

Composition et efficacité fermentaire du microbiote ruminal : étude de leurs résiliences suite à une perturbation de l'écosystème ruminal chez la chèvre

BERTHELOT V. (1), MOSONI P. (2), PERICARD L. (1), BROUDISCOU L.P. (1)

(1) UMR Modélisation Systémique Appliquée aux Ruminants, INRAE, AgroParisTech, Université Paris-Saclay, 75005, Paris, France

(2) Université Clermont Auvergne, INRA, UMR 0454 MEDIS, F-63000, Clermont-Ferrand, France

RESUME - Les ruminants hébergent dans leur réticulo-rumen une communauté microbienne complexe qui dégrade et fermente les végétaux ingérés. Une meilleure compréhension du lien entre structure des communautés microbiennes et fonctions assurées dans le rumen est nécessaire pour accroître la digestibilité des polysaccharides structuraux, diminuer la production de méthane et ainsi promouvoir une production animale durable. En étudiant les effets d'une perturbation consistant à vider le rumen de 12 chèvres canulées tariées et à réinoculer chaque rumen avec un microbiote identique issu de l'homogénéisation des 12 microbiotes, nous avons montré une forte évolution des communautés microbiennes qui sont stabilisées 4 mois après la perturbation sans retour à l'état initial. L'intensité des fermentations et les productions spécifiques d'acides gras à chaîne courte (AGCC) et de gaz ont été estimées lors d'incubations *in vitro* de court terme avec la ration des chèvres (foin et orge) ou un substrat synthétique. Quel que soit le substrat, l'intensité fermentaire et les productions spécifiques d'AGCC et de gaz ont peu évolué suite à la perturbation. Les variations des intensités et profils fermentaires observés semblent peu expliquer la variabilité observée de la structure compositionnelle du microbiote. Avec une ration riche en fibres, malgré les modifications importantes subies par le microbiote ruminal au niveau structurel, celui-ci reste très résilient sur le plan fonctionnel. Ces résultats suggèrent que la modulation dirigée de la structure du microbiote ruminal n'est pas un levier d'action efficace sur les intensités et profils fermentaires dans le rumen.

Composition and fermentative efficiency of goat rumen microbiota: study of their resiliencies after a perturbation of the rumen ecosystem

BERTHELOT V. (1), MOSONI P. (2), PERICARD L. (1), BROUDISCOU L.P. (1)

(1) UMR Modélisation Systémique Appliquée aux Ruminants, INRAE, AgroParisTech, Université Paris-Saclay, 75005, Paris, France

SUMMARY - Ruminants harbor in their reticulo-rumen a complex anaerobic community that degrades and ferments plant resources. A better understanding of the relationship between structure of microbial communities and rumen function is necessary to increase the digestibility of structural polysaccharides, to decrease methane production and therefore to promote a sustainable animal production. By studying the effect of a perturbation which consisted of emptying the rumen of 12 dry canulated goats and to reinoculate each rumen with an identical microbiota arising from the homogenization of the 12 microbiota, we showed a strong evolution of the microbial communities that stabilized 4 months after the perturbation without any return at the initial stage. The intensity of fermentation and specific productions of short chain fatty acids (SCFA) and gas were estimated with short term *in vitro* incubations with the diet of goats (hay and barley) or a synthetic substrate. Whatever the substrate, the fermentative intensity and the specific production of SCFA and gas did not change much after the perturbation. The variations of intensities and observed fermentative specific production explained little of the observed variability of the microbiota structure. With a diet rich in fiber, despite the great modifications of the structure of the rumen microbiota, it remains functionally resilient. These results suggest that a directed modulation of the structure of the rumen microbiota is not very effective on intensities and fermentative profiles in the rumen.

INTRODUCTION

Les ruminants hébergent dans leur réticulo-rumen une communauté microbienne complexe (bactéries, archées, protozoaires...) qui leur permet notamment de transformer des végétaux riches en polysaccharides structuraux en nutriments absorbables utilisables pour leur métabolisme. Les protéines microbiennes synthétisées dans le rumen apportent des acides aminés à l'animal pouvant être utilisés pour la synthèse de produits (lait, viande) de très bonne qualité nutritionnelle pour l'Homme. Cependant, la production ruminale de méthane par les archées méthanogènes représente une perte énergétique pour l'animal et contribue au réchauffement climatique. Une meilleure compréhension du lien entre structure des communautés microbiennes et fonctions assurées dans le rumen est nécessaire pour orienter les dégradations et fermentations vers une meilleure digestibilité des polysaccharides structuraux, une production de méthane

plus faible et ainsi promouvoir une production animale durable. Les conséquences de modifications de la structure du microbiote sur les différents aspects du métabolisme microbien méritent d'être étudiées plus finement. Dans ce projet qui avait pour objectif d'évaluer les interrelations entre le microbiote ruminal et l'animal hôte (chèvre laitière), nous avons étudié la résilience du microbiote sous les angles structurel et métabolique suite à une perturbation de l'écosystème ruminal et regardé dans quelle mesure la structure du microbiote pouvait être reliée à des performances fermentaires dans le rumen. Pour cela, il est nécessaire de recourir à une méthode d'incubations *in vitro* de courte durée permettant de quantifier la répartition des carbones fermentés dans les différentes voies de production des acides gras à chaîne courte (AGCC) et du méthane.

1. MATERIEL ET METHODES

1.1. Perturbation des écosystèmes ruminants

Le protocole a reçu un avis favorable (avis 12/079) émis par le Comité d'Ethique appliqué à l'Expérimentation Animale du Centre de Jouy-en-Josas et AgroParisTech. (COMETHEA n°45). Douze chèvres tarées de 3 ans canulées du rumen ont reçu une ration riche en fibres (ration 1 durant les 85 premiers jours 86% foin et 14% orge puis ration 2 76% foin, 10% rumiluz et 14% orge jusqu'à la fin de l'expérimentation) durant 8 mois en 2 repas par jour. Les compositions chimiques des 2 rations sont très proches avec une teneur en NDF de 59,3 et 58,0%, une teneur en MAT de 8,4 et 8,6% et une teneur en amidon de 7,0 et 7,5% pour les rations 1 et 2 respectivement. Après 3 mois, à d+0, nous avons vidé le rumen de chaque chèvre, mélangé leurs contenus ruminants et réinoculé chaque rumen avec un microbiote identique issu de l'homogénéisation des 12 microbiotes. Avant le repas du matin, chaque chèvre a été prélevée de 200mL de contenu ruminal, avant et après la perturbation (d-53, d+3, d+35, d+114, et d+141). Cinquante mL ont été utilisés pour déterminer la composition du microbiote ruminal et 150 mL ont été filtrés sous flux de CO₂ et destinés à l'inoculation de tubes de culture pour évaluer les performances fermentaires du rumen *in vitro*.

1.2. Incubations *in vitro*

Par jour de prélèvement, 5 incubations par chèvre ont été faites dans des tubes de culture de 72 ml. Deux tubes contenaient 134,4 mg de foin et 25,6 mg d'orge dans les mêmes proportions que la ration 1 (F+O), 1 tube contenait 540,5 mg de maltose, 513,5 mg de cellobiose et 93,8 mg de tryptone (C+M). Deux tubes ne contenaient aucun substrat expérimental (témoin négatif) et ont permis de quantifier les produits de fermentation des substrats présents en quantité inconnue dans l'inoculum. Chaque tube de culture a reçu 10 mL de solution tampon Simplex de pH 6,70 ± 0,05 (Broudiscou et Lassalas, 2000), a été mis sous flux de CO₂ pendant 4 minutes pour purger l'espace de tête durant l'apport de 6 mL d'inoculum, avant d'être hermétiquement bouché et placé dans un bain-marie à agitation à 39°C. Les incubations ont été arrêtées au bout de 8 h (± 5 minutes) par refroidissement des tubes à +4°C pendant au moins 30 minutes, avant toute mesure ou prélèvement. La quantité et la composition du gaz de fermentation ont été ensuite mesurées. Le milieu de fermentation a été échantillonné (4 mL mélangé à 1 mL d'acide ortho-phosphorique 25% v/v, en double). Tous les échantillons ont été immédiatement congelés et conservés à -21°C jusqu'à analyse des AGCC. Les inocula ont été échantillonnés selon une procédure identique.

1.3. Analyses de laboratoire

Après centrifugation (10 min à 10.000g) des échantillons, les AGCC dans les milieux de culture et les inocula ont été séparés par CLHP (Broudiscou *et al.*, 2020). La composition des gaz de fermentation a été mesurée par CPG (Varian, MicroGC) (Broudiscou *et al.*, 2014).

L'ADN métagénomique a été extrait selon la méthode de Yu et Morrison (2004). La composition spécifique des archées et bactéries du rumen a été déterminée par séquençage des amplicons du gène codant pour l'ARN 16 S (région V4-V5) à l'aide de la technologie Illumina Miseq à la plateforme de génomique (GenoToul, INRA, Toulouse, France). Les traitements des séquences ont été effectués à l'aide du pipeline FROGS (Escudie *et al.*, 2018). La longueur moyenne des séquences a été de 410 bp. Un total de 2 628 744 séquences a été obtenu. La table des comptages a été normalisée par raréfaction à 26000 séquences, le nombre minimal de séquences par échantillon étant de 26 389. L'affiliation des OTU (Operational Taxonomic Unit) à l'aide de la base SILVA 16S v128.

1.4. Calcul et analyses statistiques

Les productions individuelles d'AGCC et de gaz issues de la dégradation des substrats expérimentaux ont été calculées par différence entre les quantités d'AGCC en fin d'incubation dans

le tube contenant le substrat et dans les tubes ne contenant que l'inoculum (moyenne de 2 témoins négatifs).

La quantité d'hexoses fermentés par tube (HF) rend compte de l'intensité des fermentations et a été calculée selon la formule proposée par Demeyer et Van Nevel (1975) qui utilise les concentrations en AGCC majoritaires (acétate (C2), propionate (C3), butyrate (C4)) :

$$(1) \quad HF = (C2 + C3) / 2 + C4 \text{ (}\mu\text{moles /tube)}$$

Les productions spécifiques d'AGCC et de gaz rendent compte de l'orientation des fermentations issues de la dégradation des substrats expérimentaux et sont exprimées en moles de produit (AGCC ou gaz) / 100 moles d'HF.

L'analyse descriptive des données fermentaires a été réalisée à l'aide d'une analyse en composante principale (ACP). Les données fermentaires ont aussi été soumises à une analyse de variance selon la procédure GLM avec comme effets fixes les jours de prélèvements et effets aléatoires les chèvres.

La composition des microbiotes a été exprimée en abondances relatives des taxons. La diversité α traduit la diversité d'espèces au sein de chaque rumen de chèvre alors que la diversité β permet d'estimer la différence de diversité entre les rumens de chèvres. Les diversités α (richesse, indice de Shannon) et β (distances écologiques) ont été calculées à l'aide du package Biodiversity.R. La diversité β a été étudiée par analyse en coordonnées principales (ACoP) pour visualiser les différences entre échantillons basées sur les distances de Bray-Curtis après transformation en log des abondances relatives des taxons. Une méthode d'ordination contrainte (type analyse de redondance, RDA) permet d'expliquer la variabilité totale observée au niveau des taxons qui peut être expliquée par des variables environnementales, ici les paramètres fermentaires. Les relations entre paramètres fermentaires et composition du microbiote ont ainsi été étudiées à l'aide d'une RDA au niveau des genres (matrice d'abondance relative log-transformée) et représentées à l'aide de graphiques d'ordination. Nous avons préalablement testé chaque paramètre fermentaire individuellement pour chaque régime et sélectionné ceux dont le modèle était significatif avec la procédure de permutation de Monte Carlo basée sur 999 permutations.

2. RESULTATS

2.1. Evolution de la diversité alpha et beta du microbiote

Après perturbation, on observe dès d+3 une augmentation significative de la diversité α , évaluée par la richesse et l'indice de Shannon, qui se stabilise dès d+35 à un niveau plus élevé qu'avant perturbation (Figure 1). Donc chaque animal a vu la diversité de son microbiote augmenter et se maintenir à un niveau élevé suite à la perturbation.

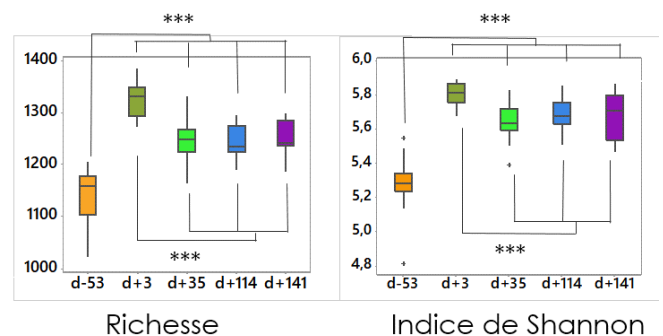


Figure 1 Evolution des indices de diversité α (richesse, indice de Shannon) selon les jours de prélèvements (effet jour *** = $P < 0,001$)

L'analyse de la diversité β montre un regroupement des chèvres par jour avec une dispersion des 12 individus au sein de chaque jour plus grande avant perturbation (d-53) qu'après.

Les communautés microbiennes à d+114 et d+141 sont proches l'une de l'autre, indiquant une stabilisation du microbiote (Figure 2). Toutefois, ces communautés ne sont pas retournées à l'état initial (d-53).

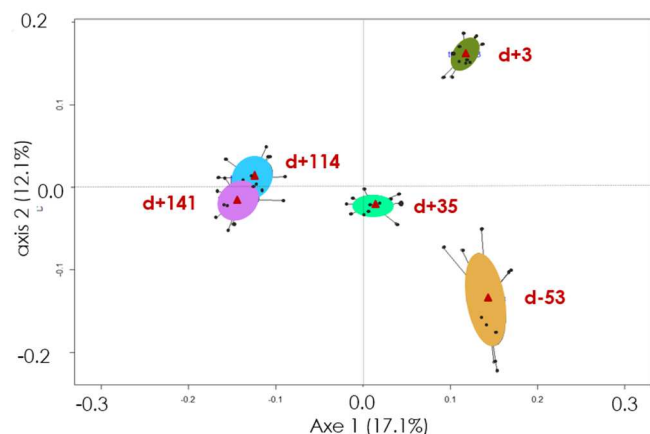


Figure 2 ACoP basée sur les distances de Bray-Curtis des OTU en fonction des jours de prélèvements. Une chèvre à un temps donné est représentée par un point.

2.2. Evolution des paramètres fermentaires

La caractérisation des fermentations ruminales individuelles a reposé sur des incubations couvrant l'intervalle entre les deux repas journaliers durant lequel l'activité fermentaire dans le rumen est la plus intense. L'emploi des aliments distribués aux animaux a permis d'estimer l'activité de dégradation et de fermentation des microbiotes à partir des substrats présents *in vivo*. L'emploi de substrats synthétiques (cellobiose et maltose qui sont les di-oses libérés par l'hydrolyse de la cellulose et de l'amidon) a permis de mesurer les variables fermentaires sans tenir compte de l'étape d'hydrolyse microbienne des

polyosides alimentaires (cellulose, amidon) qui précède la phase fermentaire et de son intensité.

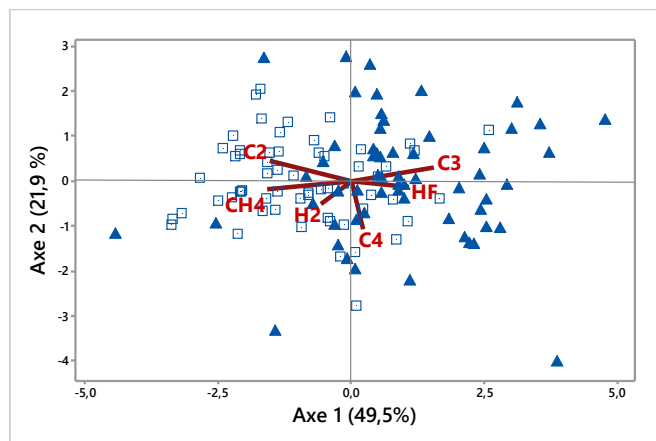


Figure 3 Diagramme de projection décrivant les relations entre l'intensité et le profil des fermentations à partir d'une analyse en composante principale avec représentations des incubations (triangle Cellobiose+Maltose, carré Foin+Orge) aux différents temps de prélèvement. C2 acétate, C3 propionate, C4 butyrate, H2 hydrogène, CH4 méthane, HF hexoses fermentés

Les axes 1 et 2 de l'ACP représentent 49,5 et 21,9 % de la variabilité totale des paramètres fermentaires (Figure 3). Le premier axe oppose l'intensité des fermentations et la production spécifique de propionate aux productions spécifiques d'acétate et de méthane, celle de butyrate étant quasiment orthogonale à ces 2 groupes de variables. Les incubations F+O se retrouvent associées sur l'axe 1 aux productions spécifiques d'acétate et de méthane et opposées aux incubations C+M associées à l'intensité des fermentations et à la production spécifique de propionate

Tableau 1 Quantités d'hexoses fermentés (HF) et productions spécifiques d'AGCC, de méthane (CH₄) et d'hydrogène (H₂) à partir du foin et de l'orge (F+O)

	d-53	d+3	d+35	d+114	d+141	ETR	P(jour)
HF (μmol)	152 ^{ab}	159 ^a	161 ^a	129 ^b	162 ^a	19	0,0001
Acétate (C2)	136 ^a	122 ^b	138 ^a	137 ^a	127 ^b	6	0,0001
Propionate (C3)	37,4 ^{bc}	46,2 ^a	31,7 ^c	32,1 ^c	38,7 ^b	5,6	0,0001
Butyrate (C4)	12,9 ^b	15,6 ^{ab}	14,9 ^{ab}	15,3 ^{ab}	16,7 ^a	2,9	0,04
Méthane (CH ₄)	54 ^{bc}	47 ^d	61 ^a	56 ^{ab}	51 ^{cd}	4,6	0,0001
Hydrogène (H ₂)	0,95	0,51	0,64	0,60	0,22	1,26	0,72

AGCC, CH₄ et H₂ en mol/100mol HF, ETR : écart-type résiduel.

Tableau 2 Quantités d'hexoses fermentés (HF) et productions spécifiques d'AGCC, de méthane (CH₄) et d'hydrogène (H₂) à partir de cellobiose et de maltose (C+M)

	d-53	d+3	d+35	d+114	d+141	ETR	P(jour)
HF (μmol)	259 ^a	240 ^b	214 ^c	211 ^c	206 ^c	16	0,0001
Acétate (C2)	127 ^a	114 ^b	125 ^{ab}	128 ^a	131 ^a	10	0,002
Propionate (C3)	46 ^{ab}	51 ^a	44 ^{ab}	40 ^b	51 ^a	8,5	0,01
Butyrate (C4)	13,8 ^a	17,0 ^a	15,8 ^a	16,0 ^a	9,2 ^b	3,4	0,0001
Méthane (CH ₄)	45 ^{abc}	41 ^c	51 ^a	49 ^{ab}	43 ^{bc}	6	0,001
Hydrogène (H ₂)	0,82	1,17	0,93	1,33	0,29	1,69	0,62

AGCC, CH₄ et H₂ en mol/100mol HF, ETR : écart-type résiduel.

Dans les incubations F+O (tableau 1), l'intensité et les productions spécifiques de propionate et de méthane avant perturbation n'ont pas différé de celles mesurées à la fin de l'essai (d+114 et d+141). A d+141, la production spécifique d'acétate a diminué et celle de butyrate a augmenté par rapport à d-53. Les productions spécifiques de méthane et d'hydrogène indiquent le maintien d'une activité méthanogène élevée et l'absence d'accumulation d'hydrogène. A court terme (d+3), le mélange des contenus de rumen a provoqué une augmentation des productions spécifiques de propionate au détriment de l'acétate et du méthane.

Dans les incubations C+M (tableau 2), l'intensité des fermentations, plus élevée qu'avec le substrat F+O, a significativement baissé après le mélange des contenus de rumen, sans modification persistante du profil fermentaire, à l'exception d'une baisse significative de la production spécifique de butyrate à d+141. Comme pour le substrat F+O, les productions spécifiques de méthane et d'hydrogène indiquent le maintien d'une activité méthanogène élevée et l'absence d'accumulation d'hydrogène.

2.3. Relation entre microbiote et paramètres fermentaires

Les liens entre la composition des microbiotes (analyse taxonomique effectuée au niveau du genre) et les paramètres fermentaires ont été testés en intégrant les 5 jours de mesures. Les paramètres fermentaires expliquant le plus de variabilité ont été sélectionnés. Pour les incubations F+O et C+M, les variables sélectionnées ont été différentes, avec pour F+O la sélection des productions spécifiques d'acétate et de propionate et pour C+M l'intensité des fermentations ainsi que les productions spécifiques de butyrate et d'acétate. Dans les 2 cas, la part de la variation totale expliquée par ces paramètres est significative (P=0,002 et P=0,001 pour F+O et C+M respectivement) mais faible (10,3 % et 12,2 % pour F+O et C+M respectivement pour les trois premiers axes). Les 15 genres de bactéries et d'archées les plus en lien avec ces paramètres sont présentés dans la figure 4 pour F+O et la figure 5 pour C+M.

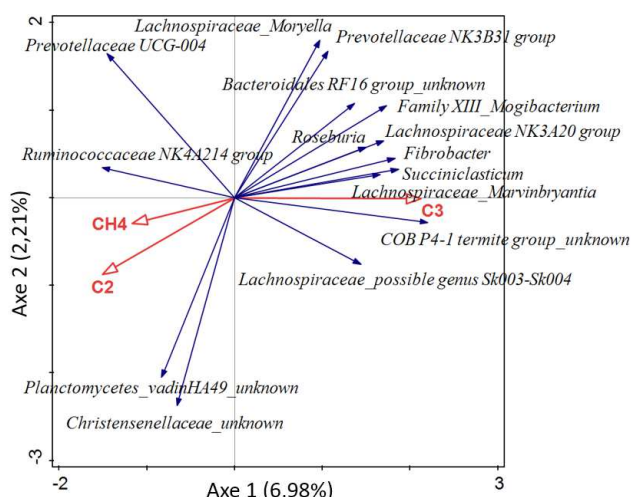


Figure 4 Graphique de l'analyse de redondances (RDA) basée sur les abondances relatives des microorganismes (affiliés au niveau du genre) composant le microbiote ruminal des 12 chèvres, contraint par les productions spécifiques de propionate (C3), acétate (C2) et méthane (CH4) pour les incubations à partir du foin et d'orge (F+O)

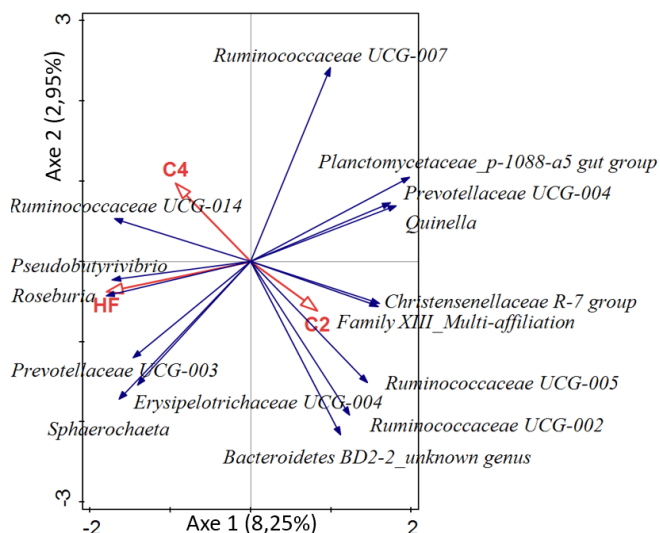


Figure 5 Graphique de l'analyse de redondances (RDA) basé sur les abondances relatives des microorganismes (affiliés au niveau du genre) composant le microbiote ruminal des 12 chèvres, contraint par l'intensité des fermentations (HF) et les productions spécifiques d'acétate (C2) et de butyrate (C4) pour les incubations à partir de cellobiose et de maltose (C+M)

Parmi ces 15 genres présentés figure 4, pour les incubations F+O, les *Ruminococcaceae*, les *Fibrobacter* et les *Prevotellaceae_NK3B31* présentent des abondances relatives respectivement élevées : 5,8%, 1,2% et 1,2%. Certaines *Lachnospiraceae* (*Marvinbryantia*, *Roseburia* et groupe NK3A20) ainsi que *Fibrobacter* et *Acidaminococcaceae_Succinivibrionaceae* prédominent dans le groupe lié à la production spécifique de propionate en opposition à la production d'acétate. Malgré la sélection du méthane, les archées méthanogènes, principalement représentées par *Methanobrevibacter* et représentant 3,5 % des abondances relatives, ne figurent pas parmi les 15 genres sélectionnés. Pour les incubations C+M, le genre *Christensenellaceae* a présenté une abondance particulièrement élevée de 16%, suivi des *Ruminococcaceae_UCG-014* et des *Prevotellaceae_UCG-003* abondantes à respectivement 2,3% et 1,2% (Figure 5). Les *Ruminococcaceae* prédominent sur l'axe opposant les productions spécifiques d'acétate et de butyrate.

3. DISCUSSION

Chez les chèvres comme chez les vaches, il a été montré que chaque microbiote est constitué d'une part présente chez tous les individus (« noyau ») et d'une part variable spécifique à chaque individu (Henderson *et al.*, 2015). La réinoculation de chaque chèvre avec un microbiote identique issu de l'homogénéisation des 12 microbiotes a augmenté de façon logique la diversité α après la perturbation. Cette augmentation qui perdure à d+141 indique que l'implantation d'espèces non présentes initialement chez chaque chèvre a persisté plusieurs mois et semble être durable.

Suite à la perturbation, les communautés microbiennes semblaient stabilisées à d+114 et d+141 mais sans retour à l'état initial. Ces résultats sont en contradiction avec ceux de l'équipe de Weimer *et al.* (2017) qui avait observé chez des vaches en lactation un retour à un état proche de celui avant échange de contenus ruminaux entre individus et à nos résultats obtenus suite au même type de perturbation chez des chèvres en lactation nourries avec une ration riche en glucides fermentescibles (Gomes *et al.*, 2019). En

conséquence, cette différence pourrait davantage être liée au type de ration (ration très riche en fibres pour cette étude vs ration de production pour Weimer et al. (2017) et Gomes et al. (2019)), au statut physiologique des animaux (animaux taris vs animaux en lactation) qu'à l'introduction de rumiluz (10%) dans la ration 2 des chèvres 4 jours avant la perturbation. Cette dernière hypothèse est peu probable en raison de la très grande similarité des analyses chimiques des 2 rations.

Les relations entre variables fermentaires issues de l'ACP sur l'ensemble des résultats d'incubation sont conformes à la littérature (Jouany *et al.*, 1995). L'intensité des fermentations est associée à une plus forte production spécifique de propionate, caractéristique des substrats très fermentescibles, en opposition à des fermentations typiques des rations riches en polysides pariétaux qui produisent via l'acetyl-CoA et le formate de l'acétate, du butyrate et du méthane en plus grandes proportions.

A d+114 et d+141, les communautés microbiennes sont très proches. En revanche, les productions spécifiques des AGCC sont significativement différentes indiquant un découplage entre structure du microbiote et fonctions fermentaires. Les résultats montrent que, dans les incubations F+O, les relations entre paramètres fermentaires et abondances relatives des genres bactériens sont faibles. Certaines relations sont en partie expliquées par les observations disponibles sur le métabolisme des genres sélectionnés (De Vos *et al.*, 2009). Certains *Lachnospiraceae* du genre *Roseburia*, en opposition à C2 dans la figure 4, consomment de l'acétate. Les *Fibrobacteraceae*, *Acidaminococcaceae* *Succiniclaticum*, genres alignés avec C3, peuvent produire du succinate ou du propionate à partir de succinate. Dans les incubations C+M, la part de variation compositionnelle des communautés ruminales expliquée par les paramètres fermentaires est légèrement plus élevée. Les relations observées sont aussi partiellement associées aux données microbiologiques publiées. A nouveau, les *Lachnospiraceae* *Roseburia*, plus alignées avec C4 que C2 dans la figure 5, consomment de l'acétate et fermentent maltose et cellobiose en butyrate et en formate. De même, les *Lachnospiraceae* *Pseudobutyrvibrio*, plus proches de la variable C4 sur la figure 4, comptent l'espèce bactérienne (*Pseudobutyrvibrio xylanivorans*) anaérobie productrice de butyrate la plus communément isolée dans le rumen des ovins et des bovins, à partir de la dégradation d'une grande variété de substrats dont le cellobiose et le maltose. Enfin, la présence de plusieurs genres de *Ruminococcaceae* sur l'axe passant par les variables C4 et C2 est à lier avec les différences entre ces genres dans la possibilité de métaboliser l'acétate. L'absence d'association forte entre l'abondance des archées méthanogènes et la production spécifique de méthane, avec le régime F+O, a déjà été observée dans plusieurs études (Firkins et Yu, 2015) suggérant que ce critère n'est pas un marqueur fiable de la production de méthane. Au-delà de notre connaissance parcellaire de la contribution individuelle des taxons aux fermentations, les relations entre données taxonomiques et variables fermentaires peuvent aussi découler d'interactions trophiques entre plusieurs taxons qu'il est difficile d'établir au sein d'un écosystème aussi complexe que le rumen.

CONCLUSION

En conclusion, avec une ration riche en fibres, suite à notre perturbation, le microbiote s'est stabilisé sans retourner à la composition initiale. Quel que soit le substrat, l'intensité et les productions spécifiques d'AGCC et de gaz ont peu évolué suite à la perturbation. Les variations des intensités et profils fermentaires observés semblent peu expliquer la variabilité observée de la structure compositionnelle du microbiote. Malgré les modifications importantes subies par le microbiote ruminal au niveau structurel, celui-ci reste très résilient sur le plan fonctionnel global (métabolique). Ces résultats suggèrent que la modulation dirigée de la structure du microbiote ruminal n'est pas un levier d'action efficace sur les intensités et profils fermentaires dans le rumen.

Nous remercions l'équipe de la chèvrerie expérimentale de l'UMR MoSAR pour l'entretien des animaux, Aurélie Hagneau pour la réalisation des analyses de laboratoires sur le microbiote et la plateforme Genotoul pour le séquençage des amplicons.

- Broudiscou, L.P., Laguna, O., Lecomte, J., Sole-Jamault, V. et Dauguet, S. 2020.** Ocl-Oilseeds and Fats Crops and Lipids, 27, 1-6
- Broudiscou, L.P. et Lassalas, B. 2000.** Reprod. Nutr. Dev., 40, 431-440
- Broudiscou, L.P., Offner, A. et Sauvant, D. 2014.** Animal, 8, 931-937
- De Vos, P., Garrity, G.M., Jones, D., Krieg, N.R., Ludwig, W., Rainey, F.A., . . . Whitman, W.B. 2009.** Bergey's manual of systematic bacteriology. Dordrecht, Springer.
- Demeyer, D.I. et Van Nevel, C.J. 1975.** in I.W. McDonald et A.C.I. Warner (Editors), Digestion and metabolism in the ruminant. Armidale, Australia. 366-382.
- Escudie, F., Auer, L., Bernard, M., Mariadassou, M., Cauquil, L., Vidal, K., . . . Pascal, G. 2018.** Bioinformatics, 34, 1287-1294
- Firkins, J.L. et Yu, Z. 2015.** J. Anim. Sci., 93, 1450-1470.
- Gomes, P., Broudiscou, L.P., Mosoni, P. et Berthelot, V. 2019.** EAAP, Ghent, Belgique. 309.
- Henderson, G., Cox, F., Ganesh, S., Jonker, A., Young, W., Global Rumen Census, C., . . . Janssen, P.H. 2015.** Scientific Reports 5, 14567 DOI
- Jouany, J.P., Broudiscou, L.P., Prins, R.A. et Komisarczukbony, S. 1995.** in R. Jarrige, Y. Ruckebusch, C. Demarquilly, M.H. Farce et M. Journet (Editors), Nutrition Des Ruminants Domestiques. Paris, France. 349-381.
- Weimer, P.J., Cox, M.S., de Paula, T.V., Lin, M., Hall, M.B. et Suen, G. 2017.** J. Dairy Sci., 100, 7165-7182
- Yu, Z.T. et Morrison, M. 2004.** BioTechniques, 36, 808-812