

Relation entre la sélection divergente sur les cellules somatiques du lait, d'une part, et sur la persistance laitière, d'autre part, et le microbiote ruminal des brebis laitières de race Lacaune.

Guillermo Martinez-Boggio¹, Annabelle Meynadier¹, Rachel Rupp¹, Hélène Larroque¹, Charlotte Allain², Christel Marie-Etancelin¹

1 : GenPhySE, Université de Toulouse, INRAE, ENVT, F-31326 Castanet Tolosan, France

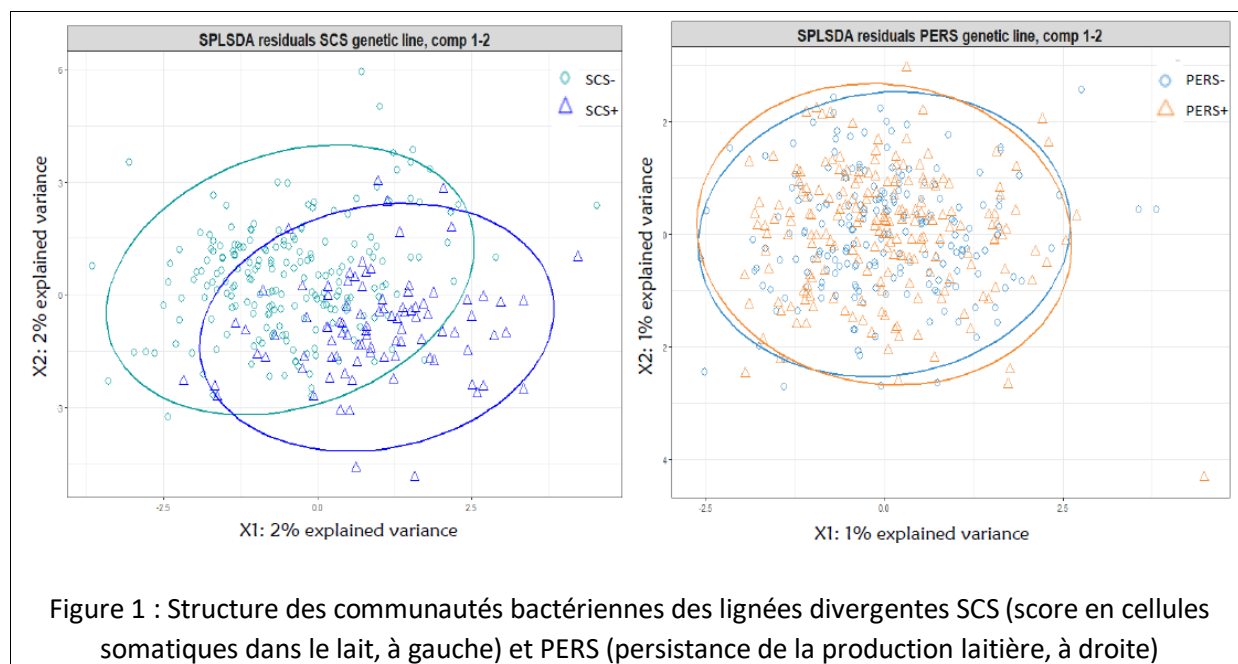
2 : INRAE, Unité Expérimentale de La Fage, F-12250 Saint-Jean et Saint-Paul, France

Le microbiote ruminal joue un rôle central dans la nutrition de son hôte, ce qui affecte directement la production de lait et la santé de celui-ci. Il n'existe pas d'études sur les relations entre le microbiote ruminal et ces caractères de production et de santé chez les moutons. Le but de notre étude était donc de déterminer les différences de communauté bactérienne dans le rumen entre des brebis appartenant à des lignées divergentes sur le score des cellules somatiques dans leur lait, d'une part, et sur la persistance de la production laitière d'autre part.

Nous avons prélevé des échantillons de liquide ruminal de 700 brebis Lacaune laitières élevées à la ferme expérimentale INRAE de La Fage entre 2015 et 2019. Ces brebis étaient des animaux adultes, pour la plupart en seconde lactation, et appartenaient à deux lignées divergentes sélectionnées sur leur score de cellules somatiques (SCS) ou sur la persistance de la production laitière pendant la lactation (PERS). Les phénotypes des brebis obtenus à partir des contrôles laitiers au cours des cinq années étaient le comptage des cellules somatiques (CCS), la production laitière (PL), la teneur en matière grasse du lait (taux butyreux, TB), la teneur en protéines du lait (taux protéique, TP) et la teneur en matière sèche du lait. Le microbiote ruminal a été analysé par métabarcoding en utilisant le gène codant pour l'ARN 16s bactérien avec la technologie d'Illumina Miseq. Nous avons analysé les séquences d'ADN issues du séquenceur avec le pipeline FROGS pour obtenir les abondances relatives des OTU (unité taxonomique) en proportion des séquences totales par échantillon, et le package Phyloseq du logiciel statistique R pour estimer les indices de biodiversité. Par la suite, nous avons soit analysé directement les OTUs soit regroupé les OTU en fonction des niveaux taxonomiques du phylum, de la famille et du genre.

Après prise en compte de la nature compositionnelle des données de microbiote et correction pour les effets technologiques (profondeur de séquençage, run de séquençage), de prélèvements (année de prélèvement, ordre de prélèvement) et zootechniques (rang de lactation (2 à 7 lactations), stade de la lactation (45 à 133 DIM) et taille de la portée (1, 2 agneaux ou plus)), deux types d'analyses de données ont été effectuées en utilisant le package MixOmics du logiciel statistique R. D'une part, une analyse discriminante avec les lignées divergentes comme facteur distinctif a été conduite à l'aide d'une sPLS-DA ; d'autre part, les liens entre les phénotypes et les OTU ont été recherchés à l'aide d'une sPLS. Les lignées divergentes PERS ne présentent pas de différence dans la communauté bactérienne de leur rumen, tandis que les lignées SCS présentent une faible différence (Figure 1). Néanmoins quelques relations ont été trouvées entre le microbiote et les phénotypes mesurés. En particulier le genre *Prevotella* (cluster 1663) corrélé positivement avec la PL et négativement avec le TB et le TP, et le genre *Lachnospiraceae NK4A136* (Cluster 1382) pour lequel c'est le contraire (Figure 2). Les relations avec les CCS sont faibles.

Ces premiers résultats vont être complétés par une analyse génétique complète de la communauté bactérienne. Ce travail fait l'objet d'un sujet de thèse universitaire (G. Martinez-Boggio) financé par INRAE et la région Occitanie.



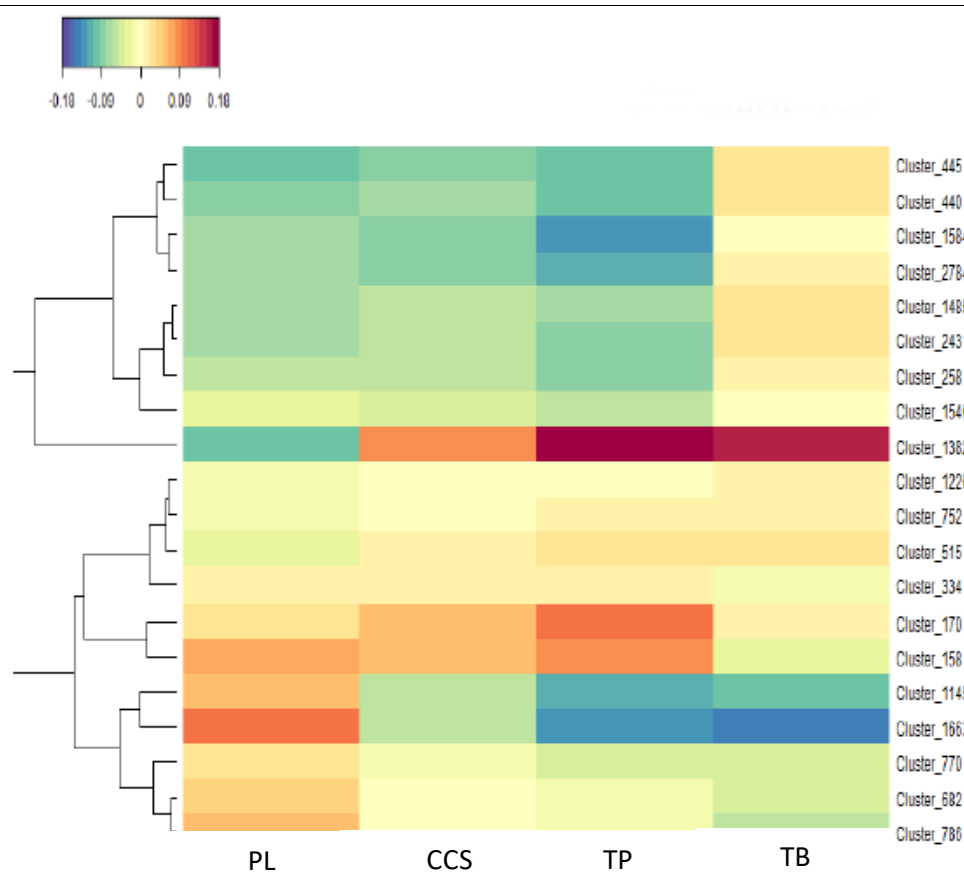


Figure 2 : Relation entre les phénotypes mesurés et la communauté bactériennes des 700 brebis prélevées.

PL : production laitière ; CCS : comptage cellules somatiques dans le lait ;
TB : taux butyreux ; TP : taux protéique.