

Evaluation du rôle du microbiote intestinal dans l'efficacité digestive du lapin et du porc.

Mots clefs : Système d'élevage, critères de performance, flore intestinale

Contexte de l'étude

L'élevage doit être rentable mais la société exige également qu'il soit respectueux de l'environnement. L'optimisation de l'efficacité de la synthèse de biomasse à partir de l'aliment permet de répondre à ces attentes en réduisant le coût de production et l'impact environnemental. La flore microbienne du tube digestif (ou microbiote) joue un double rôle sur l'efficacité alimentaire: d'une part elle dégrade les molécules complexes et d'autre part elle modifie le métabolisme de l'hôte. Une étude récente a ainsi montré que l'utilisation d'antibiotiques pour promouvoir la croissance animale en agriculture reposait probablement sur l'action de ces antibiotiques sur le microbiote. En effet, l'injection d'antibiotiques à des souris s'est accompagnée d'un surcroît d'adiposité, d'une modification des gènes microbiens impliqués dans la dégradation des carbohydrates en acides gras volatils, d'une augmentation de ces acides dans le colon et d'une altération du métabolisme hépatique des lipides (Cho *et al.*, 2012). Certains espèces bactériennes sont également impliquées dans la vascularisation de l'intestin (Backhed, 2012), sa sensibilité à l'insuline (Vrieze *et al.*, 2012) et/ou sa fonction immunitaire (Chung *et al.*, 2012)

Le projet MicroRabITS vise à évaluer l'importance du microbiote intestinal au cours d'une sélection animale améliorant l'efficacité alimentaire de lapins qui a été réalisée par l'unité SAGA (Toulouse). Une expérience préliminaire a montré des différences entre les profils fermentaires *in vitro* des lapins efficaces par rapport aux lapins non-efficaces.

Le projet Floralim a caractérisé l'efficacité alimentaire de porcs, ainsi que leur microbiote fécal.

Ces deux projets ont en commun des données de performances zootechniques et une caractérisation du microbiote intestinal par séquences ARN 16S obtenues par la technologie de séquençage Illumina (next generation).

Objectifs du stage

L'objectif du stage est de :

- Utiliser la méthode de clusterisation des séquences 16S du laboratoire et obtenir les tables d'abondances
- estimer la différence d'espèces entre microbiotes d'animaux efficaces vs non-efficaces sous "R"
- pour le lapin, identifier les fonctions liées aux séquences 16S par covariance pour poser des hypothèses fonctionnelles (Nielsen et al. 2014)
- si le calendrier le permet, une extraction d'ADN d'échantillons supplémentaires pour confirmer les hypothèses est possible.
- si le calendrier le permet, les gènes d'antibiorésistances connus seront listés.

Le stagiaire sera principalement encadré par Olivier Zemb.

Profil

Etudiant ayant une connaissance de l'analyse de variance (de préférence sous R) et de l'anglais. Une capacité à s'adapter à des logiciels de base de données et une capacité d'adaptation aux outils informatiques seraient appréciées. Autonome et volontaire.

Personne à contacter

Encadrant principal : Olivier ZEMB (TANDEM) olivier.zemb@toulouse.inra.fr ; Tel : 05 61 28 50 99 / 06 51 49 94 68

Equipe NED, UMR 1289 TANDEM

24, Chmein de Borde Rouge BP 5267

31326 Castanet Tolosan Cedex

<https://sites.google.com/site/olivierzembwebsite/home>

Conditions matérielles du stage

- Durée : 6 mois de février/mars à Aout/septembre pour un master.
- Lieu de stage: INRA – UMR TANDEM à Auzeville (31)
- Indemnités de stage INRA : environ 436 €/mois – cantine d'entreprise sur place (repas ~ 2.50)

Nielsen, H.B., Almeida, M., Juncker, A.S., et al. (2014) Identification and assembly of genomes and genetic elements in complex metagenomic samples without using reference genomes. *Nature biotechnology*.