

# L'holobionte, une nouvelle dimension pour la sélection porcine ?

*Catherine LARZUL (1), Vanille DERU (2), Claire ROGEL-GAILLARD (3), Céline CARILLIER-JAQUIN (1), Jordi ESTELLE (2)*

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

*(2) INP Purpan, 31 076 TOULOUSE Cedex 3, France*

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

[catherine.larzul@inrae.fr](mailto:catherine.larzul@inrae.fr)

## **L'holobionte, une nouvelle dimension pour la sélection porcine ?**

Le rôle du microbiote et en particulier du microbiote intestinal sur les performances de l'hôte est de plus en plus documenté chez les animaux d'élevage. Ces avancées ont été permises par l'utilisation des nouvelles techniques de séquençage à haut débit et le développement de méthodes d'analyse des données pour caractériser les microorganismes présents (diversité, abondances relatives, assemblage en écosystèmes). Elles ont apporté de nouvelles connaissances sur les liens entre la diversité génétique de l'hôte et les interactions hôte-microbiote, mais aussi sur l'estimation des phénotypes ou des valeurs génétiques en prenant en compte la variabilité du microbiote. Ces résultats alimentent un nouveau paradigme fondé sur la définition de l'holobionte en tant que système biologique qui assemble un hôte et son microbiote, offrant une nouvelle vision de ce que représente un individu. Nous proposons de faire le point sur l'holobionte porc, en termes de modélisation et de résultats expérimentaux pour comprendre, prédire et piloter les phénotypes dans le but d'améliorer par exemple la santé mais aussi l'efficacité productive et environnementale des animaux. Sont également discutées ces avancées comme ouvrant la voie pour élaborer des stratégies de sélection prenant simultanément en compte les informations sur l'hôte et son microbiote en raisonnant l'amélioration durable des populations à l'échelle de l'holobionte.

## **Holobionts: a new dimension in pig breeding?**

The role of the microbiota, in particular the gut microbiota, on host performance is increasingly documented in farm animals. These advances have been made possible by the use of new high-throughput sequencing techniques and the development of data-analysis methods to characterize the microorganisms present (diversity, relative abundance, ecosystem assembly). They have provided new insights into the relations between host genetic diversity and host-microbiota interactions, as well as into the estimation of phenotypes or genetic values that consider microbiotic variability. These results fuel a new paradigm based on the definition of the holobiont as a biological system that assembles a host and its microbiota, thus providing a new vision of what an individual represents. We propose to assess the swine holobiont through modelling and experimental results to understand, predict and steer phenotypes to improve, for example, the health but also the productive and environmental efficiencies of pigs. These advances are also discussed as paving the way for developing selection strategies that simultaneously take consider information about the host and its microbiota, while reflecting on the sustainable improvement of populations at the scale of a holobiont.