

Isolement et caractérisation de souches de clostridies potentiellement nouvelles à partir du tractus gastro-intestinal du poulet

Chalghoumi Raja¹, Brian B. Oakley², J. Eric Line², Bruce S. Seal²

1: University of Carthage, College of Agriculture - Mateur, Department of Animal Science, Tabarka Road, 7030 Mateur, Bizerte, Tunisia

2: USDA Agricultural Research Service, Richard B. Russell Agricultural Research Center, 950 College Station Road, A

Résumé

La suppression des antibiotiques, à effet facteur de croissance, de l'alimentation animale, comme il a été mandaté par l'Union européenne et la Tunisie en 2006 et 2012, respectivement, implique le développement de nouvelles stratégies pour optimiser les performances zootechniques, préserver la santé animale et contrôler les agents pathogènes d'origine alimentaire.

L'utilisation de bactéries de la microflore intestinale normale comme probiotiques présente plusieurs avantages ; y compris la viabilité dans l'hôte et la capacité de concurrencer des taxons écologiquement similaires et du même environnement. Par ailleurs, c'est une justification solide pour l'obtention de l'approbation réglementaire.

Dans le tractus gastro-intestinal du poulet (TGI), nombreuse études récentes ont révélé que les Firmicutes, en particulier *Clostridium spp.*, sont numériquement dominants et écologiquement importants. Les Clostridies comprennent certains taxons qui sont pathogènes pour la volaille et / ou l'Homme tels que *Clostridium septicum*, *C. difficile* et *C. perfringens*. Ils incluent aussi des taxons ayant une activité probiotique potentielle. Sur cette base, nous avons entrepris une approche systématique pour isoler et caractériser de nouvelles souches de *Clostridium* naturellement présentes dans le TGI du poulet.

Parmi les cultures axéniques effectuées, deux cultures appartenaient au genre *Clostridium* et représentent des espèces potentiellement nouvelles dans le Groupe I sur la base de la séquence du gène codant l'ARNr 16S. La reconstruction phylogénétique a montré que l'isolat C2-6 se situe dans un clade avec *C. saccharoperbutylacetonicum* et *C. beijerinckii*. L'isolat C1-8 est plus proche de *C. paraputrificum*, *C. celatum*, et *C. butyricum*. Le séquençage du génome de ces deux souches a révélé plusieurs caractéristiques intéressantes, dont la présence de gènes codant pour des holines et des endolysines bactériophagiennes. L'isolat C1-8 possède une endolysine bactériophagienne annotée présentant une similarité significative aux chitinases, et aux bactériocines type R qui peuvent être employés comme des agents bactéricides alternatifs. La caractérisation phénotypique des isolats a révélé une activité anti-microbienne contre *C. perfringens*, *C. septicum*, et *C. difficile*.

Mots clés : Poulet, Microflore intestinale, Clostridies, probiotiques.