

Les microbiotes des ruminants : état des lieux de la recherche et impacts des microbiotes sur les performances et la santé des animaux

Asma ZENED¹, Evelyne FORANO², Céline DELBES³, Isabelle VERDIER-METZ³, Diego MORGAVI⁴, Milka POPOVA⁴, Yulixaxis RAMAYO-CALDAS⁵, Dominique BERGONIER⁶, Annabelle MEYNADIER¹, Christel MARIE-ETANCELIN¹

¹GenPhySE, Université de Toulouse, INRAE, ENVT, INP-PURPAN, 31320, Castanet-Tolosan, France

²Université Clermont Auvergne, INRAE, UMR MEDIS, 63122, Saint-Genès-Champagnelle, France

³Université Clermont Auvergne, INRAE, VetAgro Sup, UMR Fromage, 15000, Aurillac, France

⁴INRAE, Université Clermont Auvergne, VetAgro Sup, UMRH, 63122, Saint-Genès-Champagnelle, France

⁵Université Paris-Saclay, INRAE, AgroParisTech, GABI, 78350, Jouy-en-Josas, France

⁶Université de Toulouse, ENVT, INRAE, UMR IHAP, UMT Pilotage de la santé des ruminants, 31076, Toulouse, France

Courriel : christel.marie-etancelin@inrae.fr

■ Les microbiotes des ruminants suscitent un intérêt grandissant dans la gestion des élevages et la sélection des animaux. Par quels facteurs principaux sont-ils réellement façonnés ? Peut-on les moduler afin d'améliorer la santé, l'efficacité des ruminants d'élevage ? ¹

Introduction

Le ruminant, comme les autres organismes complexes, tisse et maintient des liens étroits avec les multiples microorganismes qui le colonisent et qui constituent ses microbiotes. L'association de l'organisme hôte (ici l'animal) et de la cohorte de microorganismes qu'il héberge constitue une entité vivante appelée holobionte (du grec « *holos* », tout, et « *bios* », vie). Le microbiome correspond à l'ensemble de ces microorganismes et de leurs génomes, de leur habitat et de leurs conditions environnantes (Marchesi et Ravel, 2015). Chez les ruminants, les microbiotes sont hébergés dans différents habitats : sur la peau, en particulier du trayon (Frétin *et al.*, 2018) et de

l'espace interdigité (Zinicola *et al.*, 2015), et dans les tractus digestif, respiratoire, génital, etc. (Swartz *et al.*, 2014 ; Tapio *et al.*, 2016 ; Zeineldin *et al.*, 2019). Ces microbiotes sont d'une grande importance pour la physiologie (Alipour *et al.*, 2018) et la santé (Nicola *et al.*, 2017) de l'animal ; ils contribuent tant aux performances zootechniques (Li *et al.*, 2019 ; Ramayo-Caldas *et al.*, 2020) qu'à la qualité des produits (Frétin *et al.*, 2018). En particulier, le microbiote ruminal, composé essentiellement de bactéries et de protozoaires, mais aussi d'archées et de champignons, joue donc un rôle central dans la nutrition et la santé de son hôte ; ceci est d'autant plus vrai que le rumen se situe en amont des sites d'absorption. Il est donc crucial dans la nutrition de son hôte *via* la valorisation des glucides pariétaux. Il

assure 70 % de la couverture du besoin journalier en énergie de son hôte, synthétise des acides aminés essentiels et des vitamines (Bergman, 1990). La position anatomique du rumen rend son microbiote plus sensible aux facteurs environnementaux que les microbiotes digestifs situés en aval. Parmi les facteurs de variation des microbiotes des ruminants, les principaux sont l'environnement, dont l'alimentation et les pratiques d'élevage, et l'hôte, dont l'âge et la génétique.

Après une brève présentation de la composition des microbiotes des ruminants, nous détaillerons les apports potentiels des nouvelles approches analytiques, au travers de publications récentes, pour l'étude des facteurs de variation des microbiotes. Dans un second temps, les

¹ Cet article a fait l'objet d'une présentation aux 25^{es} Rencontres Recherches Ruminants (Zened *et al.*, 2020).

relations entre ceux-ci et les caractères d'intérêt pour les éleveurs, liés à la santé, au bien-être et aux performances des animaux, seront discutées.

1. Les microbiotes des ruminants

Chez les ruminants, des communautés microbiennes complexes et diversifiées sont présentes dans différents sites dont le tube digestif, et en particulier le rumen. Écosystème dynamique, le rumen est de loin le plus étudié. Ses microbes interagissent entre eux lors de la dégradation des glucides complexes de la paroi cellulaire végétale qui sont peu utilisés par l'Homme (Huws *et al.*, 2018). Les microbes symbiotiques digestifs (rumen et intestin) jouent un rôle essentiel dans l'interaction animal-hôte avec l'environnement, lui fournissent des nutriments tout en stimulant son système immunitaire. Dans cette synthèse, nous aborderons en particulier les microbiotes digestifs et associé à la mamelle (figure 1), en nous focalisant principalement sur les données obtenues chez le bovin, espèce de ruminant la plus étudiée.

■ 1.1. Les méthodes d'études

Depuis les travaux pionniers de R. Hungate (1966a et b), notre capacité à cultiver les microorganismes anaérobies

s'est améliorée grâce au développement de milieux de culture spécifiques et d'outils à haut débit (Kenters *et al.*, 2011 ; Borrel *et al.*, 2014). Cependant, bien que de nouveaux microorganismes soient constamment découverts et mis en culture, un grand nombre de bactéries, d'archées (Creevey *et al.*, 2014), de champignons (Seshadri *et al.*, 2018) et surtout de protozoaires (Firkins *et al.*, 2020) ne sont pas encore cultivés. Les efforts pour obtenir de nouveaux isolats se poursuivent en particulier avec le projet « Hungate 1 000 » dont l'objectif est de séquencer le génome de 1 000 souches de bactéries et d'archées pour déterminer leur potentiel fonctionnel (Seshadri *et al.*, 2018).

L'essor du séquençage de nouvelle génération a entraîné une explosion des publications explorant la métatranscriptomique (séquençage d'amplicons 16S, 18S et ITS pour les bactéries et les archées, les protozoaires et les champignons, respectivement) du microbiome ruminal dans différentes conditions (Morgavi *et al.*, 2015 ; Popova *et al.*, 2019 ; Ramayo-Caldas *et al.*, 2019). Bien que ces études soient d'un grand intérêt, l'interprétation des données générées par différentes publications reste un défi, du fait de résultats contradictoires potentiellement liés aux différences dans les méthodes utilisées. Des efforts sont faits pour standardiser ce type d'analyses (Pollock *et al.*,

2018). L'inconvénient majeur de la métatranscriptomique reste l'impossibilité d'accéder à la fonction microbienne, malgré le développement de logiciels de prédiction de fonctions à partir des séquences de l'ADNr 16S (Langille *et al.*, 2013). Seule la métagénomique permet d'identifier les gènes présents et les fonctions potentielles associées. La métagénomique appliquée au microbiote du rumen a d'abord permis de découvrir de nouvelles enzymes dégradant la biomasse (Hess *et al.*, 2011), puis la métatranscriptomique et la métagénomique ont été appliquées à l'étude de nombreux autres aspects : les émissions de méthane, les effets de la génétique dont la race et l'espèce hôte, de l'alimentation et des additifs alimentaires sur la composition du microbiome du rumen (Auffret *et al.*, 2017). Un autre progrès majeur rendu possible par la métagénomique est la reconstruction de génomes d'espèces inconnues à partir des séquences métagénomiques : ainsi chez le bovin, les génomes de 4 941 bactéries du rumen ont pu être assemblés à partir des métagénomomes (Stewart *et al.*, 2019). Alors que la métatranscriptomique nous renseigne sur la diversité et la capacité fonctionnelle au sein d'un microbiome (figure 2), la métatranscriptomique permet de faire un pas de plus vers la compréhension de son fonctionnement en donnant une vision globale des gènes transcrits (Li *et al.*, 2019a). Cette approche est

Figure 1. Les principaux microbiotes des ruminants caractérisés par l'abondance des différents phylums bactériens.

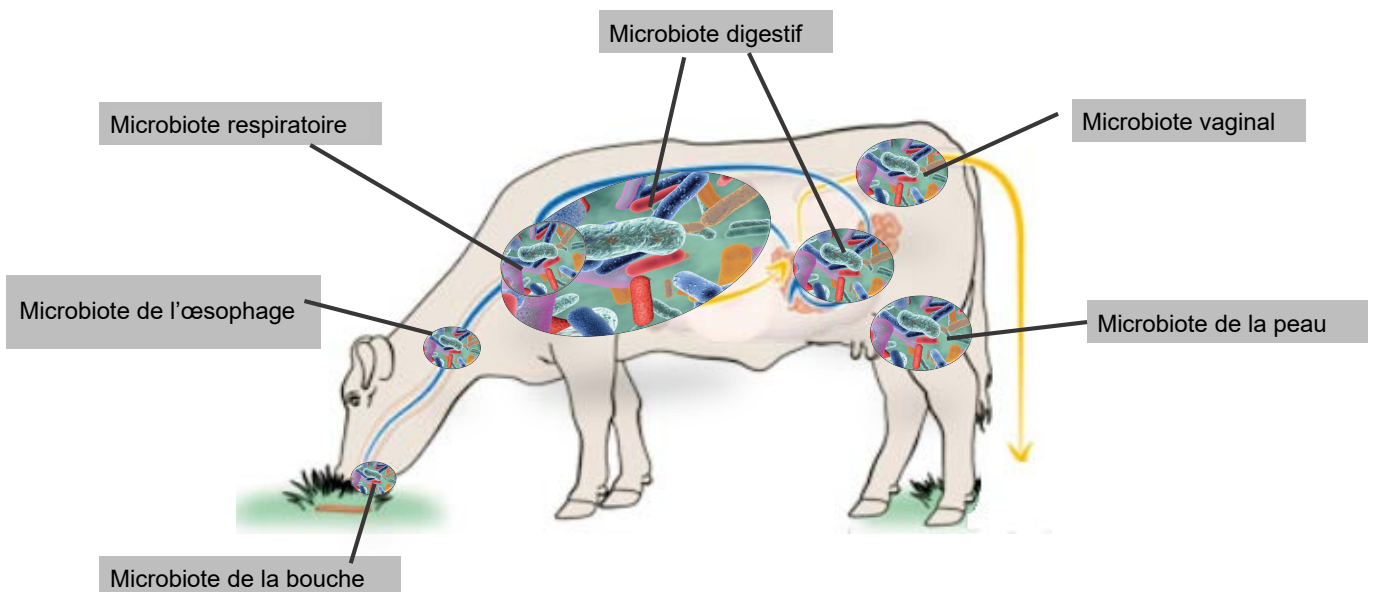
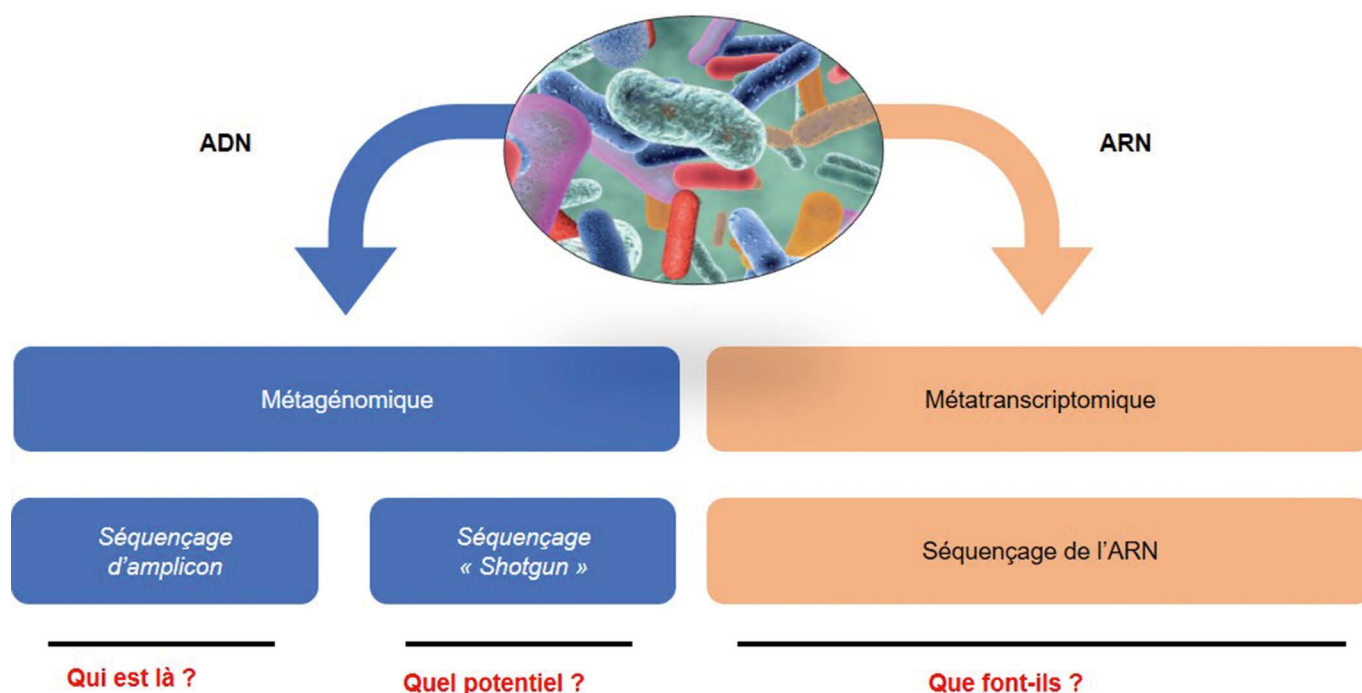


Figure 2. Les différentes méthodes d'analyses et leurs objectifs.



limitée par la difficulté d'extraire des ARN de bonne qualité et la durée de vie très courte des ARNm. Ces contraintes pourraient être levées par l'étude du métabolome, qui permet d'identifier les protéines réellement synthétisées (Honan et Greenwood, 2020). La métabolomique donnant accès aux métabolites primaires ou secondaires, intimement liés à la composition et au fonctionnement de l'écosystème microbien, complète ces approches « -omiques » (Morgavi *et al.*, 2015).

■ 1.2. Le microbiote ruminal

Le rumen comprend une population très dense et diversifiée de microbes englobant les trois domaines de la vie : les bactéries, les archées, les eucaryotes, auxquels s'ajoutent les virus, principalement les phages. Les bactéries sont prédominantes, avec 10^{10} à 10^{11} cellules par g de contenu ruminal et couvrent la plupart des fonctions métaboliques existantes dans le rumen. Les eucaryotes comprennent des protozoaires (10^6 cellules par g de contenu ruminal), qui représentent de 30 à 50 % de la biomasse microbienne du rumen, et des champignons (10^5 zoospores par g de contenu ruminal). Bactéries, protozoaires et champignons dégradent et fermentent les aliments ingérés et les

transforment en acides gras à chaîne courte (AGCC) et en CO_2 . Les archées (10^6 – 10^9 cellules par g de contenu ruminal) sont essentiellement méthanogènes et utilisent surtout du CO_2 et du H_2 produits par les autres microbes pour synthétiser le méthane. Les microorganismes du rumen ont développé diverses interactions entre eux pour assurer le fonctionnement efficace de la chaîne trophique permettant une transformation microbienne des composants végétaux en produits utiles pour l'animal hôte (majoritairement des AGCC et des protéines microbiennes, mais aussi des vitamines).

On estime à plus de 5 000 le nombre d'espèces bactériennes dans le rumen (Kim *et al.*, 2011), la majorité d'entre elles n'ayant pas de représentant cultivé. Ces espèces bactériennes appartiennent en grande majorité (environ 80 % des séquences) aux phylums des *Firmicutes* et *Bacteroidetes*. En comparant la phylogénie bactérienne dans plus de 700 échantillons, provenant de 32 espèces de ruminants de 35 pays, Henderson *et al.* (2015) ont identifié 7 groupes bactériens ubiquitaires, représentant 67 % de l'ensemble des séquences détectées : *Prevotella*, *Butyrivibrio*, *Ruminococcus*, et les non-classifiés *Lachnospiraceae*,

Ruminococcaceae, *Bacteroidales* et *Clostridiales*. Leurs proportions varient aussi en fonction de la fraction considérée : libres dans la phase liquide, attachées aux particules alimentaires ou à l'épithélium ruminal. Par des critères morphologiques classiques, plus de 25 genres de protozoaires ont été identifiés dans le rumen (Williams et Coleman, 1997) et 18 genres de champignons anaérobies (phylum *Neocallimastigomycota*, ordre *Neocallimastigales*) ont été décrits, mais ce nombre pourrait être encore étendu car des analyses métataxonomiques ont identifié des clades supplémentaires (Edwards *et al.*, 2017 ; Hess *et al.*, 2020). Le nombre total de genres et d'espèces eucaryotes du rumen est probablement encore sous-estimé. La diversité des archées méthanogènes du rumen se limite à quatre ordres, dont les espèces les plus fréquentes appartiennent aux genres *Methanobrevibacter* et *Methanosaera* (Morgavi *et al.*, 2010), et est hautement conservée parmi les 32 espèces de ruminants étudiées (Henderson *et al.*, 2015). Les phages (estimés jusqu'à 10^9 à 10^{10} /ml de contenu ruminal) présentent différents morphotypes, et appartiennent en majorité aux familles *Siphoviridae*, *Myoviridae* et *Podoviridae* (ordre *Caudovirales*). Ils jouent probablement

un rôle dans la dynamique des populations bactériennes *via* leur activité de lyse, participant ainsi au recyclage de nutriments (protéines, ADN) et permettent le transfert de matériel génétique (Gilbert *et al.*, 2020).

■ 1.3. Le microbiote intestinal

La fermentation microbienne prend aussi place dans les compartiments intestinaux du ruminant, en particulier dans le cæcum et le colon. En effet, les substrats qui ont échappé à la dégradation ruminale et à la digestion enzymatique duodénale, en particulier les glucides pariétaux et l'amidon, y sont fermentés (Plaizier *et al.*, 2018). Un microbiote très diversifié est présent dans tous les compartiments intestinaux, mais sa composition varie selon les segments considérés, et entre la lumière et la muqueuse. Les différences physiologiques, de pH, la présence abondante de mucus ainsi que sa composition, conduisent à un microbiote spécifique à chaque compartiment intestinal (Plaizier *et al.*, 2018). Encore peu d'études ont comparé la composition taxonomique du jéjunum, de l'iléon, du caecum, du colon et du rectum chez le bovin, la majorité des travaux ciblant les fèces, plus faciles à obtenir. De plus, la plupart de ces études s'intéresse à la colonisation du microbiote intestinal du jeune veau, essentielle à sa santé (Malmuthuge *et al.*, 2015). La richesse et la diversité des populations microbiennes de la partie distale du tube digestif sont plus faibles comparées à celles du rumen, le colon présentant la plus grande diversité bactérienne intestinale (Lopes *et al.*, 2019). Les variations de composition microbienne des différents compartiments intestinaux sont principalement dues aux conditions physico-chimiques (pH, potentiel redox, oxygène), à la disponibilité des nutriments et des sites d'adhésion, aux sécrétions de mucines et à l'exposition de l'intestin à des composés exogènes (Carbonero *et al.*, 2014).

Les phylums bactériens intestinaux majoritaires sont, comme dans le rumen, *Bacteroidetes*, *Firmicutes* et *Proteobacteria*, les *Firmicutes* étant particulièrement abondants (Mao

et al., 2015). Des séquences affiliées à des bactéries associées à la dégradation des glucides pariétaux (principalement représentées par les familles des *Lachnospiraceae* et des *Ruminococcaceae*) sont retrouvées tout au long du tractus digestif (Lopes *et al.*, 2019). On note aussi la présence d'archées méthanogènes et de champignons anaérobies. La communauté mucosale diffère de la communauté luminale, avec par exemple pour l'iléon du veau, une dominance des *Firmicutes* dans la lumière, et la présence de *Bacteroidetes*, *Firmicutes* et *Proteobacteria* au niveau de la muqueuse, incluant des genres spécifiques à cette région (Malmuthuge *et al.*, 2014). Ces différences sont retrouvées chez l'adulte (Mao *et al.*, 2015).

Au niveau fécal, une métaanalyse métataxonomique d'échantillons bovins a retrouvé les genres méthanogènes *Methanobrevibacter* et *Methanosphaera* dans plus de 99 % des échantillons, et pour les bactéries, une prévalence des genres *Prevotella* (*Bacteroidetes*) et *Ruminococcus* (Holman et Gzyl, 2019). *Alistipes*, *Bacteroides*, *Clostridium*, *Faecalibacterium* et *Escherichia/Shigella* étaient également associés aux fèces. Le microbiote fécal a l'avantage d'être aisément accessible, mais il ne représente spécifiquement ni le microbiote de l'intestin, ni celui de l'ensemble du tube digestif.

Il faut cependant noter que, comme pour le rumen, la structure des communautés intestinales (et fécales) varie d'une étude à l'autre mais aussi d'un individu à l'autre, et que différents facteurs tels que le régime alimentaire ou l'âge des animaux influencent fortement les résultats obtenus (Holman et Gzyl, 2019).

■ 1.4. Le microbiote de la peau de la mamelle

Au cours de la dernière décennie, le microbiote de la peau des trayons des vaches laitières a fait l'objet de nombreuses études (Verdier-Metz *et al.*, 2012 ; Doyle *et al.*, 2017 ; Frélin *et al.*, 2018 ; Andrews *et al.*, 2019) associant les méthodes culture-dépendantes et les approches basées sur le séquençage de

l'ADN. Il est depuis considéré comme un réservoir majeur de la diversité microbienne du lait cru (Doyle *et al.*, 2017). En effet, de nombreux genres détectés dans le lait cru sont également présents sur la peau des trayons. Pourtant, la majeure partie de ces publications traite du cas de la vache laitière contemporaine, pour laquelle, à chaque traite, les trayons sont recouverts d'antiseptiques à large spectre (au moins après la traite, et souvent avant). Ce n'est pas le cas des caprins, et surtout des ovins.

Cet écosystème est constitué de nombreux microorganismes (bactéries, virus et champignons, comprenant levures et moisissures), commensaux ou saprophytes pour la plupart, pathogènes pour certains (ruminant ou Homme). Près d'une centaine de genres bactériens a pu être identifiée. Si les espèces à coagulase négative du genre *Staphylococcus* sont largement représentées, les genres les plus fréquemment identifiés comprennent des bactéries à Gram positif telles que *Corynebacterium*, *Aerococcus*, *Enterococcus*, *Streptococcus*, *Turicibacter*, *Trichococcus*, *Eremococcus* et *Bifidobacterium*. Des bactéries à Gram négatif sont également présentes : *Romboutsia*, *Proteiniphilum* et *Psychrobacter*. Parmi ces différents groupes, seul le premier (*Staphylococcus*) et les quatre genres suivants sont potentiellement pathogènes pour la mamelle (de *Corynebacterium* à *Streptococcus*). Nombre de ces bactéries sont couramment retrouvées dans le lait et les produits laitiers, telles que *Aerococcus*, *Streptococcus*, *Bifidobacterium* ou *Corynebacterium*. Certaines seraient issues du tractus intestinal des animaux (*Bifidobacterium* ou *Proteiniphilum*), tandis que d'autres, comme *Rhizobium*, *Xanthomonas*, *Variovorax*, *Devosia* et *Stenotrophomonas*, sont habituellement rencontrées dans le sol (Doyle *et al.*, 2017). La communauté fongique de la peau des trayons est encore relativement peu étudiée. D'après Andrews *et al.* (2019), *Debaryomyces prosopidis* semble être l'espèce la plus abondante, observée dans 69 % des échantillons analysés par amplification de la région ITS1 de l'ARNr. Parmi les autres genres courants, ont été identifiés *Cryptococcus*, *Caecomyces*, *Penicillium* et *Rhodotorula*.

Chacun des microbiotes hébergés par l'animal présente des traits spécifiques en termes de composition taxonomique et de fonctionnalités. Cependant, la composition et les propriétés intrinsèques de ces microbiotes et la manière dont ils interagissent entre eux et avec leur hôte, varient en fonction de nombreux facteurs transversaux en particulier l'environnement, dont l'alimentation, et la génétique de leur hôte.

2. Les principaux facteurs de variation

Les microbiotes digestifs sont principalement affectés par l'alimentation, la génétique et l'âge des animaux. Le microbiote de la peau des trayons de la vache laitière est, quant à lui, un carrefour des transferts microbiens entre les différents environnements de la ferme et le lait. Il est affecté par le processus de traite, y compris la nature des matières actives appliquées sur les trayons au moment de la traite, et par les conditions environnementales générales de l'exploitation.

■ 2.1. L'environnement

Les fourrages, le pâturage, les litières, les bouses, les microorganismes aéroportés dans les bâtiments, l'eau, ainsi que la machine à traire et les pratiques associées sont autant de sources potentielles de microorganismes susceptibles de contaminer le trayon (peau et/ou canal) des animaux et le lait ou d'impacter le microbiote digestif.

Les conditions de logement des animaux semblent jouer un rôle central dans la composition microbienne de la peau des trayons. En effet, des différences de diversité bactérienne d'échantillons de lait, de fèces et de surface de trayons ont été mises en évidence selon le mode de conduite des animaux, en bâtiment ou au pâturage (Doyle *et al.*, 2017). D'autres facteurs inhérents aux modes d'hébergement des animaux sont à considérer, tels que le type de litière ou la saison. L'influence du type de litière sur la charge microbienne en surface des trayons a été démontrée (Rowbotham et Ruegg,

2016 ; Guarín *et al.*, 2017), ainsi que la plus grande diversité des profils microbiens de l'apex de trayons prélevés pendant l'hiver comparés à ceux prélevés l'été (Derakhshani *et al.*, 2018). Par ailleurs, si les populations microbiennes identifiées dans le lait de citerne de vaches primipares logées sur du sable neuf ou recyclé semblent comparables, elles diffèrent de celles d'animaux logés sur de la sciure ou du fumier (Metzger *et al.*, 2018). Les sources microbiennes pouvant conduire à une contamination accidentelle par des bactéries pathogènes étant nombreuses, les pratiques de traite sont souvent choisies pour les éliminer sans tenir compte des réservoirs potentiels en microorganismes utiles (Rowbotham et Ruegg, 2016). L'application de procédures d'hygiène drastiques (nettoyage des trayons pré et/ou post-traite, avec ou sans désinfection des trayons, nettoyage et décontamination de la machine à traire) peut réduire de 2,6 log(ufc/ml) les niveaux microbiens sur la peau des trayons (Rowbotham et Ruegg, 2016 ; Guarín *et al.*, 2017). En particulier, une hygiène de traite intensive serait associée à des niveaux plus faibles de bactéries Gram-positives catalase-positives et de levures (Monsallier *et al.*, 2012). D'autres pratiques, comme la monotraite ou la traite robotisée, ainsi que l'antibiothérapie intra-mammaire, les obturateurs externes voire internes des trayons, pourraient également être associées à des modifications qualitatives ou quantitatives de certains microbiotes commensaux et/ou opportunistes de la peau des trayons, et par conséquent du lait.

■ 2.2. La composition de la ration chez l'adulte

L'alimentation est le facteur de variation le plus important du microbiote ruminal (Malmuthuge et Guan, 2017). L'alimentation modifie également le microbiote intestinal.

En élevage, l'élément de la ration qui a le plus de répercussion est le ratio fourrages/concentrés. Fréquemment, les vaches laitières reçoivent une alimentation riche en céréales pour satisfaire leurs besoins énergétiques élevés. Généralement, dans le rumen,

on observe une augmentation des bactéries amylolytiques (par exemple *Streptococcus bovis*, *Ruminobacter amylophilus*) avec les rations riches en concentrés et à l'opposé des bactéries fibrolytiques (comme par exemple *Fibrobacter succinogenes*, *Butyrivibrio fibrisolvens*) avec des rations riches en fourrages. Au sein de ces deux grands groupes fonctionnels de bactéries, il existe des variations de réponse en fonction de la nature des fourrages et des concentrés. Par exemple dans le rumen, une ration riche en amidon peut être associée à une augmentation importante de la population de *Lactobacillus* (Zened *et al.*, 2013). Plus globalement, l'effet principal d'une ration riche en céréales est une baisse de la diversité des bactéries, associée à une diminution marquée des populations de protozoaires et de champignons (Ishaq *et al.*, 2017). Le microbiote du gros intestin est aussi modifié par des rations riches en céréales (Plaizier *et al.*, 2017). Ce type de ration provoque dans certains cas une acidose ruminale et intestinale qui altère les fonctionnalités du microbiote digestif, diminue l'utilisation des nutriments de la ration et peut parfois déclencher des réponses inflammatoires (Plaizier *et al.*, 2008). Au-delà de ces phénomènes inflammatoires, ce type de ration favoriserait certaines bactéries pathogènes pour la mamelle (Zhang *et al.*, 2015), et pourrait, directement ou indirectement, modifier le microbiote de la peau des mamelles. Par ailleurs, Frétin *et al.* (2018) ont mis en évidence des différences d'abondance de taxons bactériens (regroupement de bactéries sur la base de leurs relations phylogénétiques) en surface des trayons des vaches laitières selon si la conduite au pâturage avait lieu avec ou sans concentrés ajoutés : le genre *Clostridium* plus abondant sur les trayons des animaux en système semi-extensif, pourrait provenir des fèces ; il pourrait être favorisé par la distribution de concentrés.

Le deuxième grand facteur de variation du microbiote ruminal et de son activité sont les acides gras polyinsaturés présents dans les fourrages ou les concentrés, potentiellement toxiques pour certaines bactéries (Enjalbert *et al.*, 2017). En outre, l'effet des acides gras

insaturés est fonction de la teneur en amidon de la ration (Zened *et al.*, 2013).

Les probiotiques sont également capables de modifier le microbiote ruminal et intestinal. Les plus étudiées chez les ruminants sont les levures. Celles-ci peuvent privilégier certaines populations de bactéries, champignons et protozoaires (Ishaq *et al.*, 2017).

Enfin d'autres substances en particulier d'origine végétale sont de potentiels modulateurs mais leur efficacité/innocuité reste à prouver pour nombre d'entre elles. On peut néanmoins citer les tanins qui se montrent assez efficaces (Buccioni *et al.*, 2017 ; Corrêa *et al.*, 2020).

■ 2.3. La génétique de l'hôte

Chez les ruminants, le contrôle génétique du microbiote par l'hôte est encore assez méconnu, bien moins détaillé que chez l'Homme où des liens entre génétique de l'hôte, microbiote digestif et santé, en particulier, sont clairement établis. Néanmoins des études très récentes, centrées sur le microbiote ruminal chez les bovins (Li *et al.*, 2019 ; Wallace *et al.*, 2019 ; Zhang *et al.*, 2020) et les ovins (Rowe *et al.*, 2015 ; Marie-Etancelin *et al.*, 2018) rapportent l'existence d'un contrôle génétique des communautés microbiennes, que ce soit en productions laitières ou allaitantes. Chez les ovins, dès 2015, Rowe *et al.* (2015) ont démontré l'existence d'un déterminisme génétique de la communauté microbienne en synthétisant la variabilité de celle-ci à l'aide d'une analyse de correspondance. Des estimations d'héritabilité d'abondances de taxons bactériens ont ensuite été publiées : selon les auteurs, 22 % des genres bactériens, 59 taxons bactériens ou 39 OTUs (« *Operational Taxonomic Unit* », *i.e.* regroupement de séquences d'ARN 16S sur la base de leur similarité) présentent des héritabilités significatives respectivement supérieures à 0,10, 0,15 ou 0,20 (Marie-Etancelin *et al.*, 2018 ; Li *et al.*, 2019 ; Wallace *et al.*, 2019). Deux de ces auteurs rapportent une indépendance entre le niveau d'abondance de ces OTUs ou taxons et leur niveau d'héritabilité ; aussi des OTUs même faiblement abondants

peuvent être héritables. Contrairement aux bactéries membres du phylum *Bacteroidetes* très affectées par les facteurs d'environnement, les bactéries du genre *Ruminococcus* semblent fortement associées à la génétique de l'hôte (Li *et al.*, 2019) : la grande diversité de ces *Ruminococcus* et de leurs modèles d'association avec l'hôte suggère l'existence de relations de co-évolutions entre *Ruminococcus* et son hôte (La Reau *et al.*, 2016). De plus, ces OTUs héritables semblent co-agir entre eux (plus que les OTUs non héritables), et sont en grande partie liés aux acides gras ruminiaux produits de la fermentation ruminale, principalement l'acétate et le propionate (Wallace *et al.*, 2019). L'existence d'un déterminisme génétique des indices de diversité semble en revanche controversée. Une seule analyse d'association pangénomique entre des marqueurs du génome de l'hôte et l'abondance des taxons microbiens du rumen a été publiée (Li *et al.*, 2019). Dix-neuf QTL situés sur 12 chromosomes bovins ont été associés à 14 taxons bactériens dont 12 avaient été identifiés comme héritables ; ni les indices de diversité, ni les abondances d'archées n'ont présenté de QTL. Comme proposé par Difford *et al.* (2018), il serait souhaitable de prendre en compte simultanément les contributions du métagénome du microbiote et du génome de l'hôte dans l'analyse de la variabilité des caractères d'intérêt chez les ruminants, sachant que le microbiote est lui-même sous la dépendance des gènes de l'hôte. Des études postérieures (Zhang *et al.*, 2020) ont illustré l'utilité d'inclure à la fois des informations microbiennes et génétiques de l'hôte pour mieux comprendre les caractères complexes.

■ 2.4. L'influence de pratiques alimentaires dans le jeune âge

Chez les ruminants, le tube digestif est stérile, peu développé et non fonctionnel à la naissance mais il est très rapidement colonisé et les fonctions digestives se mettent en place progressivement (Fonty et Chaucheyras-Durand, 2007). Tous les travaux menés sur le jeune s'accordent à dire que la richesse et la diversité augmentent avec l'âge et le microbiote devient

plus mature et plus stable avec le temps (Malmuthuge et Guan, 2017). Par exemple, la dynamique de mise en place du microbiote ruminal chez les jeunes est liée à l'âge et au changement de régime alimentaire. Elle pourrait être divisée en trois étapes chez le veau (Rey *et al.*, 2014).

Les 2 à 3 premiers jours de vie correspondent à une phase initiale de colonisation par des bactéries essentiellement anaérobies facultatives (*Proteobacteria* à plus de 50 %) ; celles-ci vont avoir un rôle important dans la mise en place du milieu ruminal, notamment pour les populations strictement anaérobies (Fonty et Chaucheyras-Durand, 2007). Gomez-Arango *et al.* (2017) soulignent le rôle important que joue la mère dans l'inoculation microbienne à travers différentes matrices (vagin, fèces, peau, salive, colostrum).

La deuxième phase arrive après 3 jours de vie avec le passage à l'aliment d'allaitement ou au lait maternel. Durant cette phase, un changement important de la communauté bactérienne a lieu. Les bactéries anaérobies strictes dominent, les premières archées s'installent ensuite, puis les premiers champignons à 10 jours d'âge (Fonty et Chaucheyras-Durand, 2007). Après la phase colostrale, la colonisation bactérienne est très différente d'un individu à l'autre. Ceci est probablement dû à une communauté pionnière variable qui se met en place dès la naissance, préparant différemment l'écosystème pour l'implantation du microbiote anaérobie (Jami *et al.*, 2013).

La dernière étape de colonisation se situe entre 14 jours et le sevrage (70 jours en moyenne). Elle dépend de l'ingestion d'aliment solide, de l'âge au sevrage et de la présence ou pas d'animaux adultes (Rey *et al.*, 2014). Les protozoaires vont s'installer durant cette phase à partir de 21 jours d'âge (Fonty et Chaucheyras-Durand, 2007). Par exemple, des études réalisées sur des veaux (Meale *et al.*, 2016) et sur des chevreaux (Abecia *et al.*, 2017) nourris avec un aliment d'allaitement montrent que le genre *Bacteroides* diminue fortement avec l'introduction de céréales dans le régime. Anderson

et al. (1987) ont montré que l'introduction d'aliments solides chez des veaux sevrés à 4 semaines favorisait une plus grande abondance microbienne dans le rumen par rapport à des veaux sevrés à 6 semaines sans introduction d'aliments solides.

Il existe donc un effet important de l'âge de l'animal jusqu'au sevrage sur le microbiote digestif, ainsi que de l'alimentation. Piloter le microbiote et son implantation dans le tube digestif, juste après la naissance des animaux, pourrait être une piste pour programmer le microbiote et l'orienter (Malmuthuge et Guan, 2017).

3. Les principaux liens avec les caractères d'intérêt pour les éleveurs

Les rations riches en concentrés sont à l'origine d'une modification importante des microbiotes conduisant à une potentielle altération de l'efficacité alimentaire, du bien-être et de la santé des animaux (acidose). Parallèlement à l'acidose, d'autres troubles digestifs (diarrhées d'origines infectieuse ou non) voire extra-digestifs (boiteries), peuvent être liées à des altérations des équilibres microbiens (ou dysbiose) au sein du tractus digestif. Toute dysbiose intestinale peut en particulier influencer la susceptibilité de l'hôte aux infections (Malmuthuge et Guan, 2017). Enfin, au-delà du lien étroit existant entre efficacité alimentaire et microbiotes digestifs, ceux-ci influent sur les émissions de rejets polluants pour l'environnement et la qualité des productions animales.

■ 3.1. Microbiotes et santé

Comme évoqué ci-dessus, l'acidose induite par les rations riches en concentrés peut provoquer une dysbiose caractérisée par une diminution de la richesse et de la diversité du microbiote ruminal, voire intestinal (Mao et al., 2013 ; Khafipour et al., 2016). Elle est marquée par une réduction de l'abondance de taxons ayant un effet bénéfique pour l'hôte et, a contrario, l'augmentation de l'abondance de bactéries ayant un effet défavorable

voire pathogène (Plaizier et al., 2018). Plusieurs auteurs rapportent qu'avec ce type de ration, l'abondance relative des *Firmicutes* augmente au détriment de celle des *Bacteroidetes* (Mao et al., 2013 ; Plaizier et al., 2017), ce qui ne serait pas favorable d'un point de vue fonctionnel (El Kaoutari et al., 2013). Cependant, comme pour l'homme (Mondot et Lepage, 2016), la signification du ratio entre *Firmicutes* et *Bacteroidetes* pour diagnostiquer des problèmes de santé requiert plus d'études. Par ailleurs, dans certaines publications (Li et al., 2011 ; Plaizier et al., 2017), on voit apparaître une augmentation de certaines souches potentiellement pathogènes d'*Escherichia coli* qui déclenchent une réponse inflammatoire dans ces conditions ruminales (Khafipour et al., 2011). Les effets de l'acidose sur la composition du microbiote diffèrent entre les études et même entre les vaches au sein d'une même étude. Zaneveld et al. (2008) expliquent ces différences par une coévolution permanente de l'hôte et du microbiote. Différentes stratégies de prévention de l'acidose ont été testées et semblent prometteuses. Elles consistent pour la plupart à augmenter dans la ration la part de glucides pariétaux pour favoriser la communauté fibrolytique, mais également à ajouter des compléments alimentaires et des additifs, comme les tampons et les probiotiques (Plaizier et al., 2018). Enfin, une alimentation riche en concentrés serait associée à une proportion plus élevée dans le lait de certaines bactéries opportunistes telles que *Stenotrophomonas maltophilia*, *Streptococcus parauberis* et *Brevundimonas diminuta* (Zhang et al., 2015).

Le veau nouveau-né est fréquemment infecté par différents agents pathogènes entériques conduisant à des diarrhées plus ou moins sévères, responsables de pertes économiques importantes (Cho et Yoon, 2014). Or au niveau intestinal, il existe un lien marqué entre les dysbioses et les diarrhées ou la présence de pathogènes. Par exemple, des veaux nouveau-nés infectés par des cryptosporidies ont un microbiote fécal enrichi en *Fusobacterium* (Ichikawa-Seki et al., 2019). De même, chez des veaux en feedlot, une diarrhée hémorragique est associée à une dysbiose du

microbiote fécal (Zeineldin et al., 2018). Dans ces exemples, il n'est pas possible de savoir si la dysbiose observée est la cause ou la conséquence de la maladie, mais une augmentation des *Proteobacteria*, et en particulier des *Enterobacteriaceae*, dans le microbiote fécal semble être aussi la signature de diverses maladies et états diarrhéiques chez l'Homme et chez l'animal monogastrique (Shin et al., 2015). Des stratégies nutritionnelles n'utilisant pas d'antibiotiques sont développées pour lutter contre les affections entériques, en particulier l'utilisation de probiotiques pour orienter le microbiote intestinal au bénéfice de la santé de l'animal (Plaizier et al., 2018).

Il existe également un lien entre le microbiome des ruminants et le risque de mammites. Le type de litière, par exemple, semble influencer sur l'exposition de la peau des trayons aux microorganismes pathogènes associés aux mammites (Rowbotham et Ruegg, 2016). En outre, des études récentes (Falentin et al., 2016 ; Derakhshani et al., 2020) ont montré que la communauté bactérienne du canal des trayons des bovins laitiers varie en fonction des antécédents de mammites de l'animal : les quartiers sains présentaient des profils taxonomiques différents de ceux ayant déjà développé une mammité. Rappelons que les mammites cliniques s'ensuivent d'une antibiothérapie, en particulier locale ; celle-ci est susceptible de contribuer à la sélection de bactéries résistantes présentes dans le canal du trayon, et/ou à modifier la diversité bactérienne. Par ailleurs, les mammites subcliniques ovines semblent être associées à l'augmentation significative dans le lait de certains genres microbiens habituels de la glande mammaire et à une réduction concomitante de sa diversité microbienne (Esteban-Blanco et al., 2020). Enfin, la comparaison de brebis laitières appartenant à des lignées divergentes pour la susceptibilité aux mammites a mis en évidence une augmentation significative de l'abondance de 4 genres de bactéries ruminales (*Olsenella*, *Prevotella 1*, *Prevotellaceae Ga6a1*, *Syntrophococcus*) chez les animaux les plus susceptibles aux infections mammaires (Marie-Etancelin et al., 2018).

La pathologie mammaire en général, et les mammites en particulier, ont un impact de premier ordre sur le bien-être animal. En effet, les mammites représentent l'affection la plus fréquente en élevage laitier chez les trois espèces de ruminants les plus répandues (bovin, ovin et caprin), tout particulièrement chez la vache. De plus, une partie des infections mammaires, variable en fonction de l'espèce hôte, est à l'origine de tableaux cliniques aigus à suraigus.

■ 3.2. Microbiotes et environnement

Le secteur de l'élevage représente une source importante de gaz à effet de serre (GES) dans le monde. Ce secteur émet environ 14,5 % du total des émissions anthropiques mondiales de GES (Gerber *et al.*, 2013) et le méthane entérique (d'origine principalement ruminale) produit essentiellement par les ruminants en représente 44 %. Le CH₄ est un coproduit naturel, résultant de la dégradation microbienne des aliments dans le rumen, permettant de recycler l'hydrogène produit par les fermentations. Ce phénomène est indispensable car l'accumulation d'hydrogène aurait des effets négatifs sur les fermentations.

Des tentatives ont été faites pour réduire la production de méthane dans le rumen en utilisant plusieurs stratégies (Morgavi *et al.*, 2010 ; Martin *et al.*, 2010 ; Huws *et al.*, 2018). La plupart d'entre elles n'est pas largement utilisée en raison d'une faible efficacité, d'une mauvaise sélectivité, de la toxicité des produits chimiques envers l'animal ou encore du développement d'une résistance microbienne aux composés anti-méthanogènes. Un certain nombre de ces approches cible le métabolisme du H₂ en diminuant les producteurs de H₂ tels que les protozoaires, mais très peu d'entre-elles visent à augmenter les voies de consommation de H₂ autres que la méthanogenèse.

Rowe *et al.* (2015) rapportent des corrélations génétiques significatives entre les communautés microbiennes ruminales et les émissions de méthane. Ramayo-Caldas *et al.* (2019) ont identifié un ruminotype composé de 86 OTUs associé avec une augmentation des

émissions de méthane. Ces OTUs expliquent 24 % de la variance phénotypique de la quantité de méthane produit, tandis que la contribution du génome de l'hôte est estimée à 14 %.

Par ailleurs, les pertes d'azote dans les fèces et l'urine des ruminants peuvent présenter jusqu'à 90 % de l'azote consommé par l'animal ce qui pose un problème vis-à-vis de l'équilibre de la ration, mais aussi environnemental dans certaines régions de production (Dijkstra *et al.*, 2013). Ces pertes sont particulièrement liées à l'importante activité protéolytique des microbes du rumen produisant de l'ammoniaque ; celui-ci n'est pas totalement réutilisé pour la synthèse de protéines microbiennes et est ensuite excrété par l'animal, modulant la digestibilité et l'utilisation métabolique de l'azote. Des rations alimentaires respectant au mieux les recommandations tenant compte de la physiologie de l'animal sont la meilleure solution pour diminuer les rejets azotés.

Enfin, le microbiote ruminal produit des phytases permettant de valoriser efficacement le phosphore d'origine végétale et donc de limiter sa teneur dans les déjections de ruminants.

■ 3.3. Microbiotes et efficacité alimentaire

Le microbiote ruminal est fortement lié aux performances des animaux et à leur ingestion, et contribuerait à de nombreux phénotypes (Xue *et al.*, 2018) pour lesquels des modèles prédictifs incluant le microbiote ruminal ont été proposés (Gleason et White, 2018). Le microbiote ruminal dépend fortement de la quantité de matière sèche ingérée et de l'efficacité alimentaire des animaux (Delgado *et al.*, 2019) : par exemple, le genre *Prevotella* a une abondance relative plus élevée dans le rumen des vaches laitières les plus efficaces. Néanmoins, l'abondance de ce genre n'est que très faiblement corrélée aux paramètres d'efficacité alimentaire mesurés par les auteurs. Ainsi, Malmuthuge et Guan (2017) ont rapporté dans leur synthèse que les relations entre le microbiote ruminal d'une part, et la production laitière et

l'efficacité alimentaire d'autre part, sont encore incertaines car de nombreuses études se contredisent. Par exemple, le genre *Prevotella* peut être corrélé négativement ou positivement à ces deux paramètres. L'une des raisons possibles à ces différences est que les auteurs utilisent la plupart du temps des faibles tailles d'échantillons. L'autre raison provient de la multiplicité des approches statistiques utilisées, dont certaines sont inadaptées à ces données de comptage microbien.

À l'aide d'une base de données issues de plus de 700 bovins, Li *et al.* (2019) ont montré que la plupart des taxons microbiens identifiés comme héréditaires, contribuent fortement à expliquer les variations de l'indice de consommation et de la matière sèche ingérée, mais peu ou pas les variations du critère composite qui est la consommation résiduelle. Dès 2016 *via* une approche métagénomique, Roehe *et al.* (2016) indiquaient que pour prédire 85 % des variations de l'indice de consommation, il fallait prendre en compte les abondances relatives de 49 gènes microbiens du rumen. Cependant, si l'approche métagénomique mise en œuvre par Roehe *et al.* (2016) est d'intérêt car permettant d'accéder à des aspects plus proches du fonctionnel du microbiote que l'approche métataxonomique utilisée par Li *et al.* (2019), le faible nombre d'animaux pouvant être étudiés (n = 8) du fait du coût de la technique, limite la transposition des conclusions et reste incompatible avec des approches génétiques à grande échelle.

■ 3.4. Microbiotes et qualité des produits

Les microbiotes peuvent influencer sur les différentes composantes de la qualité d'un produit : organoleptiques, technologiques, sanitaires et nutritionnelles. Pour exemple, nous nous intéressons au produit le plus largement étudié, à savoir le lait. Une récente étude (Carafa *et al.*, 2020) a montré que les niveaux microbiens des laits d'alpage sont significativement plus élevés que ceux des laits issus de prairies permanentes de plaine. De nombreuses souches appartenant à des espèces

bien connues pour leurs activités technologiques ou probiotiques ont été isolées dans le lait d'alpage (20 % de *Lactococcus lactis* subsp. *lactis/cremoris*, 18 % de *Lactobacillus paracasei*, 14 % de *Bifidobacterium crudilactis* et 18 % de *Propionibacterium* sp.) contre 16, 6, 2 et 5 % respectivement dans le lait de plaine. De plus, le lait de montagne présentait une réduction significative des *Pseudomonas* et une augmentation des genres *Lactococcus*, *Bifidobacterium* et *Lactobacillus*. De la même manière, le système de pâturage (pâturage exclusif vs pâturage + concentrés) des vaches laitières est associé, via le trayon, au microbiote du lait et du fromage dont il est issu (Frétin *et al.*, 2018) : 85 % des OTUS identifiés dans le lait cru et 27 % de ceux identifiés dans le fromage affiné ont été trouvés sur la peau des trayons. Les voies et les facteurs de dissémination de germes pathogènes alimentaires de l'animal et de son environnement au lait, ont fait l'objet de nombreuses études. La mamelle (surface des trayons, glande) est considérée comme un réservoir de germes pathogènes (*S. aureus*; Rainard *et al.*, 2018) ou un vecteur de ceux-ci (*Listeria monocytogenes*, *Escherichia coli* producteurs

de shigatoxines; Frémaux *et al.*, 2006; Castro *et al.*, 2018). Mais rares sont les études qui explorent les déterminants des équilibres entre les microbiotes commensaux et les pathogènes pour le consommateur. Monsallier *et al.* (2012) ont montré que certaines pratiques, comme l'utilisation de litière de paille et une hygiène de traite modérée (nettoyage du trayon avant la traite, au lieu d'une désinfection systématique), tendent à réduire les agents pathogènes et à préserver les populations microbiennes d'intérêt technologique.

Enfin, il est à noter que le profil en acides gras du lait, qui module la texture et les propriétés nutritionnelles des matières grasses du lait, est très dépendant du phénomène de biohydrogénation réalisé par les bactéries ruminales (Enjalbert *et al.*, 2017). Par exemple, lorsque la voie de biohydrogénation en trans-11 est inhibée dans le rumen, les acides vaccénique et ruménique diminuent dans le lait des vaches (Kaleem *et al.*, 2018). Or, ces acides gras présenteraient des propriétés intéressantes pour le consommateur humain (Troegeler-Meynadier et Enjalbert, 2005). Il en va de même pour la viande.

Conclusion

Les microbiotes des ruminants sont composés de bactéries, d'archées, d'eucaryotes et de virus. Les bactéries sont les plus nombreuses et les plus impliquées dans les rôles biologiques des microbiomes; elles sont aussi les plus étudiées. Les archées participent essentiellement à la méthanogenèse dans le tube digestif. Les eucaryotes sont minoritaires, mais leur rôle exact est encore peu connu et leur importance au sein des écosystèmes reste à préciser. Les virus sont quant à eux, très peu connus. Actuellement, les études des effets des microbiotes sur leur hôte concernent presque uniquement les relations avec la santé des animaux, et pour les microbiotes digestifs, les performances de production et l'efficacité alimentaire. Par ailleurs, la présente synthèse souligne l'importance des facteurs environnementaux et individuels, avec des leviers potentiels à utiliser en élevage : alimentation, hygiène des pratiques, conduite des animaux, génétique et âge. Ces facteurs interagissent dans un élevage; une approche globale devra être développée pour proposer aux éleveurs des solutions intégrées.

Références

- Abecia L., Jiménez E., Martínez-Fernandez G., Martín-García A.I., Ramos-Morales E., Pinloche E., Denman S.E., Newbold C.J., Yáñez-Ruiz D.R., 2017. Natural and artificial feeding management before weaning promote different rumen microbial colonization but not differences in gene expression levels at the rumen epithelium of newborn goats. *PLoS One*, 12, e0182235.
- Alipour M.J., Jalanka J., Pessa-Morikawa T., Kokkonen T., Satokari R., Hynönen U., Livanainen A., Niku M., 2018. The composition of the perinatal intestinal microbiota in cattle. *Sci. Rep.*, 8, 10437.
- Anderson K., Nagaraja T., Morrill J., 1987. Ruminal metabolic development in calves weaned conventionally or early. *J. Dairy Sci.*, 70, 1000-1005.
- Andrews T., Neher D.A., Weicht T.R., Barlow J.W., 2019. Mammary microbiome of lactating organic dairy cows varies by time, tissue site, and infection status. *PLoS One*, 14, e0225001.
- Auffret M.D., Stewart R., Dewhurst R.J., Duthie C.A., Rooke J.A., Wallace R.J., Freeman T.C., Snelling T.J., Watson M., Roeh R., 2017. Genetic capacities and potential mechanisms within the rumen microbiome explaining differences in beef cattle feed efficiency. *Front. Microbiol.*, 8, 2642.
- Bergman E.N., 1990. Energy contributions of volatile fatty acids from the gastrointestinal tract in various species. *Physiol. Rev.*, 70, 567-590.
- Borrel G., Parisot N., Harris H., Peyretailade E., Gaci N., Tottey W., Bardot O., Raymann K., Gribaldo S., Peyret P., O'Toole P., Brugère J.F., 2014. Comparative genomics highlights the unique biology of Methanomassiliicoccales, a Thermoplasmatales-related seventh order of methanogenic archaea that encodes pyrrolysine. *BMC Genomics*, 15, 679.
- Buccioni A., Pallara G., Pastorelli R., Bellini L., Cappucci A., Mannelli F., Minieri S., Roscini V., Rapaccini S., Mele M., Giovannetti L., Viti C., Pauselli M., 2017. Effect of dietary chestnut or quebracho tannin supplementation on microbial community and fatty acid profile in the rumen of dairy ewes. *Biomed. Res. Int.*, 2017, 4969076.
- Carafa I., Navarro I.C., Bittante G., Tagliapietra F., Gallo L., Tuohy K., Franciosi E., 2020. Shift in the cow milk microbiota during alpine pasture as analyzed by culture dependent and high-throughput sequencing techniques. *Food Microbiol.*, 91, 103504.
- Carbonero F., Oakley B.B., Purdy K.J., 2014. Metabolic flexibility as a major predictor of spatial distribution in microbial communities. *PLoS One*, 9, e85105.
- Castro H., Jaakkonen A., Hakkinen M., Korkeala H., Lindström M., 2018. Occurrence, persistence, and contamination routes of *Listeria monocytogenes* genotypes on three Finnish dairy cattle farms: a longitudinal study. *Appl. Environ. Microbiol.*, 84, 1-14.
- Cho Y.I., Yoon K.J., 2014. An overview of calf diarrhea – infectious etiology, diagnosis, and intervention. *J. Vet. Sci.*, 15, 1-17.
- Corrêa P.S., Mendes L.W., Lemos L.N., Cruzoulon P., Niderkorn V., Hoste H., Costa-Júnior L.M., Tsai S.M., Faciola A.P., Abdalla A.L., Louvandini H., 2020. Tannin supplementation modulates the composition and function of ruminal microbiome in lambs infected with gastrointestinal nematodes. *FEMS Microbiol. Ecol.*, 96. <https://doi.org/10.1093/femsec/fiaa024>
- Creevey C.J., Kelly W.J., Henderson G., Leahy S.C., 2014. Determining the culturability of the rumen bacterial microbiome. *Microb. Biotechnol.*, 7, 467-479.
- Delgado B., Bach A., Guasch I., González C., Elcoso G., Pryce J.E., Gonzalo-recio O., 2019. Whole rumen metagenome sequencing allows classifying and predicting feed efficiency and intake levels in cattle. *Sci. Rep.*, 9, 1-13.

- Derakhshani H., Fehr K.B., Sepehri S., Francoz D., De Buck J., Barkema H.W., Plaizier J.C., Khafipour E., 2018. Invited review: Microbiota of the bovine udder: contributing factors and potential implications for udder health and mastitis susceptibility. *J. Dairy Sci.*, 101, 10605-10625.
- Derakhshani H., Plaizier J.C., De Buck J., Barkema H.W., Khafipour E., 2020. Composition and co-occurrence patterns of the microbiota of different niches of the bovine mammary gland: potential associations with mastitis susceptibility, udder inflammation, and teat-end hyperkeratosis. *Anim. Microbiome*, 2, 11.
- Difford G.F., Pichtal D.R., Løvendahl P., Lassen J., Noell S.J., Højberg O., Wright A.D.G., Zhu Z., Kristensen L., Nielsen H.B., GuldbRANDtsen B., Sahana G., 2018. Host genetics and the rumen microbiome jointly associate with methane emissions in dairy cows. *PLoS Genet.*, 14, e1007580.
- Dijkstra J., Reynolds C.K., Kebreab E., Bannink A., Ellis J.L., France J., van Vuuren A.M., 2013. Challenges in ruminant nutrition: towards minimal nitrogen losses in cattle. In: *Energy and Protein Metabolism and Nutrition in sustainable animal production*. Oltjen JW, Kebreab E, Lapierre H. (Eds). 47-58.
- Doyle C.J., Gleeson D., O'Toole P.W., Cotter P.D., 2017. Impacts of seasonal housing and teat preparation on raw milk microbiota: A high-throughput sequencing study. *Appl. Environ. Microbiol.*, 83, 1-12.
- Edwards J.E., Forster R.J., Callaghan T.M., Dollhofer V., Dagar S.S., Cheng Y., Chang J., Kittelmann S., Fliegerova K., Puniya A.K., Henske J.K., Gilmore S.P., O'Malley M.A., Griffith G.W., Smidt H., 2017. PCR and omics based techniques to study the diversity, ecology and biology of anaerobic fungi: insights, challenges and opportunities. *Front. Microbiol.*, 8, 1657.
- El Kaoutari A., Armougoum F., Gordon J.I., Raoult D., Henrissat B., 2013. The abundance and variety of carbohydrate-active enzymes in the human gut microbiota. *Nat. Rev. Microbiol.*, 11, 497-504.
- Enjalbert F., Combes S., Zened A., Meynadier A., 2017. Rumen microbiota and dietary fat: a mutual shaping. *J. Appl. Microbiol.*, 123, 782-797.
- Esteban-Blanco C., Gutiérrez-Gil B., Puente-Sánchez F., Marina H., Tamames J., Acedo A., Arranz J.J., 2020. Microbiota characterization of sheep milk and its association with somatic cell count using 16s rRNA gene sequencing. *J. Anim. Breed. Genet.*, 137, 73-83.
- Falentin H., Rault L., Nicolas A., Bouchard D.S., Lassalas J., Lambert P., Aubry J.M., Marnet P.G., Le Loir Y., Even S., 2016. Bovine teat microbiome analysis revealed reduced alpha diversity and significant changes in taxonomic profiles in quarters with a history of mastitis. *Front. Microbiol.*, 7, 1-14.
- Firkins J.L., Yu Z., Park T., Plank J.E., 2020. Extending burk dehority's perspectives on the role of ciliate protozoa in the rumen. *Front. Microbiol.*, 11, 123-123.
- Fonty G., Chaucheyras-Durand F., 2007. Les écosystèmes digestifs. In: *Les Communautés microbiennes du tube digestif des mammifères : Diversité et structure*. Tec&Doc Lavoisier, Paris, France. 23, 71-126.
- Frémaux B., Raynaud S., Beutin L., Rozand C.V., 2006. Dissemination and persistence of Shiga toxin-producing *Escherichia coli* (STEC) strains on French dairy farms. *Vet. Microbiol.*, 117, 180-191.
- Frétin M., Martin B., Rifa E., Verdier-Metz I., Pomiès D., Ferlay A., Montel M.C., Delbès C., 2018. Bacterial community assembly from cow teat skin to ripened cheeses is influenced by grazing systems. *Sci. Rep.*, 8, 1-11.
- Gerber P.J., Steinfeld H., Henderson B., Mottet A., Opio C., Dijkman J., Falcucci A., Tempio G., 2013. Tackling climate change through livestock – A global assessment of emissions and mitigation opportunities. Food and Agriculture Organization of the United Nations (FAO), Rome, Italy.
- Gilbert R.A., Townsend E.M., Crew K.S., Hitch T.C.A., Friedersdorff J.C.A., Creevey C.J., Pope P.B., Ouwerkerk D., Jameson E., 2020. Rumen virus populations: technological advances enhancing current understanding. *Front. Microbiol.*, 11, 450.
- Gleason C.B., White R.R., 2018. Variation in animal performance explained by the rumen microbiome or by diet composition. *J. Anim. Sci.*, 96, 4658-4673.
- Gomez-Arango L.F., Barrett H.L., McIntyre H.D., Callaway L.K., Morrison M., Nitert M.D., 2017. Contributions of the maternal oral and gut microbiome to placental microbial colonization in overweight and obese pregnant women. *Sci. Rep.*, 7, 2860.
- Guarín J.F., Baumberger C., Ruegg P.L., 2017. Anatomical characteristics of teats and premilking bacterial counts of teat skin swabs of primiparous cows exposed to different types of bedding. *J. Dairy Sci.*, 100, 1436-1444.
- Henderson G., Cox F., Ganesh S., Jonker A., Young W., Janssen P.H., 2015. Rumen microbial community composition varies with diet and host, but a core microbiome is found across a wide geographical range. *Sci. Rep.*, 5, 14567.
- Hess M., Paul S.S., Puniya A.K., van der Giezen M, Shaw C., Edwards J. E., Fliegerová K., 2020. Anaerobic Fungi: Past, Present, and Future. *Front. Microbiol.*, 11, 2621.
- Holman D.B., Gzyl K.E., 2019. A meta-analysis of the bovine gastrointestinal tract microbiota. *FEMS Microbiol. Ecol.*, 95. <https://doi.org/10.1093/femsec/fiz072>
- Honan M.C., Greenwood S.L., 2020. Characterization of variations within the rumen metaproteome of Holstein dairy cattle relative to morning feed offering. *Sci. Rep.*, 10, 3179.
- Hungate R.E., 1966a. CHAPTER II – The Rumen Bacteria. In: *The Rumen and its Microbes*. Hungate R.E. (Ed). Academic Press, 8-90.
- Hungate R.E., 1966b. CHAPTER III – The Rumen Protozoa. In: *The Rumen and its Microbes*. Hungate R.E. (Ed). Academic Press, 91-147.
- Huws S.A., Creevey C.J., Oyama L.B., Mizrahi I., Denman S.E., Popova M., Munoz-Tamayo R., Forano E., Waters S.M., Hess M., Tapio I., Smidt H., Krizan S.J., Yanez-Ruiz D.R., Belanche A., Guan L., Gruninger R.J., McAllister T.A., Newbold C.J., Roehe R., Dewhurst R.J., Snelling T.J., Watson M., Suen G., Hart E.H., Kingston-Smith A.H., Scollan N.D., do Prado R.M., Pilau E.J., Mantovani H.C., Attwood G.T., Edwards J.E., McEwan N.R., Morrisson S., Mayorga O.L., Elliott C., Morgavi D.P., 2018. Addressing global ruminant agricultural challenges through understanding the rumen microbiome: past, present, and future. *Front. Microbiol.*, 9, 2161.
- Ichikawa-Seki M., Motooka D., Kinami A., Murakoshi F., Takahashi Y., Aita J., Hayashi K., Tashibu A., Nakamura S., Iida T., Horii T., Nishikawa Y., 2019. Specific increase of *Fusobacterium* in the faecal microbiota of neonatal calves infected with *Cryptosporidium parvum*. *Sci. Rep.*, 9, 12517.
- Ishaq S.L., Alzahal O., Walker N., McBride B., 2017. An investigation into rumen fungal and protozoal diversity in three rumen fractions, during high-fiber or grain-induced sub-acute ruminal acidosis conditions, with or without active dry yeast supplementation. *Front. Microbiol.*, 8, 1943.
- Jami E., Israel A., Kotser A., Mizrahi I., 2013. Exploring the bovine rumen bacterial community from birth to adulthood. *ISME J.*, 7, 1069-1079.
- Kaleem M., Enjalbert F., Farizon Y., Meynadier A., 2018. Feeding heat-oxidized oil to dairy cows affects milk fat nutritional quality. *Animal*, 12, 183-188.
- Kenters N., Henderson G., Jeyanathan J., Kittelmann S., Janssen P.H., 2011. Isolation of previously uncultured rumen bacteria by dilution to extinction using a new liquid culture medium. *J. Microb. Method.*, 84, 52-60.
- Khafipour E., Plaizier J.C., Aikman P.C., Krause D.O., 2011. Population structure of rumen *Escherichia coli* associated with subacute ruminal acidosis (SARA) in dairy cattle. *J. Dairy Sci.*, 94, 351-360.
- Khafipour E., Li S., Tun H., Derakhshani H., Moossavi S., Plaizier J.C., 2016. Effects of grain feeding on microbiota in the digestive tract of cattle. *Anim. Front.*, 6, 13-19.
- Kim M., Morrison M., Yu Z., 2011. Phylogenetic diversity of bacterial communities in bovine rumen as affected by diets and microenvironments. *Folia Microbiol.*, 56, 453-458.
- Langille M.G.I., Zaneveld J., Caporaso J.G., McDonald D., Knights D., Reyes J., Clemente J.C., Burkepile D.E., Vega Thurber R.L., Knight R., Beiko R.G., Huttenhower C., 2013. Predictive functional profiling of microbial communities using 16S rRNA marker gene sequences. *Nat. Biotechnol.*, 31, 814-821.
- La Reau A.J., Meier-Kolthoff J.P., Suen G., 2016. Sequence-based analysis of the genus *Ruminococcus* resolves its phylogeny and reveals strong host association. *Microb. Genom.*, 2, 000099.
- Li S., Plaizier J.C., Khafipour E., Krause D.O., 2011. Effects of subacute ruminal acidosis (SARA) challenges on bacteria in the digestive tract of dairy cows. *J. Dairy Sci.*, 94, 624.

- Li F., Li C., Chen Y., Liu J., Zhang C., Irving B., Fitzsimmons C., Plastow G., Guan L.L., 2019. Host genetics influence the rumen microbiota and heritable rumen microbial features associate with feed efficiency in cattle. *Microbiome*, 7, 92.
- Lopes D.R.G., La Reau A.J., Duarte M.S., Detmann E., Bento C.B.P., Mercadante M.E.Z., Bonilha S.F.M., Suen G., Mantovani H.C., 2019. The bacterial and fungal microbiota of nelore steers is dynamic across the gastrointestinal tract and its fecal-associated microbiota is correlated to feed efficiency. *Front. Microbiol.*, 10, 1263.
- Malmuthuge N., Guan L., 2017. Understanding host-microbial interactions in rumen: searching the best opportunity for microbiota manipulation. *J. Anim. Sci. Biotechnol.*, 8, <https://doi.org/10.1186/s40104-016-0135-3>
- Malmuthuge N., Griebel P.J., Guan L., 2014. Taxonomic identification of commensal bacteria associated with the mucosa and digesta throughout the gastrointestinal tracts of preweaned calves. *Appl. Environ. Microbiol.*, 80, 2021-8.
- Malmuthuge N., Griebel P.J., Guan L., 2015. The gut microbiome and its potential role in the development and function of newborn calf gastrointestinal tract. *Front. Vet. Sci.*, 2, 36.
- Mao S., Zhang R., Wang D., Zhu W., 2013. Impact of subacute ruminal acidosis (SARA) adaptation on rumen microbiota in dairy cattle using pyrosequencing. *Anaerobe*, 24, 12-19.
- Mao S., Zhang M., Liu J., Zhu W., 2015. Characterising the bacterial microbiota across the gastrointestinal tracts of dairy cattle: membership and potential function. *Sci. Rep.*, 5, 16116.
- Marchesi J.R., Ravel J., 2015. The vocabulary of microbiome research: a proposal. *Microbiome*, 3, 31.
- Marie-Etancelin C., Gabinaud B., Pascal G., Tomas R., Menras J.M., Enjalbert J., Allain C., Larroque H., Rupp R., Meynadier A., 2018. Genetic determinism of dairy sheep ruminal microbiota. In: Proc. 69th Ann. Meet. EAAP, 27-31/08/2018, Dubrovnik.
- Martin C., Morgavi D.P., Doreau M., 2010. Methane mitigation in ruminants: from microbe to the farm scale. *Animal*, 4, 351-365.
- Meale S.J., Li S., Azevedo P., Derakhshani H., Plaizier J.C., Khafipour E., Steele M.A., 2016. Development of ruminal and fecal microbiomes are affected by weaning but not weaning strategy in dairy calves. *Front. Microbiol.*, 7, 582.
- Metzger S.A., Hernandez L.L., Skarlupka J.H., Suen G., Walker T.M., Ruegg P.L., 2018. Influence of sampling technique and bedding type on the milk microbiota: results of a pilot study. *J. Dairy Sci.*, 101, 6346-6356.
- Mondot S., Lepage P., 2016. The human gut microbiome and its dysfunctions through the meta-omics prism. *Ann. N. Y. Acad. Sci.*, 1372, 9-19.
- Monsallier F., Verdier-Metz I., Agabriel C., Martin B., Montel M.C., 2012. Variability of microbial teat skin flora in relation to farming practices and individual dairy cow characteristics. *Dairy Sci. Technol.*, 92, 265-278.
- Morgavi D.P., Forano E., Martin C., Newbold C.J., 2010. Microbial ecosystem and methanogenesis in ruminants – CORRIGENDUM. *Animal*, 4, 1024-36.
- Morgavi D.P., Rathahao-Paris E., Popova M., Boccard J., Nielsen K.F., Boudra H., 2015. Rumen microbial communities influence metabolic phenotypes in lambs. *Front. Microbiol.*, 6, 1060.
- Nicola I., Cerutti F., Grego E., Bertone I., Gianella P., D'Angelo A., Peletto S., Bellino C., 2017. Characterization of the upper and lower respiratory tract microbiota in Piedmontese calves. *Microbiome*, 5, 152-152.
- Plaizier J.C., Krause D.O., Gozho G.N., McBride B.W., 2008. Subacute ruminal acidosis in dairy cows: The physiological causes, incidence and consequences. *Vet. J.*, 176, 21-31.
- Plaizier J.C., Li S., Tun H.M., Khafipour E., 2017. Nutritional models of experimentally-induced subacute ruminal acidosis (SARA) differ in their impact on rumen and hindgut bacterial communities in dairy cows. *Front. Microbiol.*, 7, 2128.
- Plaizier J., Danesh Mesgaran M., Derakhshani H., Golder H., Khafipour E., Kleen J., Lean I., Looor J., Penner G., Zebeli Q., 2018. Review: enhancing gastrointestinal health in dairy cows. *Animal*, 12, S399-S418.
- Pollock J., Glendinning L., Wisedchanwet T., Watson M., 2018. The madness of microbiome: attempting to find consensus "best practice" for 16S microbiome studies. *Appl. Environ. Microbiol.*, 84, e02627-17.
- Popova M., Guyader J., Silberberg M., Seradj A.R., Saro C., Bernard A., Gerard C., Martin C., Morgavi D.P., 2019. Changes in the rumen microbiota of cows in response to dietary supplementation with nitrate, linseed, and saponin alone or in combination. *Appl. Environ. Microbiol.*, 85, e02657-18.
- Rainard P., Foucras G., Fitzgerald J. R., Watts J. L., Koop G., Middleton J. R., 2018. Knowledge gaps and research priorities in *Staphylococcus aureus* mastitis control. *Transbound Emerg. Dis.*, 65, 149-165.
- Ramayo-Caldas Y., Zingaretti L., Popova M., Estellé J., Bernard A., Pons N., Bellot P., Mach N., Rau A., Roume H., Perez-Enciso M., Favardin P., Edouard N., Ehrlich D., Morgavi D.P., Renand G., 2019. Identification of rumen microbial biomarkers linked to methane emission in Holstein dairy cows. *J. Anim. Breed. Genet.*, 137, 49-59.
- Rey M., Enjalbert F., Combes S., Cauquil L., Bouchez O., Monteils V., 2014. Establishment of ruminal bacterial community in dairy calves from birth to weaning is sequential. *J. Appl. Microbiol.*, 116, 245-257.
- Roehe R., Dewhurst R.J., Duthie C.A., Rooke J.A., McKain N., Ross D.W., Hyslop J.J., Waterhouse A., Freeman T.C., Watson M., Wallace R.J., 2016. Bovine host genetic variation influences rumen microbial methane production with best selection criterion for low methane emitting and efficiently feed converting hosts based on metagenomic gene abundance. *PLoS Genet.*, 12, e1005846.
- Rowbotham R.F., Ruegg P.L., 2016. Bacterial counts on teat skin and in new sand, recycled sand, and recycled manure solids used as bedding in freestalls. *J. Dairy Sci.*, 99, 6594-6608.
- Rowe S.J., Kittelmann S., Pinares-Patiño C., Wood G.R., Dodds K.G., Kirk M.R., Ganesh S., Hickey S.M., Janssen P.H., McEwan J.C., 2015. Prediction of effects of dairy selection indexes on methane emissions. In: Proc. New Zealand Soc. Anim. Prod., 75, 67-69.
- Seshadri R., Leahy S.C., Attwood G. T., Teh K. H., Lambie S.C., Cookson A.L., Eloë-Fadrosch E.A., Pavlopoulos G.A., Hadjithomas M., Varghese N.J., Paez-Espino D., Perry R., Henderson G., Creevey C.J., Terrapon N., Lapebie P., Drula E., Lombard V., Rubin E., Kyripides N.C., Henrissat B., Woyke T., Ivanova N.N., Kelly W.J., 2018. Cultivation and sequencing of rumen microbiome members from the Hungate1000 Collection. *Nat. Biotechnol.*, 36, 359-367.
- Shin N.R., Whon T.W., Bae J.W., 2015. Proteobacteria: Trends Biotechnol., 33, 496-503.
- Stewart R.D., Auffret M.D., Warr A., Walker A.W., Roehe R., Watson M., 2019. Compendium of 4,941 rumen metagenome-assembled genomes for rumen microbiome biology and enzyme discovery. *Nat. Biotechnol.*, 37, 953-961.
- Swartz J.D., Lachman M., Westveer K., O'Neill T., Geary T., Kott R.W., Berardinelli J.G., Hatfield P.G., Thomson J.M., Roberts A., Yeoman C.J., 2014. Characterization of the vaginal microbiota of ewes and cows reveals a unique microbiota with low levels of lactobacilli and nearneutral pH. *Front. Vet. Sci.*, 1, 19. <https://doi.org/10.3389/fvets.2014.00019>
- Tapio I., Shingfield K.J., McKain N., Bonin A., Fischer D., Bayat A.R., Vilkki J., Taberlet P., Snelling T.J., Wallace R.J., 2016. Oral samples as non-invasive proxies for assessing the composition of the rumen microbial community. *PLoS one*, 11, e0151220-e0151220.
- Troegeler-Meynadier A., Enjalbert F., 2005. Les acides linoléiques conjugués : 2. Origines et effets sur les productions animales. *Rev. Med. Vet.*, 156, 281.
- Verdier-Metz I., Gagne G., Bornes S., Monsallier F., Veisseire P., Delbès-Paus C., Monte, M.C., 2012. Cow teat skin, a potential source of diverse microbial populations for cheese production. *Appl. Environ. Microbiol.*, 78, 326-333.
- Wallace R.J., Sasson G., Garnsworthy P.C., Tapio I., Gregson E., Bani P., Huhtanen P., Bayat A.R., Strozzi F., Biscarini F., Snelling T.J., Saunders N., Potterton S.L., Craigon J., Minuti A., Trevisi E., Callegari M.L., Cappelli F.P., Cabezas-García E.H., Vilkki J., Pinares-Patiño C., Fliegerová K.O., Mrázek J., Sechovcová H., Kopečný J., Bonin A., Boyer F., Taberlet P., Kokou F., Halperin E., Williams J.L., Shingfield K.J., Mizrahi I., 2019. A heritable subset of the core rumen microbiome dictates dairy cow productivity and emissions. *Sci. Adv.*, 5, 8391. <https://doi.org/10.1126/sciadv.aav8391>
- Williams A.G., Coleman G.S., 1997. The rumen protozoa. In: Hobson P.N., Stewart C.S. (Eds). *The Rumen Microbial Ecosystem*. Springer Netherlands, Dordrecht. 73-139.
- Xue M., Sun H., Wu X., Guan L.L., Liu J., 2018. Assessment of rumen microbiota from a large dairy cattle cohort reveals the pan and core bacteriomes contributing to varied phenotypes. *Appl. Environ. Microbiol.*, 84, e00970-18.

Zaneveld J., Turnbaugh P.J., Lozupone C., Ley R.E., Hamady M., Gordon J.I., Knight R., 2008. Host-bacterial coevolution and the search for new drug targets. *Curr. Opin. Chem. Biol.*, 12, 109-114.

Zeineldin M., Aldridge B., Lowe J., 2018. Dysbiosis of the fecal microbiota in feedlot cattle with hemorrhagic diarrhea. *Microb Pathog.*, 115, 123-130.

Zeineldin M., Lowe J., Aldridge B., 2019. Contribution of the mucosal microbiota to bovine respiratory health. *Trends Microbiol.*, 27, 753-770.

Zened A., Combes S., Cauquil L., Mariette J., Klopp C., Bouchez O., Troegeler-Meynadier A., Enjalbert F.,

2013. Microbial ecology of the rumen evaluated by 454 GS FLX pyrosequencing is affected by starch and oil supplementation of diets. *FEMS Microbiol. Ecol.*, 83, 504-514.

Zened A., Forano E., Delbes C., Verdier-Metz I., Morgavi D., Popova M., Ramayo-Caldas Y., Bergonier D., Meynadier A., Marie-Etancelin C., 2020. Les microbiotes des ruminants : état des lieux de la recherche et impacts des microbiotes sur les performances et la santé des animaux. *Renc. Rech. Rum.*, 25, in press.

Zhang R., Huo W., Zhu W., Mao S., 2015. Characterization of bacterial community of raw milk from dairy cows

during subacute ruminal acidosis challenge by high-throughput sequencing. *J. Sci. Food Agric.*, 95, 1072-1079.

Zhang Q., Difford G., Sahana G., Løvendahl P., Lassen J., Lund M.S., Guldbandsen B., Janss L., 2020. Bayesian modelling reveals host genetics associated with rumen microbiota jointly influence methane emission in dairy cows. *ISME J.*, 14, 2019-2033.

Zinicola M., Lima F., Lima S., Machado V., Gomez M., Döpfer D., Guard C., Bicalho R., 2015. Altered microbiomes in bovine digital dermatitis lesions, and the gut as a pathogen reservoir. *PLoS One*, 10, 0120504-0120504.

Résumé

Les ruminants, comme tous les mammifères, hébergent des milliards de microbes symbiotiques, constituant les « microbiotes » de la peau, des voies digestives, respiratoires et génitales, etc. La composition et les fonctions de ces microbiotes dépendent, entre autres, de leur habitat. L'utilisation des approches « -omiques », en particulier le séquençage de nouvelle génération, a permis de caractériser les organismes composant les microbiotes, leurs gènes et leurs activités. Les ruminants se distinguent par la présence dans leur rumen d'un microbiote spécialisé, composé principalement de bactéries, de protozoaires, d'archées et de champignons. Situé en amont des sites d'absorption, il joue un rôle central dans la nutrition des ruminants. La production des ruminants est particulièrement influencée par le microbiote intestinal (dont la population est diversifiée et spécifique du segment considéré) et le microbiote associé à la peau de la mamelle (réservoir important de la diversité microbienne du lait cru). Ces différents microbes interagissent entre eux et avec leur hôte sous l'influence de divers facteurs de variation, dont le principal est le régime alimentaire, mais aussi le milieu de vie et les pratiques d'élevage au début et milieu de la vie de l'animal. Des études récentes montrent un contrôle génétique potentiel par l'hôte de ses communautés microbiennes. En outre, il existe une accumulation de preuves des liens entre les microbiotes et la santé animale, l'efficacité alimentaire, les performances, la qualité des produits et la production de gaz à effet de serre. Ces constatations justifient l'intérêt croissant des éleveurs pour les microbiotes des animaux et leur modulation.

Abstract

Ruminant microbiota : research status and impacts of microbiota on animal performance and health

Ruminants, like other mammals, host trillions of symbiotic microbes, the microbiota, in their skin, digestive, respiratory and genital tracts, etc. The composition and functions of these microbiota depend on their location. Omics approaches, particularly new-generation sequencing, have made the characterization of the microbiota, their genes and activities possible. A particularity of ruminants is the presence of a specialized microbiota in the rumen composed of bacteria, protozoa, archaea and fungi. Located upstream of the absorption sites, it plays a central role in ruminant nutrition. Ruminant production is impacted by the gut microbiota (whose population is specific to the segments under consideration) and the microbiota associated with udder skin (a major reservoir of raw milk microbial diversity). These different microbes interact with each other and with their host under the influence of various factors of variation, such as the diet, the living environment and breeding practices in early life and the living environment. Recent studies show a potential genetic control by the host of its microbial communities. Also, there is accumulated evidence of the links between the microbiota and animal health, feed efficiency, performance, product quality and greenhouse gas production. Such findings justify the growing interest of farmers for animal microbiota and their modulation.

ZENED A., FORANO E., DELBES C., VERDIER-METZ I., MORGAVI D., POPOVA M., RAMAYO-CALDAS Y., BERGONIER D., MEYNADIER A., MARIE-ETANCELIN C., 2020. Les microbiotes des ruminants : état des lieux de la recherche et impacts des microbiotes sur les performances et la santé des animaux. *INRAE Prod. Anim.*, 33, 249-260.

<https://doi.org/10.20870/productions-animales.2020.33.4.4597>



Cet article est publié sous la licence Creative Commons (CC BY 4.0).

<https://creativecommons.org/licenses/by/4.0/deed.fr>

La citation comme l'utilisation de tout ou partie du contenu de cet article doit obligatoirement mentionner les auteurs, l'année de publication, le titre, le nom de la revue, le volume, les pages et le DOI en respectant les informations figurant ci-dessus.