



Projet exploratoire
2020 – 2021



Coordination

Claire ROGEL-GAILLARD
claire.rogel-gaillard@inrae.fr

Mots clefs

Holobionte, porc, bien-être,
santé, production

Unités INRAE participantes

GABI - GeMS
GABI - Plateforme BRIDGe
GenPhySE
GENESI - porc
MICALIS - MIHA
MGP -
INFOBIOSTAT

Entérotypes du microbiote intestinal chez le porc : caractérisation fine et influence de la génétique de l'hôte pour assembler l'holobionte

Le projet EnterotyPig s'inscrit dans l'axe 1 du métaprogramme dédié à l'étude des mécanismes d'assemblage et d'interaction au sein des holobiontes, volet « animaux d'élevage », espèce porc. Il vise en particulier l'analyse du déterminisme génétique de l'hôte dans la construction et l'évolution de l'holobionte au cours de la vie et l'analyse fonctionnelle différentielle des deux entérotypes (c'est-à-dire des types de microbiotes) trouvés dominants dans nos conditions d'élevage.

Chez les animaux et en particulier les mammifères, étudier l'influence de la génétique de l'hôte sur la composition du microbiote intestinal se heurte à la difficulté de dissocier de façon précise la variabilité du microbiote due aux effets génétiques et aux effets environnementaux liés notamment à la transmission du microbiote maternel à la naissance. Une démonstration formelle des possibilités d'évolution hôte-microbiote (holobionte) par sélection directionnelle sur plusieurs générations permettra d'avancer sur cette question.

Objectifs

Notre objectif est d'étudier, chez le porc, le rôle de la génétique de l'hôte sur son microbiote intestinal, considéré non plus comme un simple phénotype mais comme un écosystème dynamique qui va co-évoluer avec son hôte, nous appuyant ainsi sur le concept d'holobionte. Nous proposons d'exploiter et de développer un modèle d'étude fondé sur la constitution de lignées de porcs contrastées pour deux entérotypes afin de :

1. Étudier la transmission intergénérationnelle des entérotypes et leur association avec des caractères d'élevage.
2. Étudier l'influence de l'environnement maternel péri-postnatal par des adoptions croisées.
3. Caractériser la composition taxonomique fine des deux entérotypes par des analyses de métagénomique quantitative en exploitant le catalogue de gènes du microbiote intestinal du porc.
4. Évaluer la faisabilité et utilité d'un test rapide et fiable qui permette la classification des animaux par entérotipe ;

- Déterminer la dynamique d'évolution des entérotypes entre 60 et 120j. Les résultats permettront de consolider le modèle d'étude avec au moins une publication sur le déterminisme génétique de la composition du microbiote, et seront fondateurs pour soumettre un projet à l'ANR sur les liens entre phénomène, génome et métagénome à l'échelle de l'holobionte, en tenant compte du couplage entre caractères de santé, bien-être et production.

Partenaires

Département INRAE	Unité INRAE	Expertise
GA Génétique Animale	GABI - GeMS	Génétique et génomique porcine, étude des interactions hôte-microbiote intestinal, biologie computationnelle, métagénomique, expérimentation animale et prélèvements en unité expérimentale, extraction ADN fécal
	GABI - Plateforme BRIDGe	Séquençage MiSeq
	GenPhySE	Génétique quantitative, estimation des paramètres génétiques, gestion des lignées porcines avec saisine au comité d'éthique Poitou-Charentes
	GENESI - porc	Production des animaux des deux lignées ; congélation de semence
MICA Microbiologie et chaîne alimentaire	MICALIS - MIHA	Microbiologie, biologie moléculaire, fonctionnalité de souches et de microbiote, bioinformatique, génomique
	MGP - INFOBIOSTAT	Statistiques et bioinformatique, relations microbiote/santé