



Biological Resource Centers  
for Domestic Animals

### 4th International Seminar of CRB-Anim Infrastructure

CRB-Anim : past, present and futur

May 30-31, 2022

## Existence d'un contrôle génétique des bactéries du rumen chez la brebis laitière Lacaune

G. Martinez Boggio, A. Meynadier, C. Marie-Etancelin

GenPhySE - INRAE – ENVT – Université de Toulouse, 24 Chemin de Borde Rouge, 31326, Castanet-Tolosan, France.

Au sein du complexe **holobionte**, le microbiote digestif possède un rôle particulier : à l'instar des gènes de l'hôte, il est impliqué dans le déterminisme des caractères des êtres vivants. Cependant, il peut être lui-même sous dépendance de la génétique de son hôte. Chez le ruminant, le microbiote d'intérêt se situe dans le rumen, car il permet la transformation des fibres végétales ingérées en nutriments pour l'animal. L'objectif du programme ARMOr était de caractériser finement le déterminisme génétique du microbiote ruminal de la brebis laitière en lien avec la composition du lait, en estimant les paramètres génétiques et réalisant des analyses d'associations pangénomiques (GWAS). Pour ce faire, le contenu ruminal de la phase liquide de 800 brebis Lacaune alimentées avec une ration à base de foin et d'ensilage d'herbe, a été prélevé et l'ADN extrait a été séquencé en ciblant le gène codant pour la région V3-V4 de l'ARN 16S spécifique aux bactéries. La composition fine en acides gras et protéines de leur lait a été prédite à partir des spectres MIR et les animaux ont été génotypés avec la puce 50 kSNP en utilisant la collection d'échantillons conservée au CRB @BRIDGE.

Parmi les 2059 Unités Taxonomiques Opérationnelles (OTUs) identifiées dans le contenu ruminal, l'abondance de 306 d'entre elles (soit 15%) a présenté une héritabilité significative comprise entre 0,10 et 0,29, avec une sur-représentation des bactéries du genre *Prevotella* parmi ces 306 OTUs. Les GWAS ont permis d'identifier 94 marqueurs SNP significatifs répartis sur 22 chromosomes pour 56 OTUs. Nous avons noté six zones QTLs pour des OTUs des genres *Prevotella* (OAR3 et OAR5), *Rikenellaceae* et *Ruminococcus* (OAR5), CAG-352 (OAR11) et un OTU de l'ordre des *Clostridia UCG-014* (OAR10), ainsi que trois régions qui ont présenté des signaux co-localisés pour *Prevotellaceae\_UCG-001* et *Prevotella* (OAR3), *Prevotellaceae* et *Lachnospiraceae* (OAR5), et *Prevotellaceae* et *F082* (OAR26). Les gènes sous-jacents aux signaux observés étaient très majoritairement associés au système immunitaire de l'hôte. Bien que 22 SNPs soient significatifs pour les caractères de composition fine des laits, aucune zone n'était commune à celles des OTUs. Le travail se poursuit par l'estimation de la microbiabilité et de la part transmissible de cette microbiabilité de la composition fine des laits.

Martinez Boggio G., Meynadier A., Buitenhuis A.J., Marie-Etancelin C., 2022. Sheep host genetics shape the rumen microbiota associated with dairy traits. Soumis à GSE. **Affiliation**





Biological Resource Centers  
for Domestic Animals

### 4th International Seminar of CRB-Anim Infrastructure

CRB-Anim : past, present and futur

May 30-31, 2022

## Evidence of a genetic control of rumen bacteria in Lacaune dairy sheep

**G. Martinez Boggio, A. Meynadier, C. Marie-Etancelin**

GenPhySE - INRAE – ENVT – Université de Toulouse, 24 Chemin de Borde Rouge, 31326, Castanet-Tolosan, France.

Within the holobiont complex, the gut microbiota has a special role: like the host's genes, it is involved in traits' determinism of living beings. However, it may itself be dependent on the genetics of its host. In ruminants, the microbiota of interest is located in the rumen, which allows the transformation of ingested plant fibres into nutrients for the animal. The objective of the ARMOr programme was to characterise in detail the genetic determinism of the ruminal microbiota of dairy sheep in relation to milk composition, estimating the genetic parameters and using genome-wide association studies (GWASs). To do this, the rumen liquid phase of 800 Lacaune ewes fed a hay and grass silage-based diet was collected and the extracted DNA was sequenced targeting the gene coding for the V3-V4 region of the bacterial-specific 16S RNA. The fine fatty acid and protein composition of their milk was predicted from MIR spectra and the animals were genotyped with the 50 k SNP chip by using the collection of samples preserved in the @BRIDGE BRC.

Among the 2,059 Operational Taxonomic Units (OTUs) identified in rumen liquid phase, the abundance of 306 (15%) showed a significant heritability between 0.10 and 0.29, with an over-representation of bacteria of the genus *Prevotella* among these 306 OTUs. GWAS identified 94 significant SNPs scattered on 22 chromosomes for 56 OTUs. We identified six QTLs for OTUs of *Prevotella* (OAR3 and OAR5), *Rikenellaceae* and *Ruminococcus* genera (OAR5), *Clostridia UCG-014* order (OAR10) and *CAG-352* genus (OAR11), and three regions showed co-located signals for *Prevotellaceae* (OAR3), *Prevotellaceae* and *Lachnospiraceae* (OAR5), and *Prevotellaceae* and *F082* (OAR26) bacterial families. The genes underlying the observed signals were overwhelmingly associated with host immune system processes. However, for the 22 significant SNPs for fine milk composition traits, no areas were common to those of the OTUs. The work continues with the estimation of the microbiability and the transmissible part of the microbiability of the milk fine composition.

*Martinez Boggio G., Meynadier A., Buitenhuis A.J., Marie-Etancelin C., 2022. Sheep host genetics shape the rumen microbiota associated with dairy traits. Submitted to GSE.*

