

Août 2012

F



منظمة الأغذية
والزراعة للأمم
المتحدة

联合国
粮食及
农业组织

Food and
Agriculture
Organization
of the
United Nations

Organisation des
Nations Unies
pour
l'alimentation
et l'agriculture

Продовольственная и
сельскохозяйственная
организация
Объединенных
Наций

Organización
de las
Naciones Unidas
para la
Alimentación y la
Agricultura

COMMISSION DES RESSOURCES GENETIQUES POUR L'ALIMENTATION ET L'AGRICULTURE

Point 6 de l'ordre du jour provisoire

GROUPE DE TRAVAIL TECHNIQUE INTERGOUVERNEMENTAL SUR LES RESSOURCES ZOOGÉNÉTIQUES POUR L'ALIMENTATION ET L'AGRICULTURE

Septième session

Rome, 24-26 octobre 2012

SITUATION ET TENDANCES EN CE QUI CONCERNE LES MICRO- ORGANISMES INTERVENANT DANS LA DIGESTION CHEZ LE RUMINANT

Table des matières

	Paragraphes
I. INTRODUCTION	1 – 4
II. MICRO-ORGANISMES ET DIGESTION RUMINALE: ÉTAT DES CONNAISSANCES ET TENDANCES.....	5 – 11
III. PERSPECTIVES FUTURES EN MATIÈRE DE RECHERCHE ET D'INNOVATION.....	12 – 15
IV. INDICATIONS QUE LE GROUPE DE TRAVAIL EST INVITÉ À DONNER.....	16

Le tirage du présent document est limité pour réduire au maximum l'impact des méthodes de travail de la FAO sur l'environnement et contribuer à la neutralité climatique. Les délégués et observateurs sont priés d'apporter leur exemplaire personnel en séance et de ne pas demander de copies supplémentaires. La plupart des documents de réunion de la FAO sont disponibles sur internet, à l'adresse www.fao.org.

SITUATION ET TENDANCES EN CE QUI CONCERNE LES MICRO-ORGANISMES INTERVENANT DANS LA DIGESTION CHEZ LE RUMINANT

I. INTRODUCTION

1. À sa douzième session ordinaire, la Commission des ressources génétiques pour l'alimentation et l'agriculture (la Commission) a souligné la nécessité d'évaluer la situation et les tendances relatives aux micro-organismes intéressant l'alimentation et l'agriculture. Dans cette optique, elle a demandé au Secrétariat de préparer, en vue de leur examen à sa quatorzième session ordinaire, des analyses et des études supplémentaires sur la situation et les tendances en ce qui concerne les micro-organismes, s'agissant de la digestion chez le ruminant, des processus agro-industriels et de la transformation des aliments¹.
2. À sa treizième session ordinaire, la Commission a de nouveau insisté sur la nécessité de faire avancer ces travaux en collaboration avec des organisations internationales et des institutions scientifiques compétentes, et a demandé à ses groupes de travail techniques intergouvernementaux d'examiner les évaluations relevant de leurs domaines de compétence respectifs².
3. Le présent document fournit une vue d'ensemble d'une étude portant sur l'état des connaissances, les tendances et les perspectives concernant les micro-organismes et la digestion ruminale. La version intégrale fait l'objet d'un document d'information publié sous le titre *Micro-organisms and ruminant digestion: state of knowledge, trends and future prospects*³.
4. Cette étude rend compte de l'évolution de la recherche sur la microbiologie du rumen et donne un aperçu des connaissances actuelles sur l'écosystème microbien ruminal. Elle analyse également les possibilités qu'offrent les nouvelles technologies de séquençage de l'ADN aux fins d'une amélioration de la productivité de l'élevage et de l'atténuation des incidences des systèmes de production animale sur l'environnement.

II. MICRO-ORGANISMES ET DIGESTION RUMINALE: ÉTAT DES CONNAISSANCES ET TENDANCES

5. Au cours de ces dix dernières années, la croissance de la population humaine, la diminution des terres arables due à la dégradation des sols, à l'urbanisation et à l'industrialisation, ainsi que l'augmentation parallèle de la demande de produits de l'élevage, ont modifié de manière spectaculaire le secteur mondial de l'élevage s'agissant des ruminants (bovins, ovins, caprins, buffles, camélidés et yacks). Des changements sont observés en particulier au niveau de la taille des cheptels régionaux et des systèmes de gestion et d'alimentation dont les ruminants font l'objet. L'éventail des attributs de qualité de la production animale s'élargira, non seulement pour ce qui est des produits eux-mêmes, mais aussi des méthodes de production. Le secteur de l'élevage sera donc appelé à relever de nouveaux défis: il faudra améliorer la productivité tout en protégeant l'environnement et la santé humaine et en assurant la conservation et l'utilisation durable des ressources naturelles, y compris de l'ensemble des éléments constitutifs de la biodiversité nécessaire à l'alimentation et à l'agriculture.
6. Compte tenu des tendances récemment observées dans la production animale mondiale, l'écologie microbienne du rumen et la diversité des micro-organismes présents dans le pré-estomac des ruminants ont fait l'objet d'une attention accrue. Les micro-organismes qui colonisent le système digestif des ruminants jouent un rôle important dans la conversion du fourrage en produits finis, avec des incidences tant sur l'animal que sur l'environnement. Le renforcement du secteur de l'élevage, en

¹ CGRFA-12/09/Rapport, paragraphe 60.

² CGRFA-13/11/Rapport, paragraphe 91.

³ CGRFA/WG-AnGR-7/12/Inf. 8.

termes quantitatifs et en termes de productivité, entraînera la nécessité croissante, surtout dans les pays en développement, de bien comprendre ces processus pour pouvoir améliorer la gestion et l'utilisation des fourrages et des autres ressources naturelles dont dépend la mise au point de systèmes d'alimentation durables.

7. Récemment encore, les connaissances relatives à la microbiologie du système digestif des ruminants étaient obtenues principalement à l'aide de techniques de culture classiques et ne concernaient probablement que 10 à 20 pour cent de la population microbienne du rumen. Selon les estimations, ce microbiote et son génome collectif (le « microbiome ») contient 100 fois plus de gènes que l'animal hôte et apporte à ce dernier des capacités génétiques et métaboliques que le ruminant n'a pas eu besoin de développer en propre, y compris pour l'hydrolyse et la fermentation de nutriments et de toxines inaccessibles. Ces processus font intervenir divers microbes du rumen qui ont été redéfinis et classés en trois catégories: bactéries (eubactéries), archées (bactéries méthanogènes) et eucaryotes (protozoaires ciliés et champignons anaérobies du rumen).

8. Les progrès réalisés dans le domaine de l'écologie microbienne moléculaire grâce à l'analyse phylogénétique des gènes codant l'ARN ribosomique 16S, ont permis d'identifier et de quantifier le microbiote normalement présent dans le rumen. Ce système de classification microbienne, joint au séquençage profond de l'ADN présent dans le rumen, a révélé la présence de populations complexes qui ont évolué en parallèle avec le ruminant hôte en fonction des conditions environnementales (base fourragère, etc.) et de la physiologie du système digestif de l'animal. Les populations microbiennes varient selon les espèces et les races⁴, mais de nouveaux éléments indiquent maintenant que le microbiome bactérien et le potentiel métabolique du rumen diffèrent aussi entre les animaux d'une même race nourris des mêmes aliments, lorsqu'on considère l'utilisation des éléments nutritifs.

9. L'analyse des séries de données mondiales disponibles dans les bases de données publiques montre que la majorité (> 90 pour cent) des archées du rumen sont apparentées aux genres *Methanobrevibacter* (> 60 pour cent) et *Methanomicrobium* (~ 15 pour cent), et à un groupe d'archées non cultivées appelé RCC (*rumen cluster C*) (~ 16 pour cent), lignée apparentée aux thermoplasmatales (TALC) et dont la fonction est inconnue. Les approches métagénomiques ont récemment permis de reconstituer le génome des bactéries méthanogènes RCC à partir d'une culture mixte, sans qu'il ait été nécessaire d'isoler l'organisme. Cette analyse a révélé une nouvelle activité métabolique qui est telle que les bactéries méthanogènes RCC produisent proportionnellement de plus grandes quantités de méthane que les *Methanobrevibacter* autotrophes.

10. Il est important de noter que les bactéries méthanogènes RCC constituaient la population majoritaire chez plusieurs espèces de ruminants, en particulier les yaks, les bovins et les ovins, élevés dans une même région agroéconomique du centre de la Chine. Chez ces animaux, les similarités dans les populations méthanogènes étaient plus grandes que celles qu'on s'attend à trouver dans les cheptels de ruminants soumis à des régimes alimentaires conventionnels dans les pays industrialisés. Cette constatation apporte une preuve supplémentaire de l'interaction qui existe entre les conditions environnementales et la physiologie de l'animal, et qui régit l'acquisition, la colonisation et la structure finale du microbiome chez l'animal adulte. La composition de la population méthanogène dans le rumen immature joue un rôle important du point de vue de la quantité de méthane émise (gaz à effet de serre), dans la mesure où certaines bactéries méthanogènes produisent plus ou moins de méthane selon la voie métabolique codée dans leur génome. Les conditions environnementales peuvent donc conditionner les populations de bactéries méthanogènes acquises à la naissance, lesquelles déterminent la structure de la population méthanogène chez l'animal adulte et, partant, le potentiel de production de méthane.

11. Par ailleurs, on constate une diversité génétique parmi les espèces bactériennes présentes dans le rumen, diversité qui a une importance à la fois pratique et économique. Ainsi, des études montrent que la bactérie *Synergistes jonesii*, qui permet de détoxifier le fourrage issu de *Leucaena*, une légumineuse présentant un intérêt économique important, est génétiquement différente selon la région

⁴ Des données récentes relatives à certaines races asiatiques de bovins révèlent la présence, dans le rumen, d'une population bactérienne différente de celle des bovins de race Holstein, étayant ainsi l'hypothèse selon laquelle le génotype de l'animal hôte serait un facteur important de la composition de la population bactérienne.

géographique. Cette bactérie, prélevée chez des ruminants élevés hors du pays, a été introduite chez les bovins australiens, qui en étaient dépourvus et étaient de ce fait exposés à des risques d'intoxication par la mimosine présente dans la plante. La diversité génétique de cette espèce pourrait permettre d'introduire des souches ayant un plus grand pouvoir détoxifiant dans les régions qui dépendent de systèmes de culture de *Leucaena* pour assurer une production durable.

III. PERSPECTIVES FUTURES EN MATIÈRE DE RECHERCHE ET D'INNOVATION

12. Un certain nombre d'innovations majeures ont vu le jour, dans les dix dernières années, en particulier dans le domaine de la métagénomique, suite à l'apparition de technologies économiquement accessibles axées sur les acides nucléiques, et à l'évolution rapide des plateformes de séquençage d'ADN, sans culture préalable, pour l'étude de la diversité des écosystèmes microbiens complexes. Ces nouvelles technologies peuvent permettre de saisir et d'étudier le microbiome dans son intégralité (les génomes prédominants) à partir de la population microbienne complexe présente dans le rumen, et d'en déterminer la composition non seulement structurale (« quels sont les micro-organismes présents ») mais aussi fonctionnelle (« ce qu'ils font »).

13. Grâce aux progrès rapides qui ont été réalisés dans la mise au point d'outils d'annotation et de plateformes informatiques pouvant être librement utilisés pour l'attribution de fonctions aux gènes, le séquençage et l'interprétation du génome des micro-organismes sont eux aussi devenus accessibles à l'ensemble de la communauté scientifique pour un coût abordable. Le nombre de micro-organismes du rumen (> 20) dont le génome a été séquencé et est maintenant publiquement disponible a augmenté. Mais les informations disponibles sur la composition génomique des champignons anaérobies du rumen et des protozoaires ciliés demeurent limitées et aucun génome n'a encore été publié pour ces organismes.

14. Face à ces enjeux, on a créé un réseau consacré à la génomique microbienne du rumen (le *Rumen Microbial Genomics Network* [RMG]) qui réunit des laboratoires de microbiologie du rumen, de grandes institutions spécialisées dans le séquençage d'ADN bénéficiant d'un financement public, et les conservateurs d'un certain nombre de collections publiques internationales de cultures. Le consortium ainsi constitué permettra de faciliter le séquençage et l'élaboration de nouvelles approches de la génomique microbienne du rumen et d'améliorer ainsi l'accès aux méthodes, aux séquences génomiques et aux données métagénomiques relatives aux populations microbiennes du rumen. Les informations de référence concernant le génome (plus de 1 000 isolats microbiens du rumen) seront utilisées pour constituer un catalogue (base de données) des gènes microbiens du rumen, accessible au public, et attribuer des fonctions à ces gènes, comme cadre pour la caractérisation du microbiome du rumen pour différents génotypes de ruminants et différentes conditions alimentaires et environnementales. Ces informations permettront d'étayer les efforts déployés au niveau international pour lancer de nouvelles recherches liées au génome, dont le but serait de mieux comprendre le fonctionnement du rumen et de trouver ainsi un équilibre entre la production alimentaire et les émissions de gaz à effet de serre. Cette collection de référence risque d'être biaisée en faveur des micro-organismes provenant de ruminants issus de systèmes de production industrialisés, à moins que des efforts coordonnés ne soient consentis pour encourager la participation de laboratoires situés dans des pays et des régions où les animaux ont évolué de manière à s'adapter au milieu naturel, en particulier dans les régions tropicales.

15. Les laboratoires de pays émergents ou en développement qui travaillent sur les ruminants peuvent apporter une contribution à ce catalogue en fournissant de l'ADN issu d'échantillons du rumen et de cultures d'isolats du rumen de races locales adaptées, ce qui permettra d'élargir le recensement géographique des micro-organismes présentant un intérêt pour de nombreuses zones agroéconomiques et conditions environnementales. Par ailleurs, dans les pays en développement, les laboratoires qui s'occupent de nutrition et s'intéressent à la microbiologie du rumen, pourraient tirer parti d'interactions futures avec des laboratoires de pointe, où les scientifiques locaux seront conseillés et formés aux techniques les plus récentes en matière d'écologie microbienne moléculaire.

IV. INDICATIONS QUE LE GROUPE DE TRAVAIL EST INVITÉ À DONNER

16. Le Groupe de travail souhaitera peut-être recommander à la Commission:

- de se féliciter de l'étude publiée sous le titre *Micro-organisms and ruminant digestion: state of knowledge, trends and future prospects* et de souligner l'importance de la diversité microbienne du rumen compte tenu de l'éventail des races et de leurs différents modes d'alimentation et face aux défis que sont la production animale, l'environnement et la santé au niveau mondial;
- d'inviter la FAO à lui faire un rapport sur l'évolution de la situation dans ce domaine, à sa quinzième session ordinaire, dans le cadre de l'examen des travaux des groupes de travail techniques intergouvernementaux sur l'application et l'intégration des biotechnologies pour la conservation et l'utilisation durable des ressources génétiques pour l'alimentation et l'agriculture; et
- de demander à la FAO de continuer à faire rapport sur l'évolution de la situation dans ce domaine, en inscrivant éventuellement cette question dans le deuxième rapport sur l'État des ressources zoogénétiques pour l'alimentation et l'agriculture dans le monde ou dans le rapport sur L'État de la biodiversité pour l'alimentation et l'agriculture dans le monde.