AFVAC LE CONGRÈS
CENTRE DES CONGRÈS - LYON
28 > 30 NOVEMBRE 2019

Développement du microbiote digestif chez le chiot

Hanna MILA
31076 Toulouse
Coauteurs : Blake Guard / Claire Mariani / Alexandre Feugier / Jorg Steiner / Jan Suchodolski / Aurelien Grellet / Sylvie Chastant-Maillard

I. Introduction

Les bactéries du tractus digestif (microbiote digestif) jouent un rôle important non seulement dans la digestion mais également dans le développement du système immunitaire et la protection contre les pathogènes digestifs. Une altération du développement du microbiote digestif (dysbiose) chez l'enfant est associée à une augmentation du risque d'entérocolite nécrosante et donc du risque de mortalité (1). De plus, une dysbiose périnatale favorise le développement de certaines maladies chroniques à l'âge adulte, comme des entéropathies ou des troubles pulmonaires. Bien que le développement du microbiote digestif ait été reconnu comme un facteur clé pour une bonne santé chez l'homme, peu d'informations sont aujourd'hui disponibles dans l'espèce canine. L'objectif de notre étude fut donc d'évaluer l'évolution du microbiote digestif (richesse et diversité microbienne) chez le chiot entre la naissance et le sevrage.

II. Matériels et méthodes

Trente chiots (10 races différentes), tous nés par voie naturelle, ainsi que leurs 16 mères, furent inclus dans l'étude. L'ensemble des animaux vivaient dans un même élevage dans les mêmes conditions environnementales. Le même aliment fut distribué à l'ensemble des chiennes (depuis leur dernière semaine de gestation) et à leurs chiots (à partir du 21ème jour de vie). Des écouvillons rectaux furent systématiquement réalisés 2, 21, 42, et 56 jours après la naissance chez les chiots et dans les 24 heures après la mise-bas chez les mères. Tous les échantillons furent congelés à -20°C jusqu'à la réalisation des analyses. L'ADN des échantillons fécaux fut extrait via le kit ZR fecal DNA Mini Prep (Zymo Research, Irvine CA, USA). La technique de séquençage 454 a été utilisée pour l'ARNr 16S (QIIME pipline) et des PCR quantitatives (qPCR) furent réalisées pour quantifier les groupes bactériens peu représentés lors du séquençage. Les diversités alpha et béta et l'analyse discriminante linéaire de l'effet de taille (LEfSe)

Les diversités alpha et beta et l'analyse discriminante linéaire de l'effet de taille (LEfSe) furent utilisées pour comparer les différents profils bactériens pour chaque période.

III. Résultats

Au total 136 échantillons furent analysés. La richesse des espèces (évaluée via la diversité alpha) a augmenté significativement entre 2 et 42 jours de vie chez les chiots. De plus, une différence d'abondance des différentes communautés bactériennes (beta diversité) fut observée entre 2, 21 et 42 jours d'âge. Les communautés bactériennes des mères étaient différentes de celles des chiots quelle que soit la période considérée. De profonds changements phylogénétiques furent observés à tous les niveaux taxonomiques au cours du temps. Le changement principal fut le passage d'une population microbienne majoritairement représentée par des Firmicutes chez les chiots à deux jours de vie à une co-dominance de Bacteroidetes, Fusobactéries, et Firmicutes à 21 jours de vie.

IV. Conclusions

Cette étude est la première étude présentant le microbiote digestif du chiot entre la naissance et le sevrage (2). D'importants changements au niveau du profil du microbiote digestif ont été observés dans cette étude. Ces changements sont probablement en lien avec les grands changements physiologiques que sont la naissance et la transition alimentaire (passage d'une alimentation exclusivement lactée durant les 3 premières semaines à une alimentation mixte lait / aliment solide entre 3 et 6 semaines, puis exclusivement solide à 8 semaines). Bien qu'à 8 semaines d'âge l'ensemble des chiots consommaient exclusivement de l'aliment solide, leur profil microbien était toujours significativement différent de celui de leur mère. L'âge auquel le microbiote digestif se stabilise reste encore à déterminer de même que les facteurs déterminant le profil bactérien de chaque individu. Il serait également intéressant d'identifier les origines majoritaires des bactéries colonisant le tube digestif du jeune. De nouvelles études sont nécessaires pour évaluer le lien entre le développement du microbiote digestif, la croissance et la morbidité/mortalité néonatale.

References

1. J. Neu, Maternal Health, Neonatology, and Perinatology, 2015; 1:6.
2. H. Mila, BC. Guard, et al., PlOsE ONE, 2017; 12(4):e0175718.

Conflits d'intérêts :

Pas de conflit d'intérêt déclaré.