

La sélection de l'hôte est efficace pour orienter le microbiote intestinal chez le porc

Catherine LARZUL (1), Fany BLANC (2), Gaëtan LEMONNIER (2), Deborah JARDET (2), Marie-Noëlle ROSSIGNOL (2),
Charline NIORT (3), Claire ROGEL-GAILLARD (2), Jordi ESTELLE (2)

(1) Université de Toulouse, INRAE, ENVT, GenPhySE, 31320 Castanet-Tolosan, France

(2) Université Paris-Saclay, INRAE, AgroParisTech, GABI, 78350, Jouy-en-Josas, France

(3) INRAE, GenESI, 17700, Surgères, France

catherine.larzul@inrae.fr

Avec la collaboration de Jérôme LECARDONNEL (2), William HEBRARD (3), Marion BOREY
et l'implication de tout le personnel technique de l'unité INRAE GenESI

La sélection de l'hôte est efficace pour orienter le microbiote intestinal chez le porc

Le microbiote, qui représente l'ensemble des communautés des microorganismes présents chez un individu, participe à l'élaboration des caractéristiques de son hôte. Son implication dans de nombreux processus métaboliques de son hôte ont été largement démontrés. Afin de préciser le déterminisme génétique du microbiote intestinal chez le porc, nous avons mené une expérience de sélection sur la base des abondances relatives de quatre genres bactériens, estimées à partir de données de séquençage de l'ADN 16S des génomes bactériens présents dans les fèces de porc de 60 jours d'âge. Nous avons sélectionné deux lignées de porcs avec comme objectif une augmentation de l'abondance relative des genres *Prevotella* et *Mitsuokella* (lignée HPM), ou des genres *Ruminococcus* et *Treponema* (lignée HRT), qui sont les genres différenciant des deux entérotypes (PM et RT, respectivement) observés chez le porc dans nos conditions expérimentales. Nous avons confirmé que ces abondances relatives sont des caractères avec des héritabilités modérées de l'ordre de 0,3 qui peuvent être sélectionnés. Nous avons également estimé l'évolution contrastée de l'ensemble des genres bactériens dans les deux lignées et observé l'augmentation de la fréquence des entérotypes RT et PM de manière divergente pour chaque lignée au fil des générations de sélection. La relation entre l'abondance relative de *Prevotella* (soit l'entérotipe PM) et la croissance post-sevrage a été confirmée ; en revanche l'incidence sur d'autres caractères de croissance ou de composition corporelle est très limitée.

Selective breeding effectively influences the gut microbiota in pigs

The microbiota, which represents all communities of microorganisms in an individual, influences the characteristics of its host. Its involvement in many metabolic processes of hosts has been widely demonstrated. To clarify the genetic determinism of the gut microbiota in pigs, we conducted a selection experiment based on the relative abundances of four bacterial genera estimated by 16S DNA sequencing data of bacterial genomes in the faeces of 60-day-old pigs. We selected two pig lines to increase the relative abundances of the genera *Prevotella* and *Mitsuokella* (HPM line) or *Ruminococcus* and *Treponema* (HRT line), which are the genera that differentiate the two enterotypes (PM and RT, respectively) observed in pigs in our experimental conditions. We confirmed that these relative abundances are traits with moderate heritability (ca. 0.3). We also estimated the contrasting evolution of all bacterial genera in the two pig lines, and observed a divergent increase in the frequency of RT and PM enterotypes in each line over the generations of selection. The relation between the relative abundance of *Prevotella* (i.e., the PM enterotype) and post-weaning growth was confirmed, but *Prevotella* had little influence on other growth or body-composition traits.