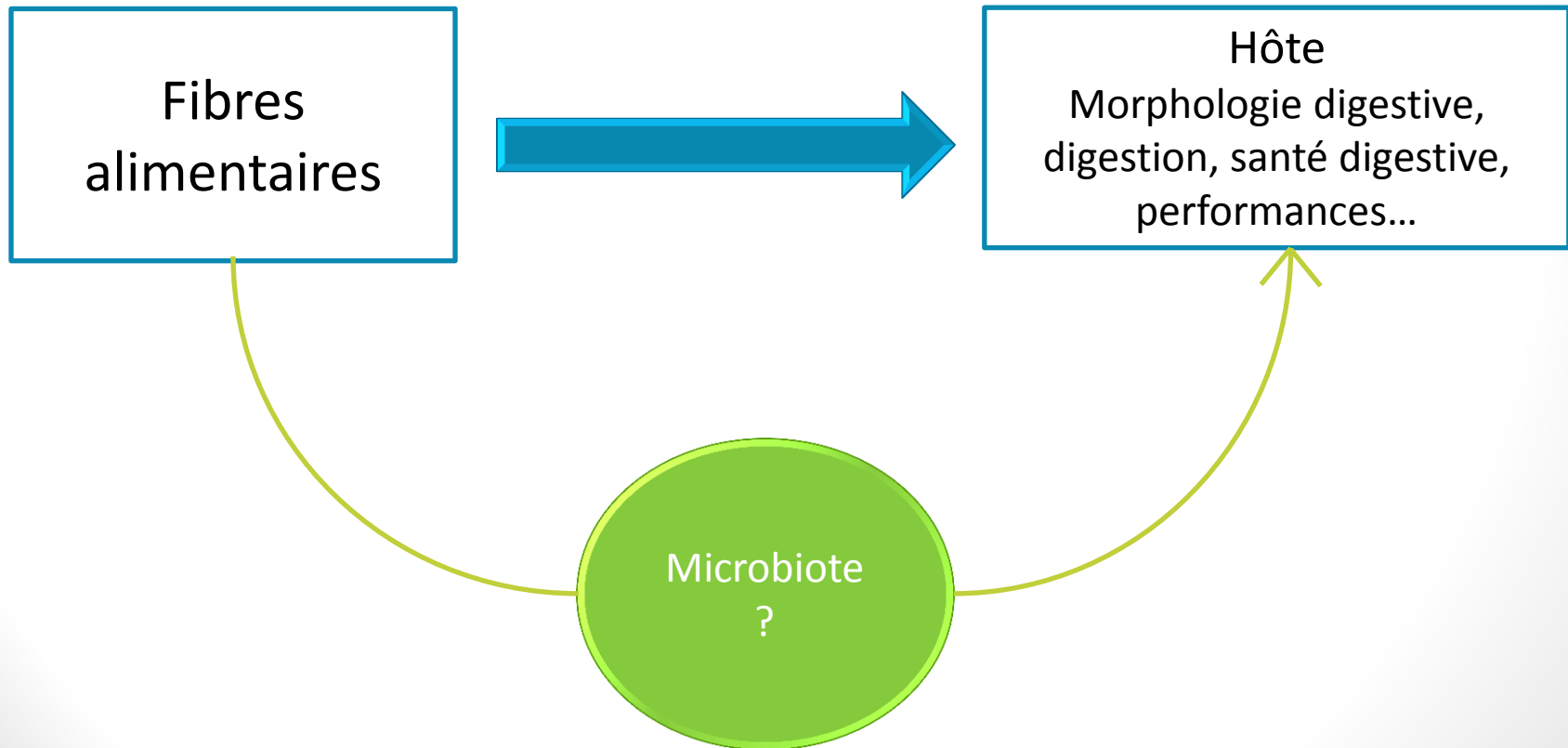
Contexte



Constat

Historiquement: contrôle de la santé digestive et de l'animal par l'utilisation d'antibiotique

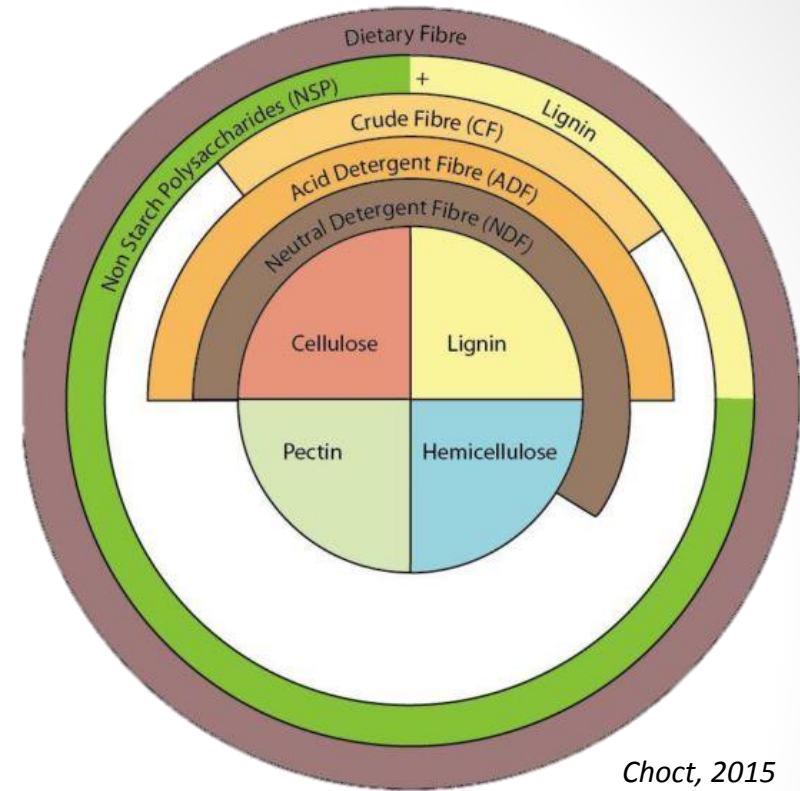
Aujourd'hui, diminution de l'utilisation et interdiction de l'usage préventif



Les fibres alimentaires

Composition

**Fibres alimentaires =
Polysaccharides non amylacés
+ lignine**



Propriétés fonctionnelles

Capacité
rétention eau

solubilité

encombrement

gonflement

viscosité

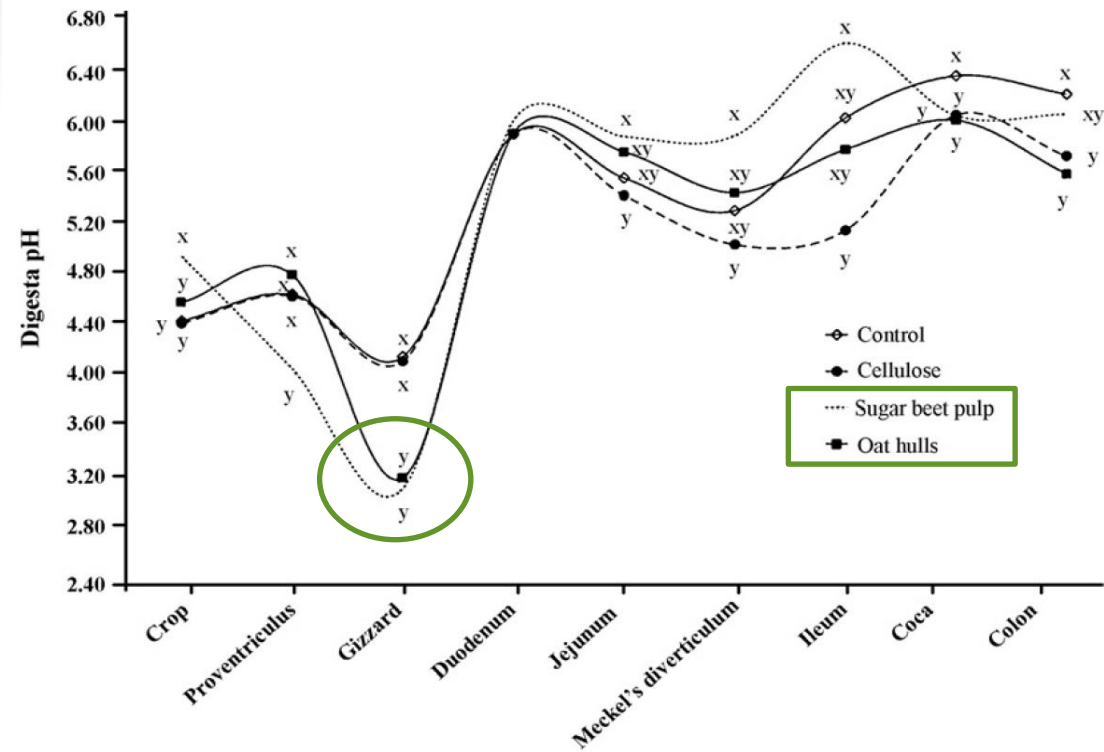
fermentescibilité

Capacité
liaison ions



- Développement tractus digestif
- Conditions physicochimiques chyme
- Transit, reflux
- Sécrétions
- Microbiote

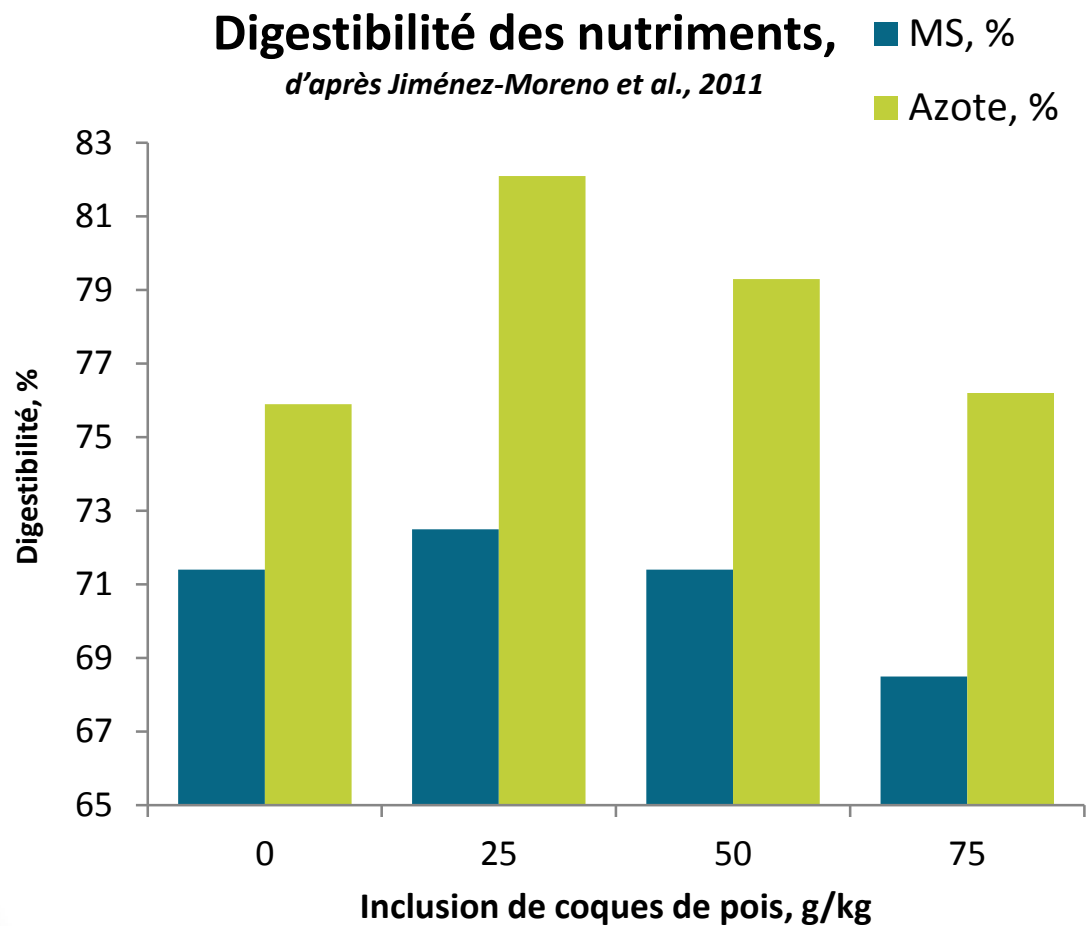
Conséquences digestives



Pulpe de betterave et coques d'avoine: ↓ pH gésier, ↑ HCl et sécrétions enzymes digestives

d'après Jimenez-Moreno et al., 2009

Conséquences digestives



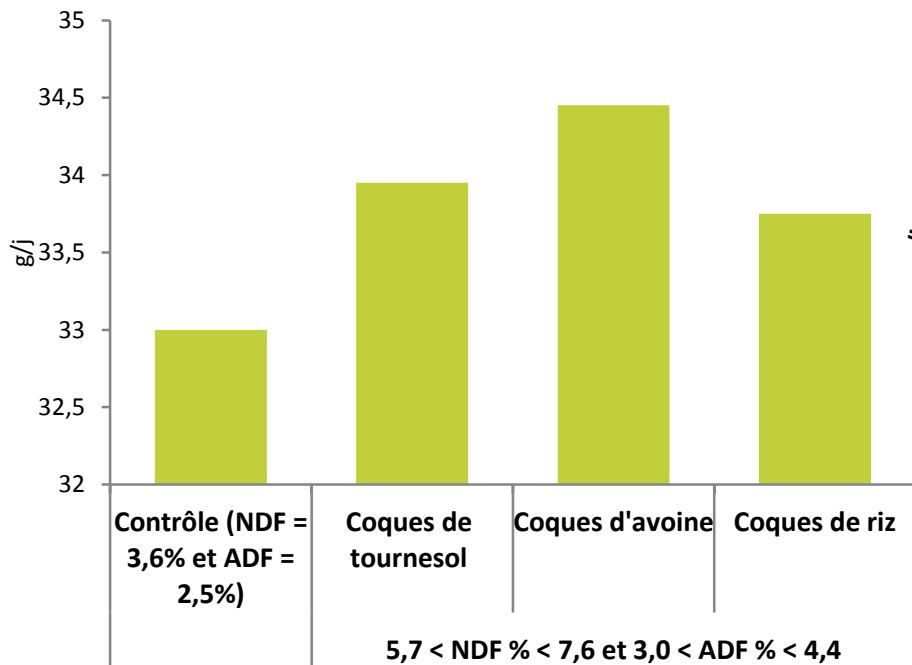
Effets bénéfiques
jusqu'à un certain
stade

Performances

Evolution du GMQ de poulet J1-J21

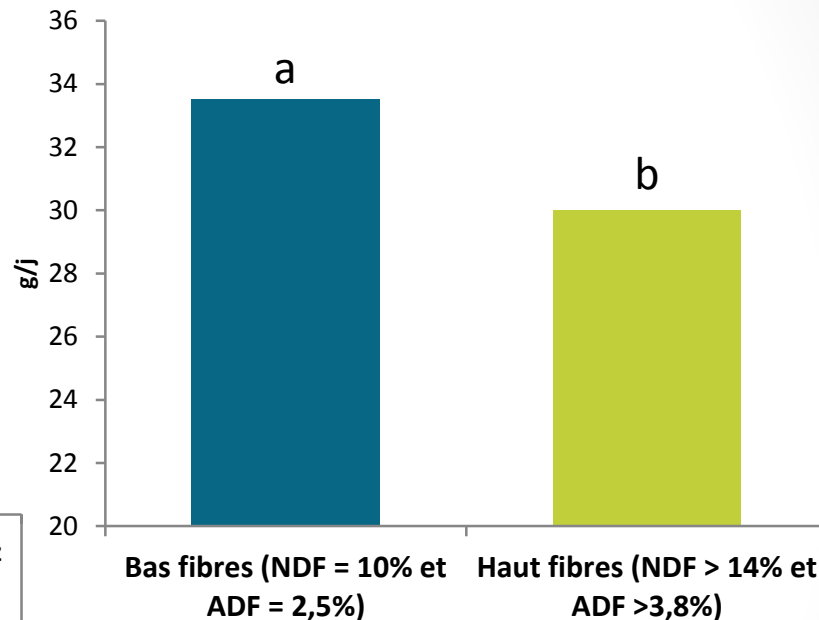
d'après Jiménez-Moreno et al. 2016

Contrôle vs expé. $P < 0,05$



Evolution du GMQ de poulet J1-J21

d'après Walugembe et al., 2014



Effet positif des fibres

MAIS

Passé un certain seuil, les fibres semblent détériorer les performances de croissance

Et les minéraux?

FIBRES ALIMENTAIRES

Fermentations

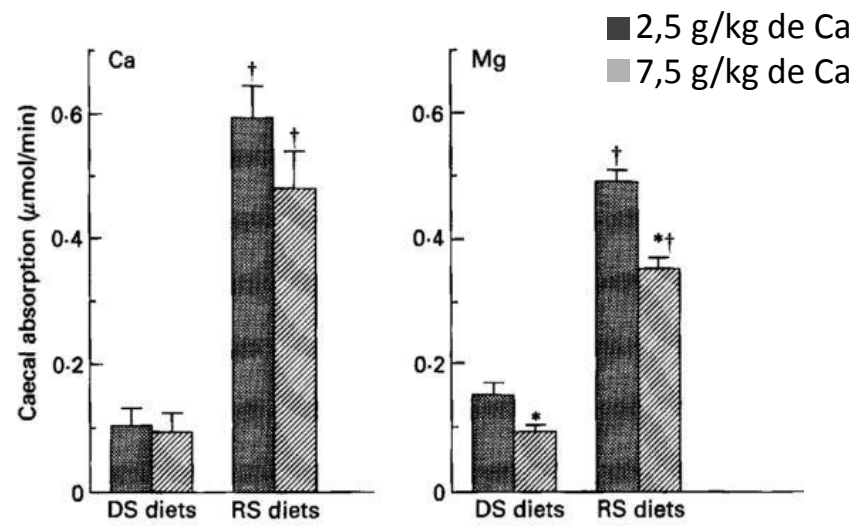
Gaz et AGCC

↓ du pH caecal

Milieu favorable pour la solubilisation des minéraux (libération des complexes phytate-calcium ou phosphate calcium)

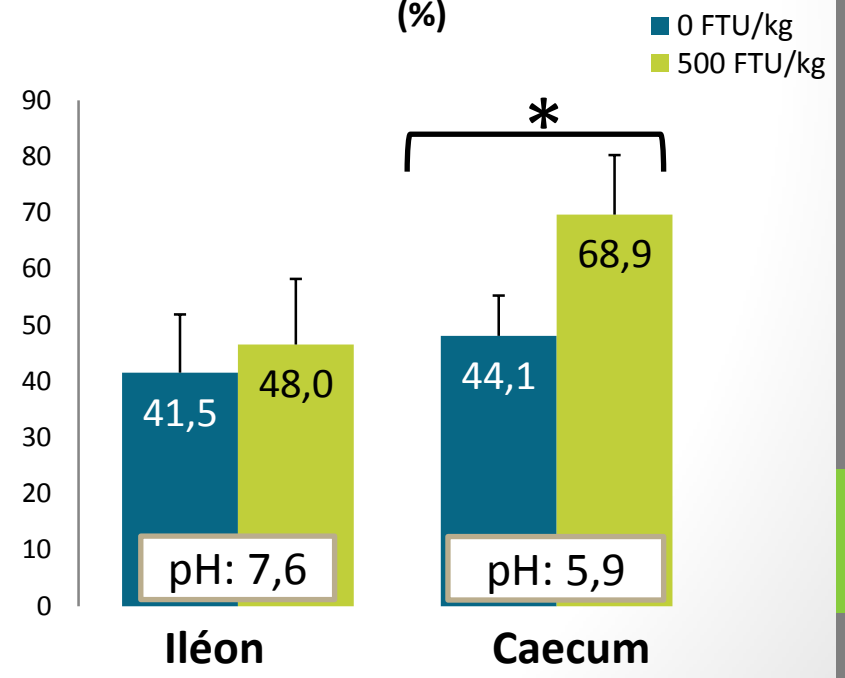
RAT

PORC



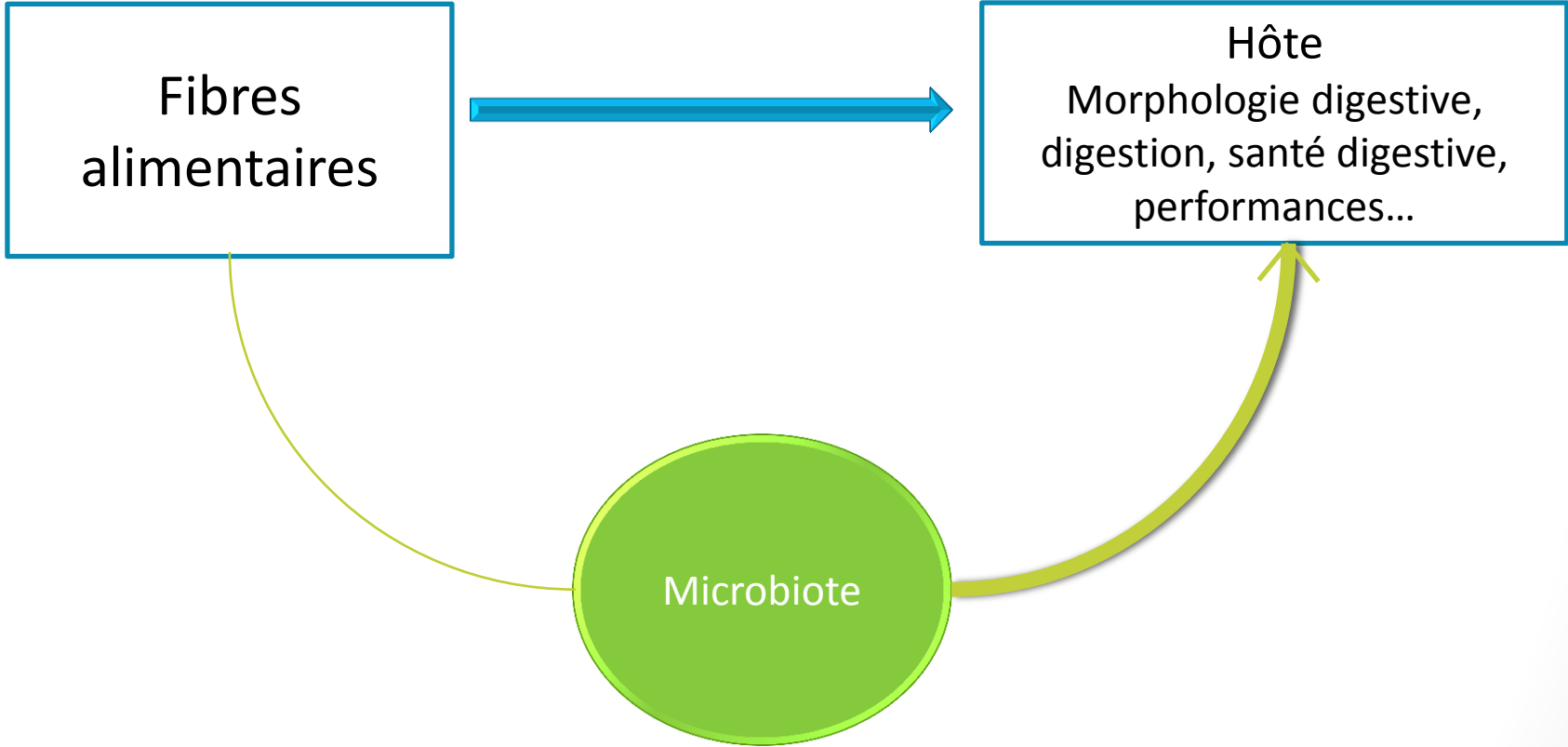
Younes et al., 1996

Digestibilités du P dans l'iléon et le caecum (%)



Bournazel et al. 2015

Suspensions chez le poulet

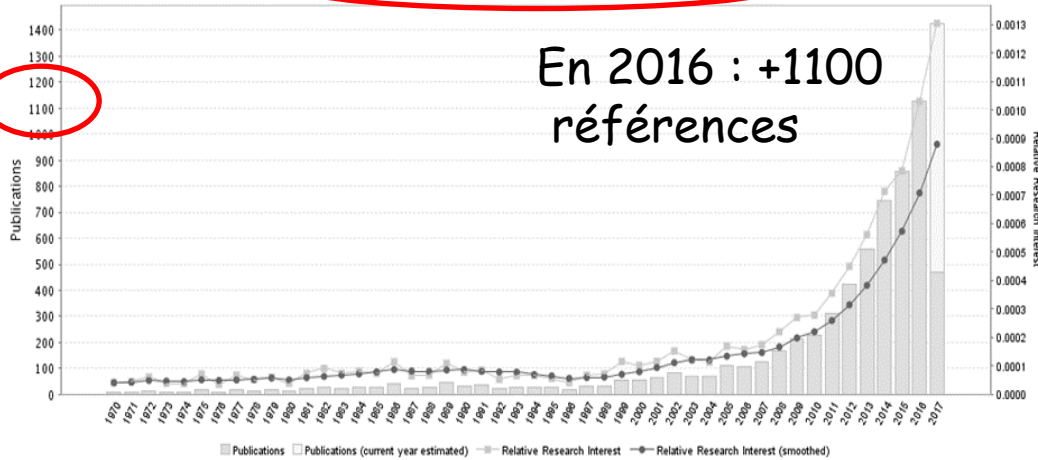


Microbiote: un intérêt croissant également!

HUMAIN/MURIN

Topic: (Microflora or Microbiota or Microbiome) and (Digestive trac...)

En 2016 : +1100 références

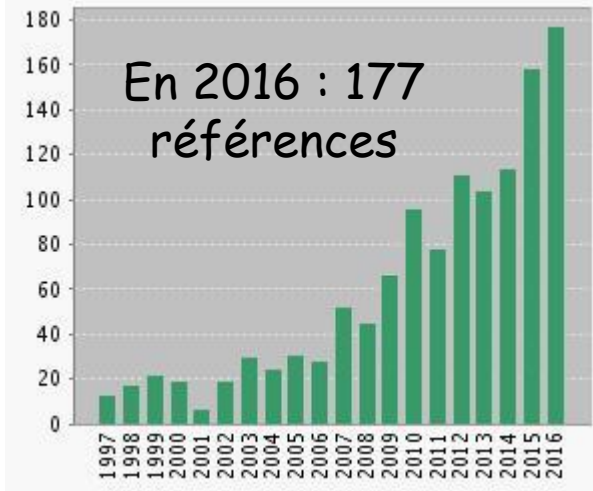


VOLAILLES

Topic: (Microflora or Microbiota or Microbiome) and (Digestive trac...)

Phase 1 : 1970-1998
Phase 2 : 1999 et +

En 2016 : 61 références



Microorganismes chez le poulet

Intestin grêle

Caeca

Kim et Mundt,
2011

Danzeisen et al,
2011

Sergeant et al,
2014

Bactéries

92%

97,1%

97,8%

Archées

0,4%

2,1%

0,04%

Eucaryotes

4,2%

0,5%

2,1%

Virus

3,8%

0,3%

0,1%

**Prédominance
des bactéries!**

Un grand nombre

Estimation (Ross, 3 sem.) : $7,7 \times 10^{12}$ bactéries

(d'après Guardia et al., 2011)

Localisé principalement dans les caeca

Très grande diversité des espèces

Différentes études → + 900 espèces (Wei et al, 2013)

Caeca ≈ 700 espèces (Sergeant et al, 2014)

200 à 350 espèces / individus

Variabilité individuelle
importante

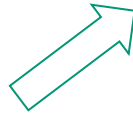
Microbiote et santé digestive

Effet barrière



Protection contre les microorganismes **pathogènes**

Système immunitaire



Développement du système immunitaire adaptatif (\neq inné) au niveau intestinal
(Kaspers et al, 2015)



Stimulation du système immunitaire
(Ismail and Hooper, 2005; Sharma et al., 2010)



Etat d'inflammation modérée permanente
(Klasing et al., 1991)

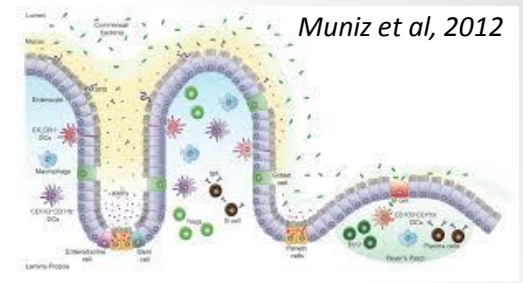
Production de substances néfastes



Toxines
Indole, scatole / Mercaptans d'éthyl et de méthyl

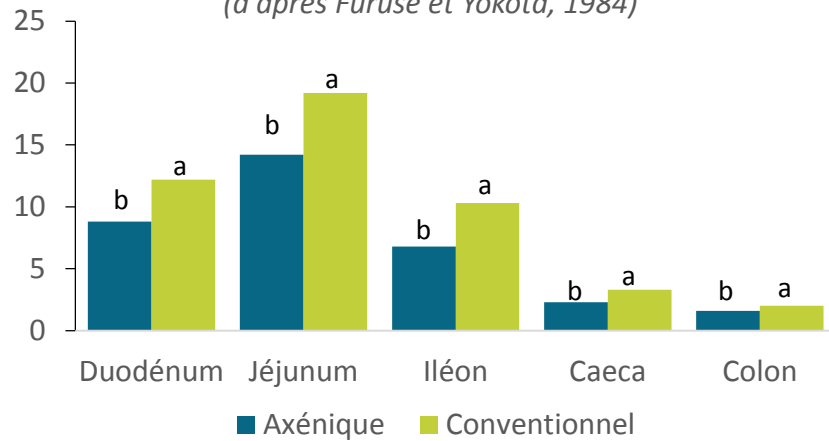
Détoxification de certains composants

Microbiote et l'appareil digestif

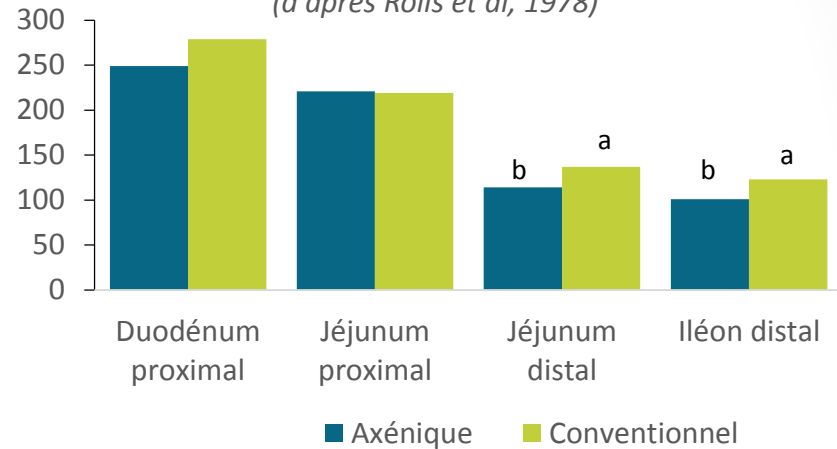


* Morphologie, renouvellement cellulaire

Poids relatif (g/kg)
(d'après Furuse et Yokota, 1984)



Hauteur des villosités (nb de cellules)
(d'après Rolls et al, 1978)

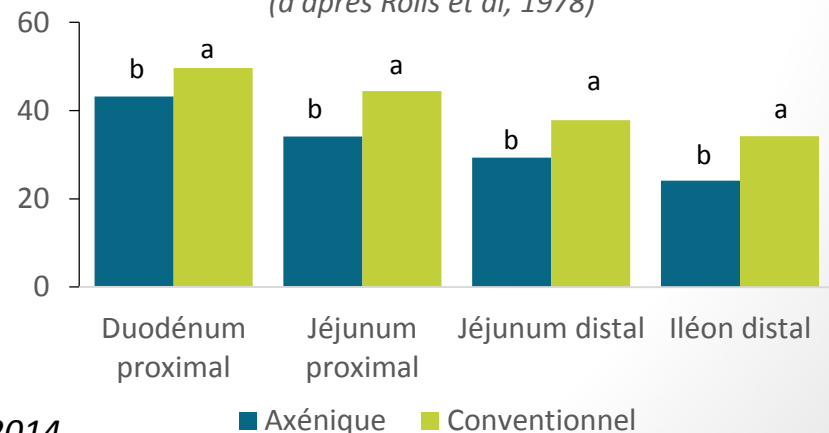


* Fonctions digestives

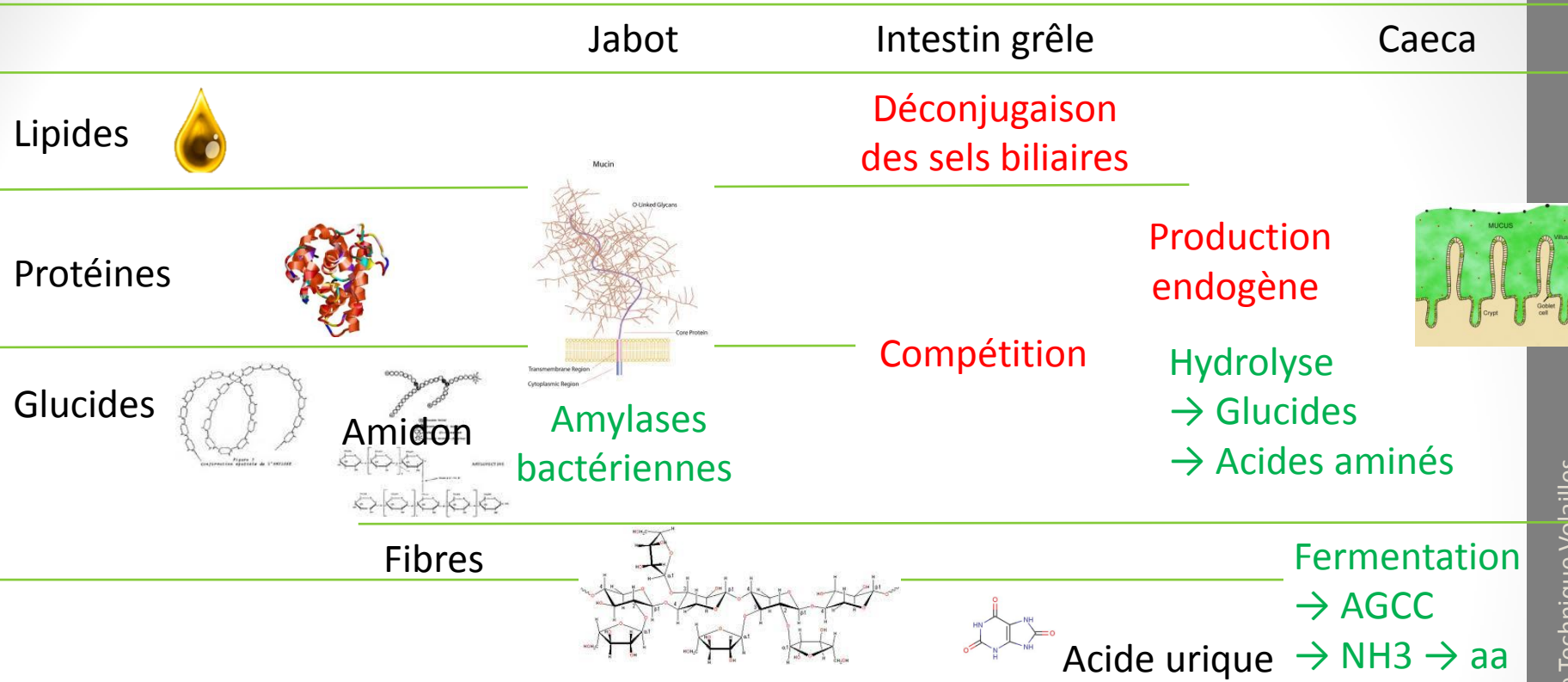
* Production de mucus

* Motricité gastro-intestinale

Profondeur des cryptes (nb de cellules)
(d'après Rolls et al, 1978)



Microbiote et digestion



AGCC absorbés → 3-4% voire 10-12% de l'apport énergétique

Bactéries possèdent des **enzymes** impliquées dans :

- la dégradation des polysaccharides
- la production d'AGCC
- le métabolisme des protéines, AA et N

Métagénomique (Qu et al, 2008; Sergeant et al, 2014)
Métabolomique (Polansky et al, 2015)

Facteurs modulateurs du microbiote

Eau

Alimentation:

- MP
- Structure et traitement techno.
- Anticoccidiens
- Additifs alimentaires

Microbiote de l'embryon ?

Système immunitaire

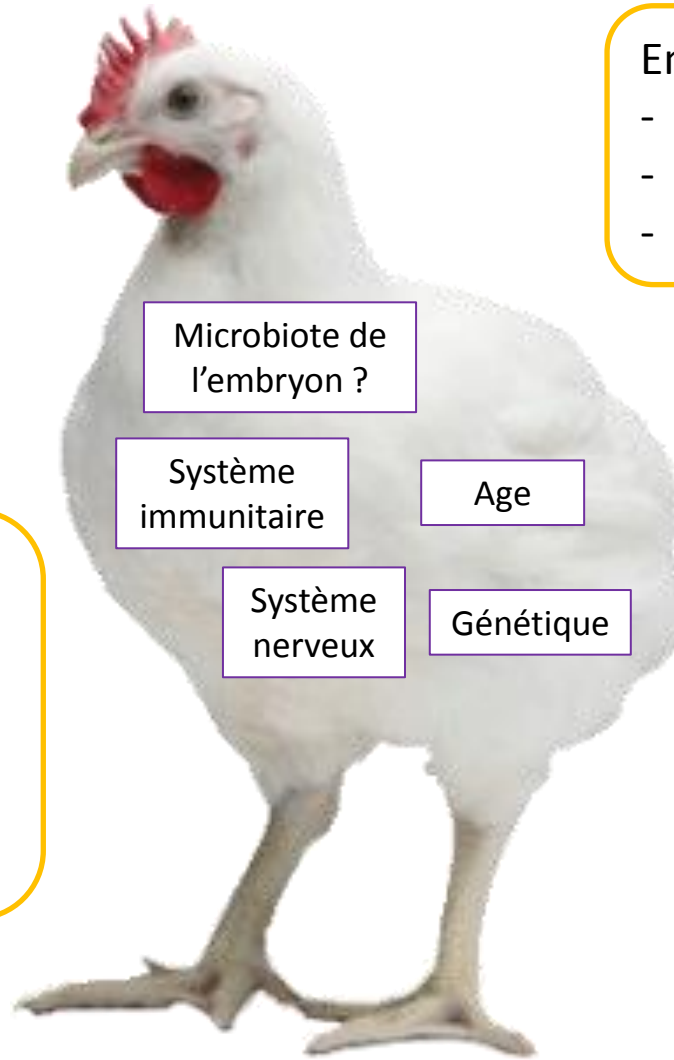
Age

Système nerveux

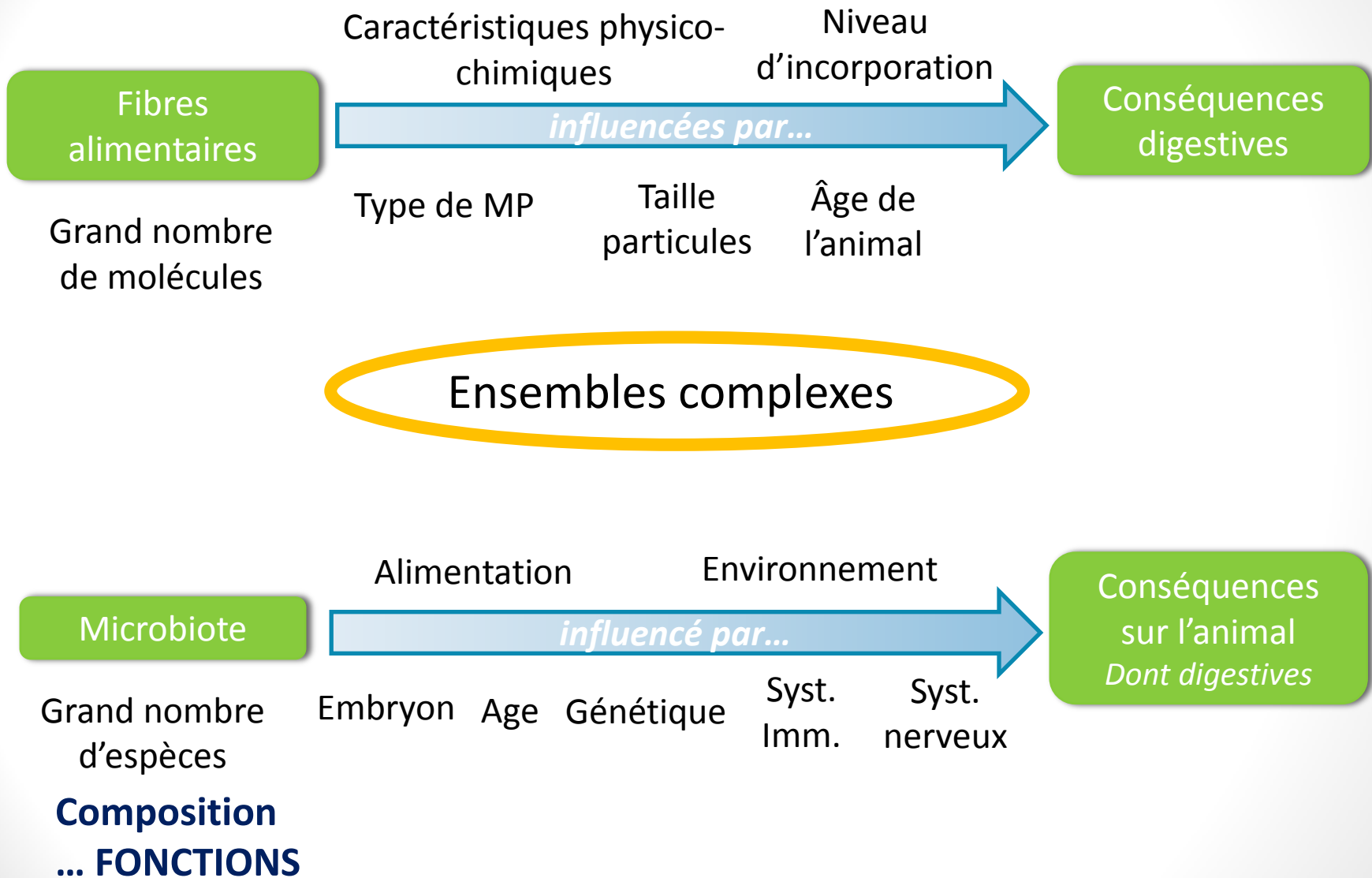
Génétique

Environnement:

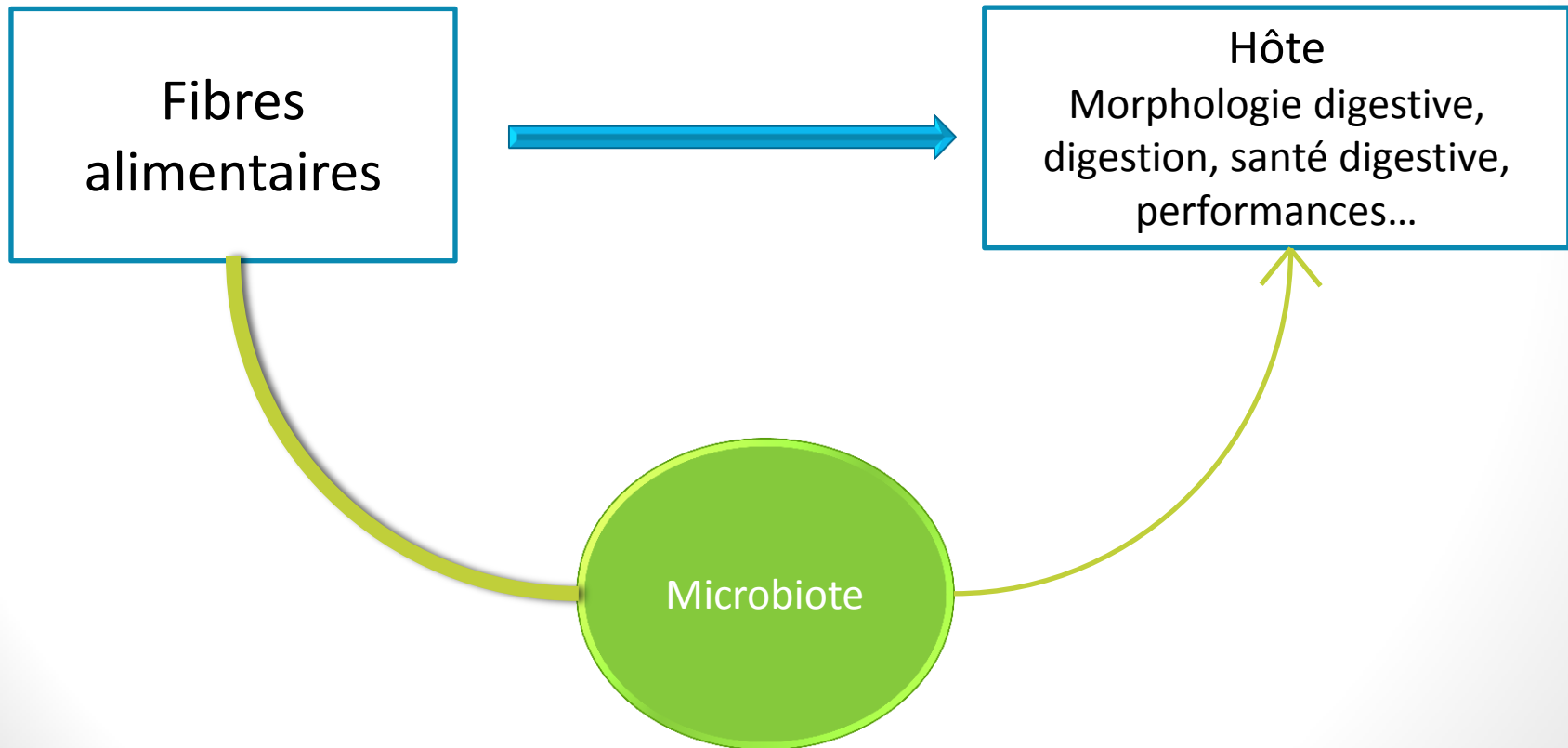
- Densité d'élevage
- Température
- Type de litière



Conclusions intermédiaires



Fibres x microbiote: quelles conséquences?



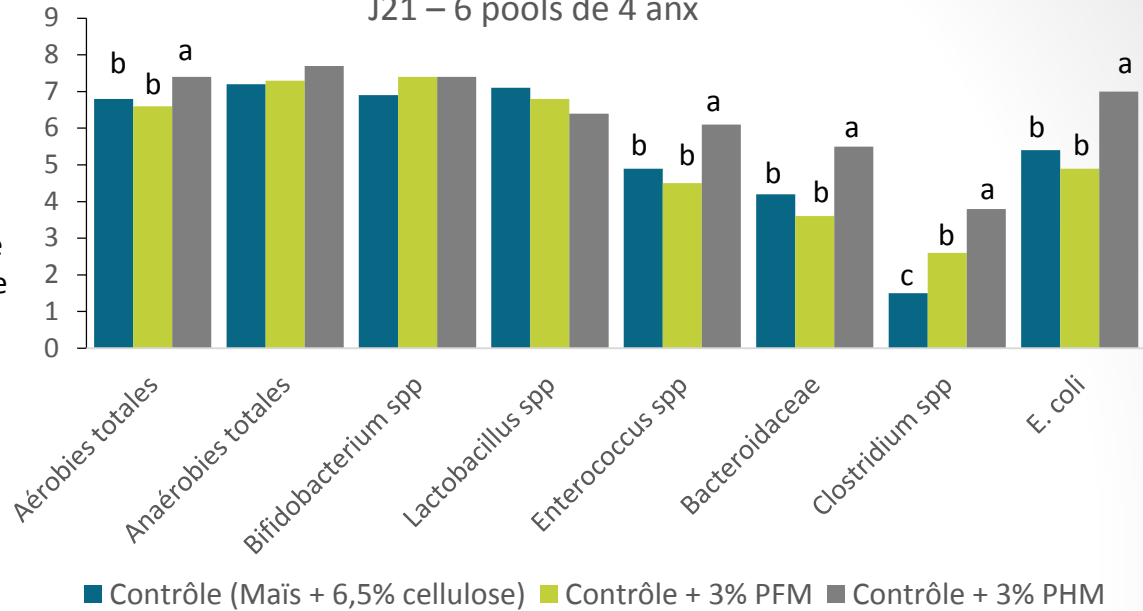
Fibres et microbiote

Approche par comptage

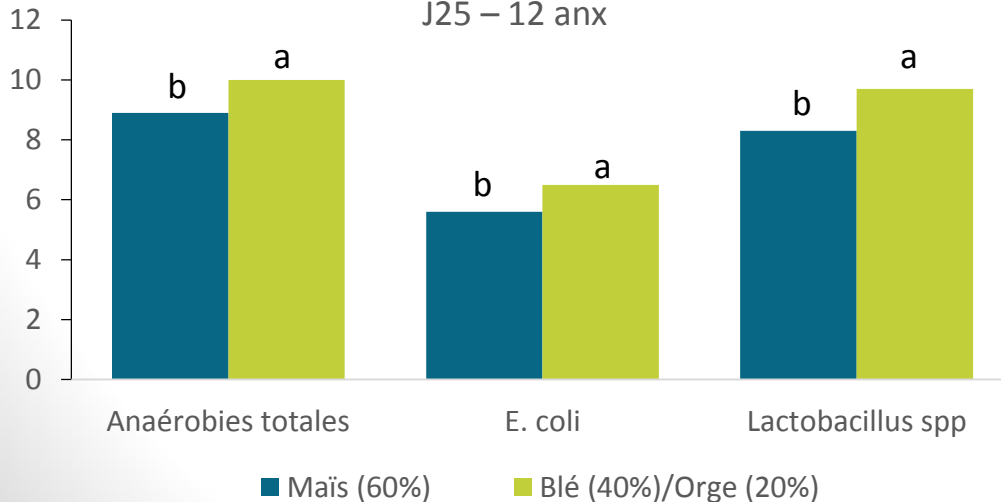
PNA modèles (isolés)

PFM : Pectine de citron faiblement méthylée
PHM : Pectine de citron hautement méthylée

Iléon (Log UFC / g)
d'après Langhout et al. (1999)
J21 – 6 pools de 4 anx



Caeca (Log UFC / g)
d'après Mathlouthi et al. (2002)
J25 – 12 anx



MP riches en PNA
Maïs vs Blé/Orge

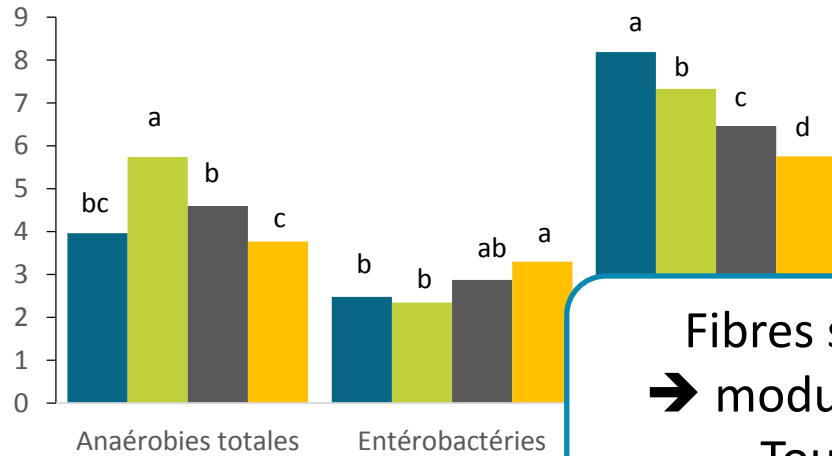
Fibres solubles →
augmentation du microbiote

Fibres et microbiote

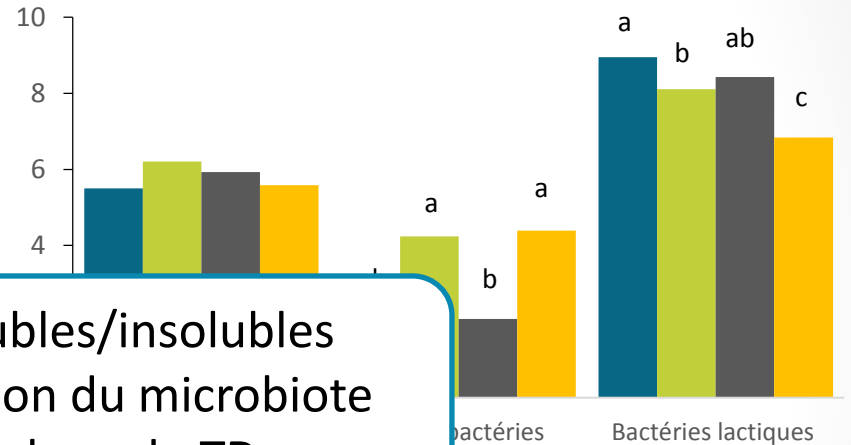
Approche par comptage

Incorporation de PNA modèles (3%) dans des régimes
J10 – 4 anx (d'après Shakouri et al, 2006)

Duodénum (Log UFC / g)

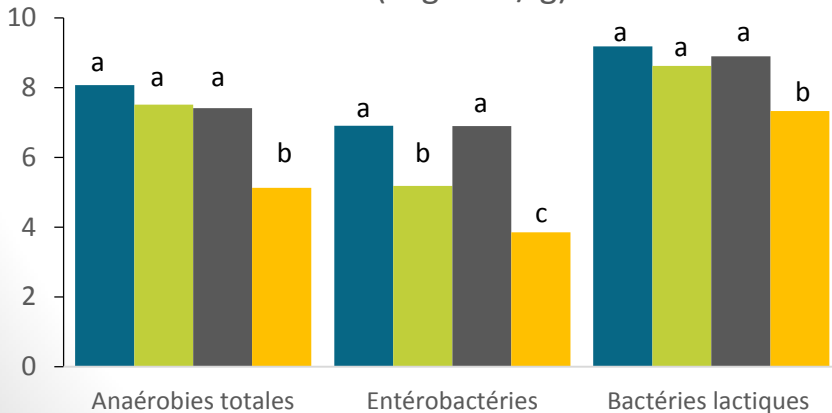


Jéjunum (Log UFC / g)

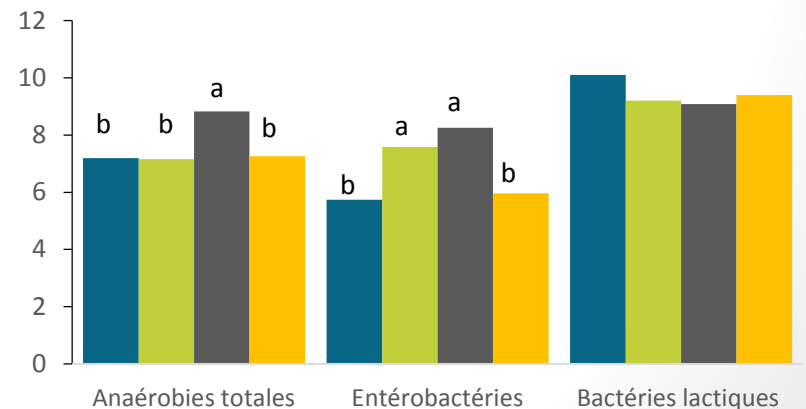


Fibres solubles/insolubles
 → modulation du microbiote
 Tout au long du TD

Iléon (Log UFC / g)



Caeca (Log UFC / g)



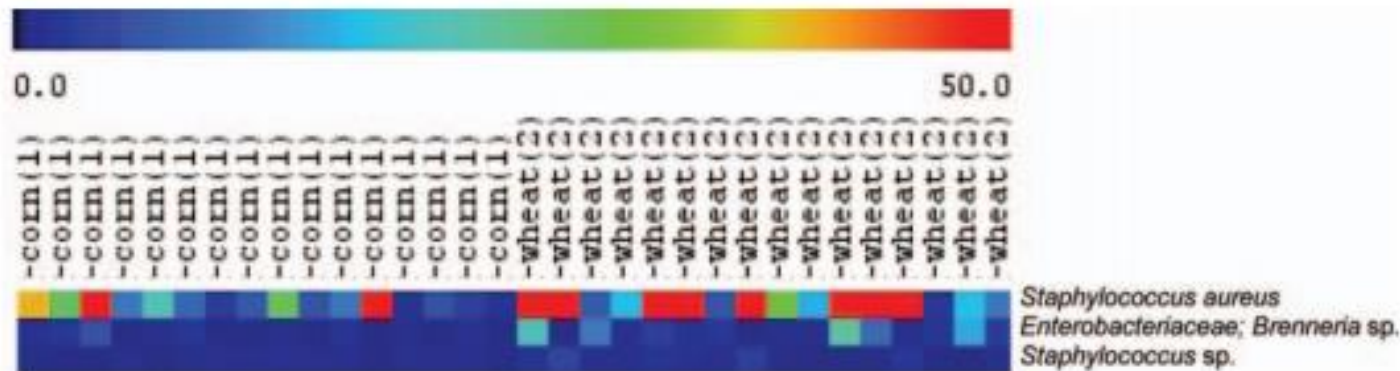
■ Contrôle ■ Pectine ■ CMC ■ Cellulose

■ Contrôle ■ Pectine ■ CMC ■ Cellulose

Effet d'un régime « Blé » par rapport à un régime « maïs » sur le microbiote **iléal**
J34 – 16 anx (van der Hoeven-Hangoor et al., 2013)

Régime « maïs » : maïs (65%)

Régime « blé » : blé (41,5-45,8%), seigle (6,5%), colza (6,5%)



Groupes bactériens présentant des différences significatives

Fibres → Enrichissement
de 3 groupes bactériens
avec le régime « Blé »

Fibres et microbiote

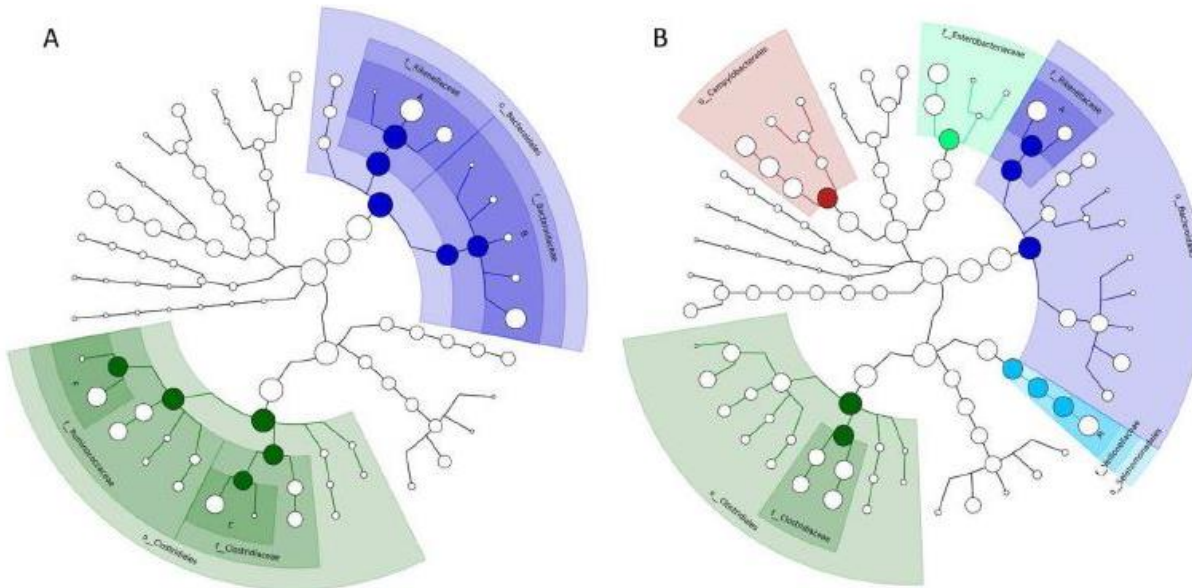
Approche
moléculaire

Séquençage 16S

Faible en fibres (maïs-TS) vs haut en fibres (son de blé et drêches; 6-8%) : microbiote **caecal** J21 - 1 pool de 11 poulets (Walugembe et al. 2015)

Low Fiber

High Fiber



Ordres
bactériens

Campylobacterales

Enterobacterales

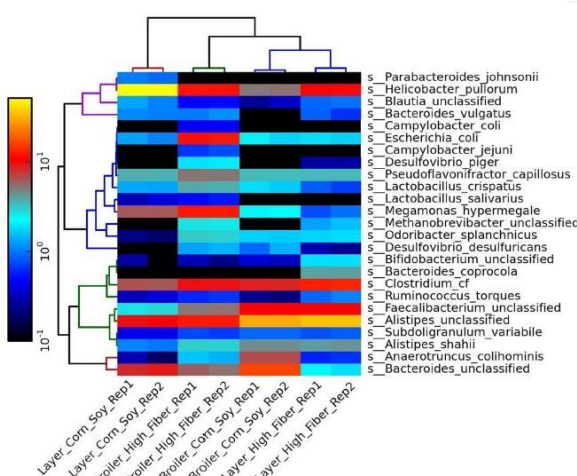
Selenomonadales

Fibres → modifications de la présence de certains ordres par rapport au régime contrôlé

Fibres et microbiote

Faible en fibres (maïs-TS) vs haut en fibres (son de blé et drêches; 6-8%) : Microbiote **caecal** J21 - 1 pool de 11 anx (Walugembe et al. 2015)

Espèces bactériennes



25 espèces bactériennes les plus abondantes

	Lignée croissance		Lignée pondreuse	
	Low Fiber	High Fiber	Low Fiber	High Fiber
Helicobacter pullorum	5,3	12,2	51,8	11,2
Megamonas hypermegale	2,3	12,7	6,3	0,9
Faecalibacterium	11,3	5,3	2,9	10,8
Bacteroides	17,5	7,1	10,3	7,3
Campylobacter coli	NA	0,5	NA	NA
Campylobacter jejuni	0,1	0,7	NA	NA
Escherichia coli	1,9	12,4	1,2	1,9

Fibres → modification du microbiote
Différence d'effet des fibres selon la génétique

Enzymes bactériennes dégradant les glucides

Approche moléculaire

Métagénomique

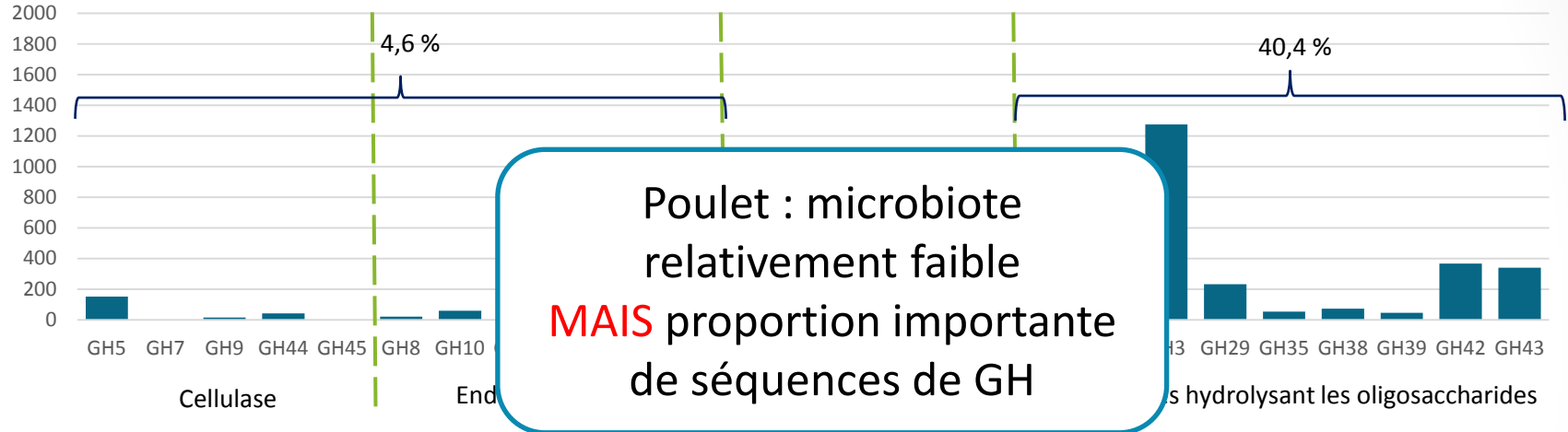
Familles de Glycoside Hydrolases (GH)

Caeca de poulet (1 animal)

(d'après Sergeant et al, 2014)

Nb total de séquences codantes : 595 178

Nb de gènes contenant des domaines de GH : 9 033 **% de GH : 1,52%**

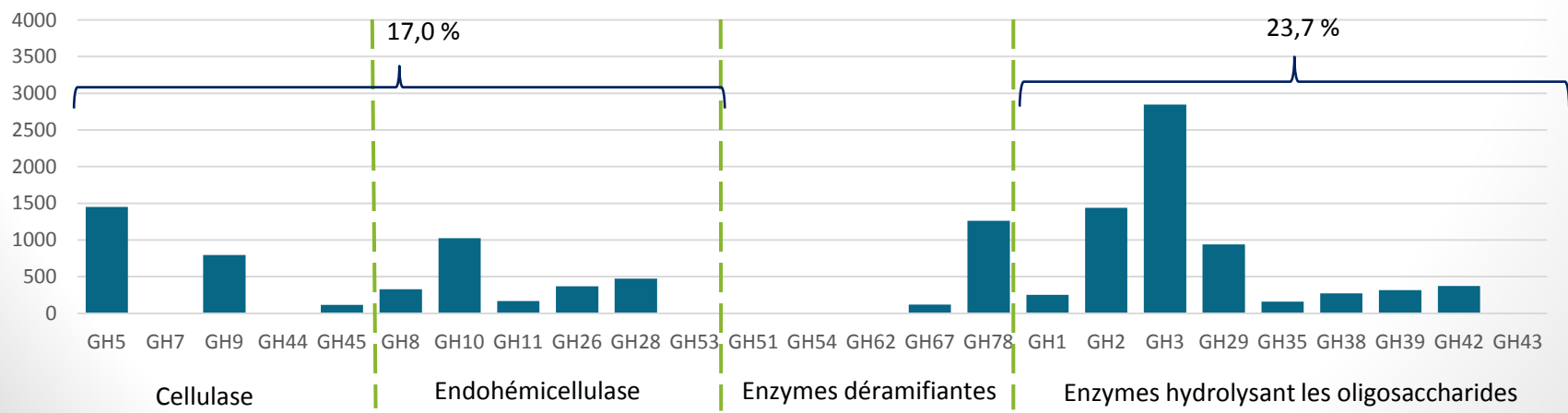


Rumen de bovin (2 animaux)

(d'après Hess et al, 2011)

Nb total de séquences codantes : 2 547 270

Nb de gènes contenant des domaines de GH : 27 755 **% de GH : 1,09%**



Et les minéraux?

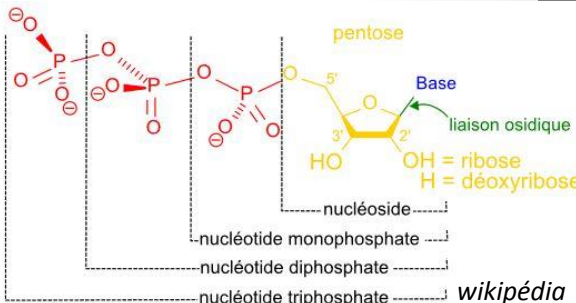
Microflore : a aussi besoin de minéraux pour sa croissance

Minéralisation osseuse



Acides nucléiques

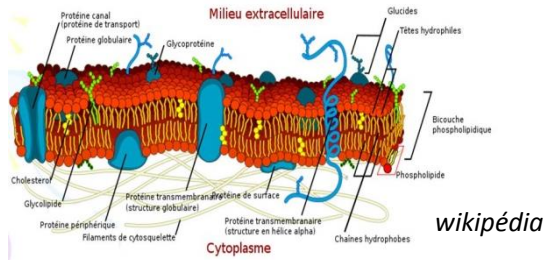
Nucléotides



Phosphore

Régulation acido-basique

Phospholipides



Fonctions métaboliques → déterminantes dans la prolifération bactérienne et essentielles dans la dégradation des fibres alimentaires

P représente 2 à 3% de la MS dans un pool standard bactérien (Erwing and Cole, 1994)
En excès, P pourrait se stocker dans les cellules bactériennes sous forme de polyphosphates (Wood and Clark, 1988)

Et les minéraux?

RUMINANT

Suppression de certains minéraux dans le milieu → aucune croissance de *Bacteroides amylophilus* après 168 h d'incubation (même constat sur *B. succinogenes*)

Caldwell et al., 1973

PORC

g/kg MS	Cellulose	Amidon	Pectine
P ingéré	2,22	2,25	2,50
P dans iléon	1,68 b	1,76 b	2,03 ab
P dans fèces	1,71 b	1,67 b	2,12 a
P absorbé dans gros intestin	-0,12 a	0,20 b	-0,23 a

Metzler et al., 2008

Certains minéraux nécessaires à la dégradation microbienne: capacité sécrétoire ou d'absorption du gros intestin?

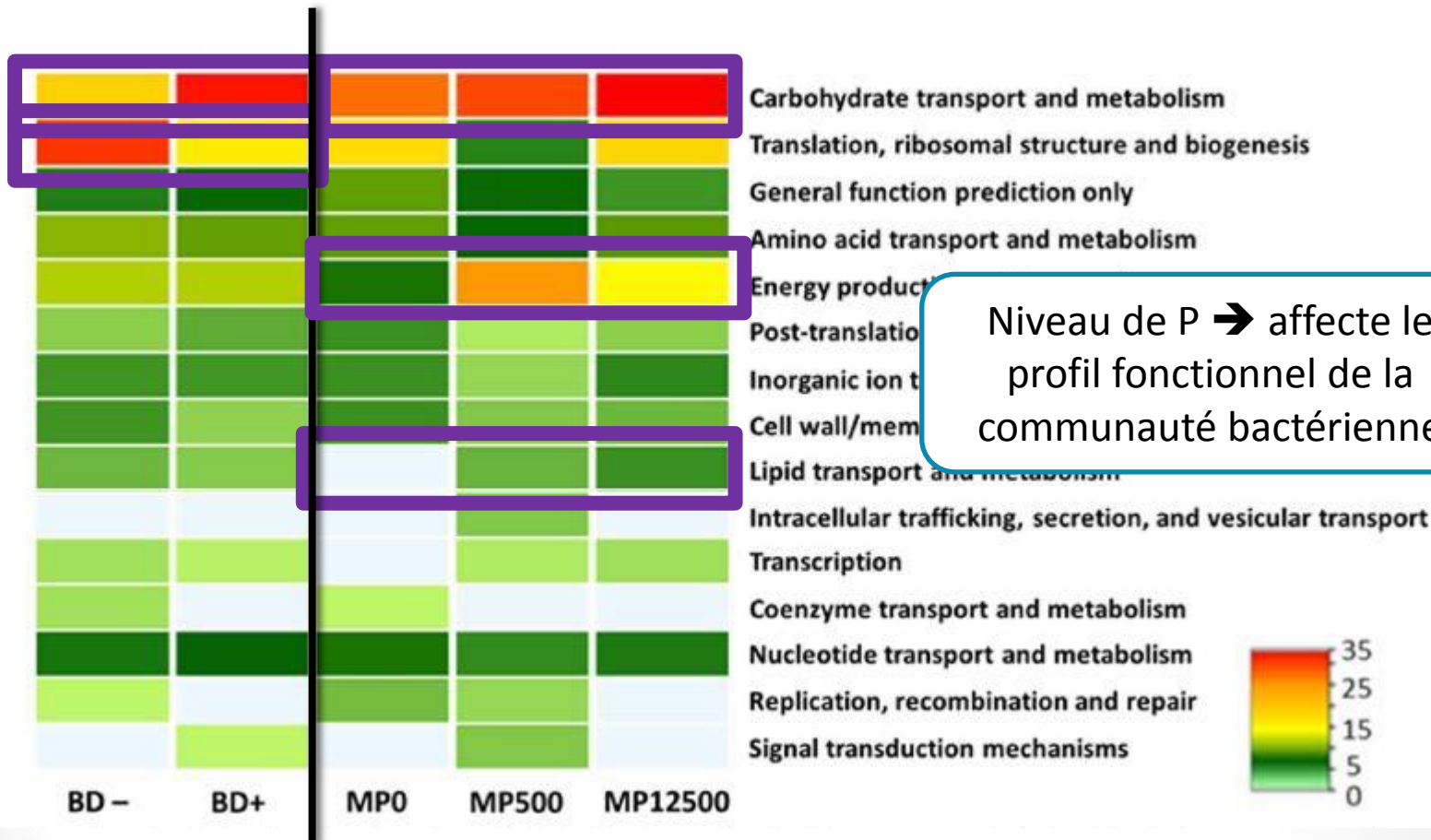
Ion deleted	10 ⁶ Cells/ml ^a
None	505
Na ⁺	0
K ⁺	0
Mg ²⁺	0
Ca ²⁺	528
Mn ²⁺	436
Co ²⁺	528
PO ₄ ³⁻	0
SO ₄ ³⁻	631
Cl ⁻	459

Pectine et cellulose: fermentations
→ production d'AGCC → sécrétion de minéraux

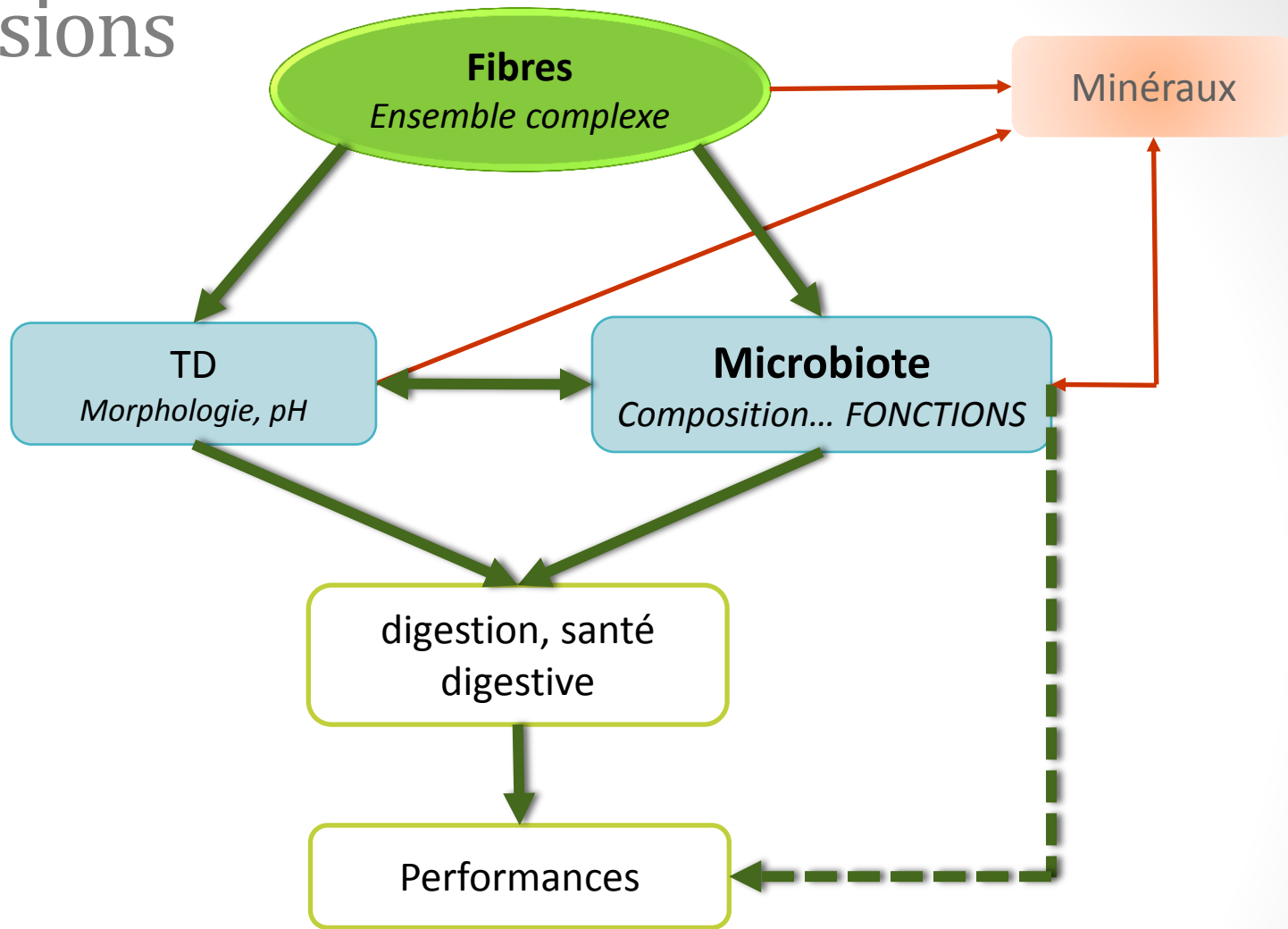
Metzler et al., 2008; Démigné et al., 1989

Et les minéraux?

BD – (P issu des MP → 0,45% P) ;
BD + (supplémentation phosphate → 0,54 % P) ;
MP0 MP500 MP12500 (0-500-12500 U phytase/kg)
Microbiote **caecal** – J25 – 2 pools de 4 anx (*Tilocca et al., 2016*)



Conclusions



Pas de généralités!

Nombreux facteurs de variations impliqués

Fibres dans l'aliment (MP, granulométrie, ...) → conséquences propres sur l'animal



Merci

