

Une approche métagénomique pour comprendre les effets du Déoxynivalénole et de la Zéaralénone sur le microbiome intestinal du Porc

Johan S. SAENZ (1,2), Alina KURZ (1,2), Ursula RUCZIZKA (3), Moritz BÜNGER (3), Maximiliane DIPPEL (3), Bertrand GRENIER (4), Veronika NAGL (4), Laure ROUXEL (5), Andrea LADINIG (3), Jana SEIFERT (1,2), Evelyne SELBERHERR (6)

(1) Institute of Animal Science, University of Hohenheim, Stuttgart, Germany

(3) University Clinic for Swine, University of Veterinary Medicine, Vienna, Austria

(5) DSM Nutritional Products, France

(2) HoLMiR - Hohenheim Center for Livestock Microbiome Research, University of Hohenheim, Stuttgart, Germany

(4) DSM - BIOMIN Research Center, Tulln, Austria

(6) Institute of Food Safety, Food Technology & Vet Public Health, University of Veterinary Medicine, Vienna, Austria

Contact : laure.rouxel@dsm.com



Objectif : Evaluer les effets de 2 mycotoxines prévalentes, déoxynivalénole (DON) et zéaralénone (ZEN), sur la composition et les propriétés du métagénomique intestinal de 15 porcelets exposés à différentes doses de ces mycotoxines.

Métagénomique = Ensemble des protéines présentes dans un échantillon donné, à un instant donné

Matériel & Méthodes

15 porcelets femelles sevrés ont reçu soit i) un aliment non contaminé (Témoin), soit un aliment contaminé par ii) 870 ppb de DON (DONlow), iii) 2500 ppb de DON (DONhigh), iv) 680 ppb de ZEN (ZENlow) ou v) 1600 ppb de ZEN (ZENhigh) pendant 28 jours. Puis des échantillons de digesta et de muqueuse du jéjunum et de l'iléon (3 porcelets/groupe) ont été prélevés et soumis à une analyse métagénomique.

Résultats

Impact sur la composition du métagénomique

Impact sur la composition du microbiome

Fig. 1 : Comparaison de la composition du métagénomique des différents groupes

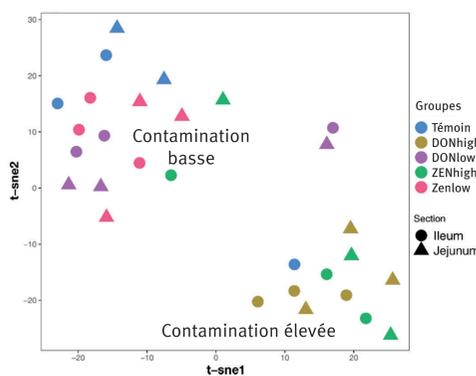


Fig. 2 : Comparaison de la diversité des familles de peptides identifiées

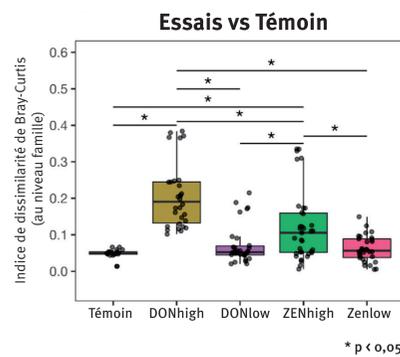


Fig. 3 : Abondance relative des familles bactériennes les plus présentes

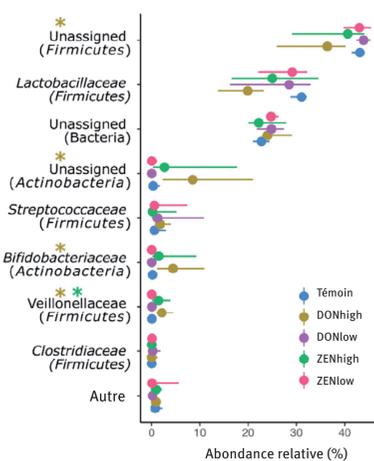
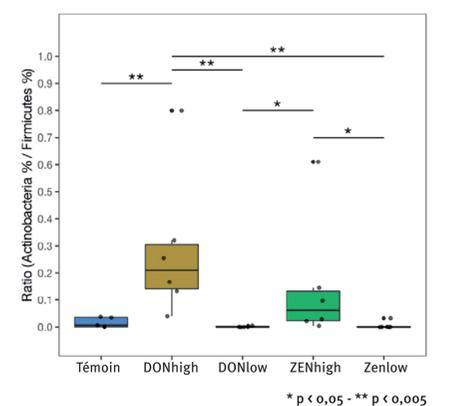


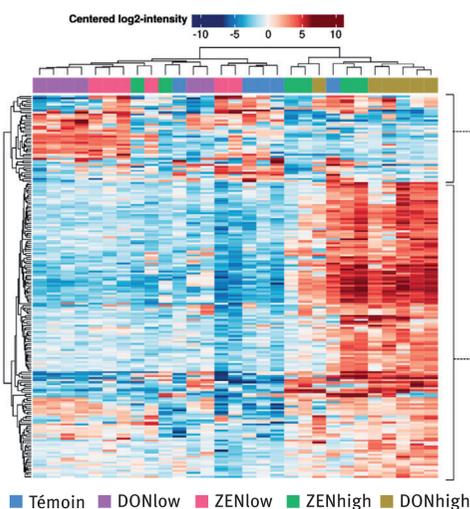
Fig. 4 : Ratio entre Actinobactéries et Firmicutes



L'exposition aux concentrations élevées en mycotoxines (groupes DONhigh et ZENhigh) induit une différenciation du métagénomique des échantillons prélevés sur les animaux exposés, à la fois dans sa composition (Fig. 1) et dans sa diversité (Fig. 2).

La composition du microbiome est modifiée pour les groupes DONhigh et ZENhigh, avec, par exemple, une moindre abondance relative des Firmicutes, dont les lactobacilles. Au contraire, les Actinobactéries, bactéries filamenteuses Gram +, sont proportionnellement plus abondantes dans ces 2 groupes (Fig. 3 et 4).

Fig. 5 : Comparaison des profils protéiques du microbiome intestinal en fonction des groupes



Impact sur les propriétés fonctionnelles des protéines

Fig. 6 : Répartition des protéines, par catégorie fonctionnelle

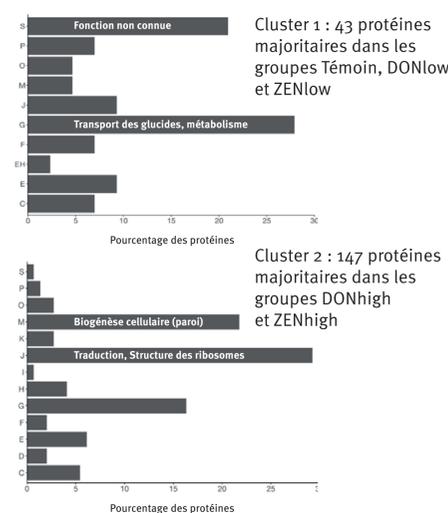
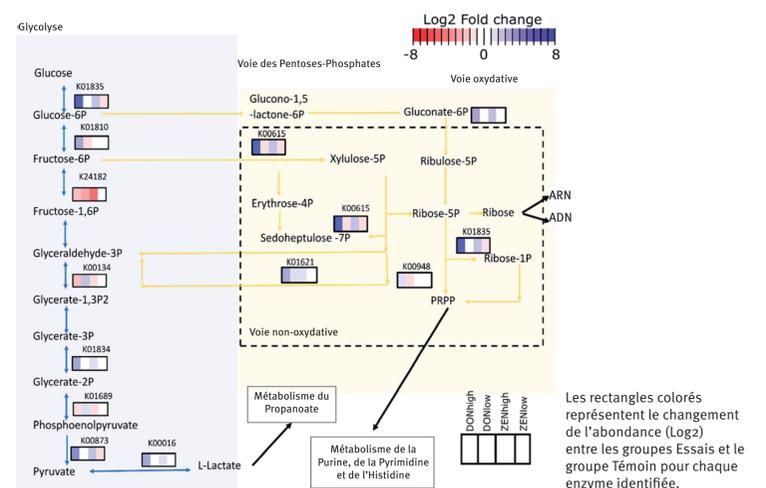


Fig. 7 : Focus sur les protéines impliquées dans la glycolyse et la voie métabolique des Pentoses-Phosphates



190 protéines d'abondance différente entre les groupes (Fig. 5) ont été réparties en 2 clusters (Fig. 6), les sur-exprimées dans les groupes Témoin, DONlow et ZENlow (Cluster 1) et les sur-exprimées dans les groupes DONhigh et ZENhigh (Cluster 2), mettant à nouveau en évidence l'impact différenciel de l'exposition aux mycotoxines.

Les mycotoxines ont modifié l'abondance des enzymes clés du métabolisme des glucides (premières étapes de la glycolyse) et augmenté les protéines impliquées dans la voie des Pentoses-Phosphates (Fig. 7).

Conclusion :

Cette étude complète les connaissances relatives aux impacts du déoxynivalénole et de la zéaralénone. Elle confirme leur incidence sur le microbiome intestinal. Et, pour la première fois, cette incidence est démontrée par les différences observées sur le métagénomique et les fonctionnalités des protéines exprimées.