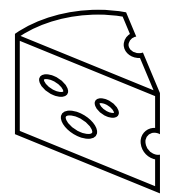


Projet **Litières** - Quelles influences des pratiques de gestion des litières sur les microbiotes des litières et la qualité des laits crus ?

Synthèse essais 1

Contact :
Projet : Blandine Polturat, CERAQ, blandise.polturat@ceraq.fr
Analyse : Cresciense Lecaude, CERAQ, cresciense.lecaude@ceraq.fr

- Importance des microflores des laits crus



...par rapport à la **qualité** des fromages au lait cru (qualités organoleptiques, lien au terroir)



...par rapport aux enjeux **sanitaires**

- **Constat** : appauvrissement de la microflore des laits crus et notamment une diminution des populations microbiennes d'intérêt fromager (Michel *et al.*, 2000)

- Des microflores aux origines multiples



Les litières sont un des réservoirs microbiens des laits

Constat : les filières fromagères AOP-IGP ont **peu de visibilité sur les pratiques** mises en œuvre pour gérer les litières et **peu de recul sur leurs conséquences** sur les écosystèmes microbiens.

Objectifs :

Mieux connaître :

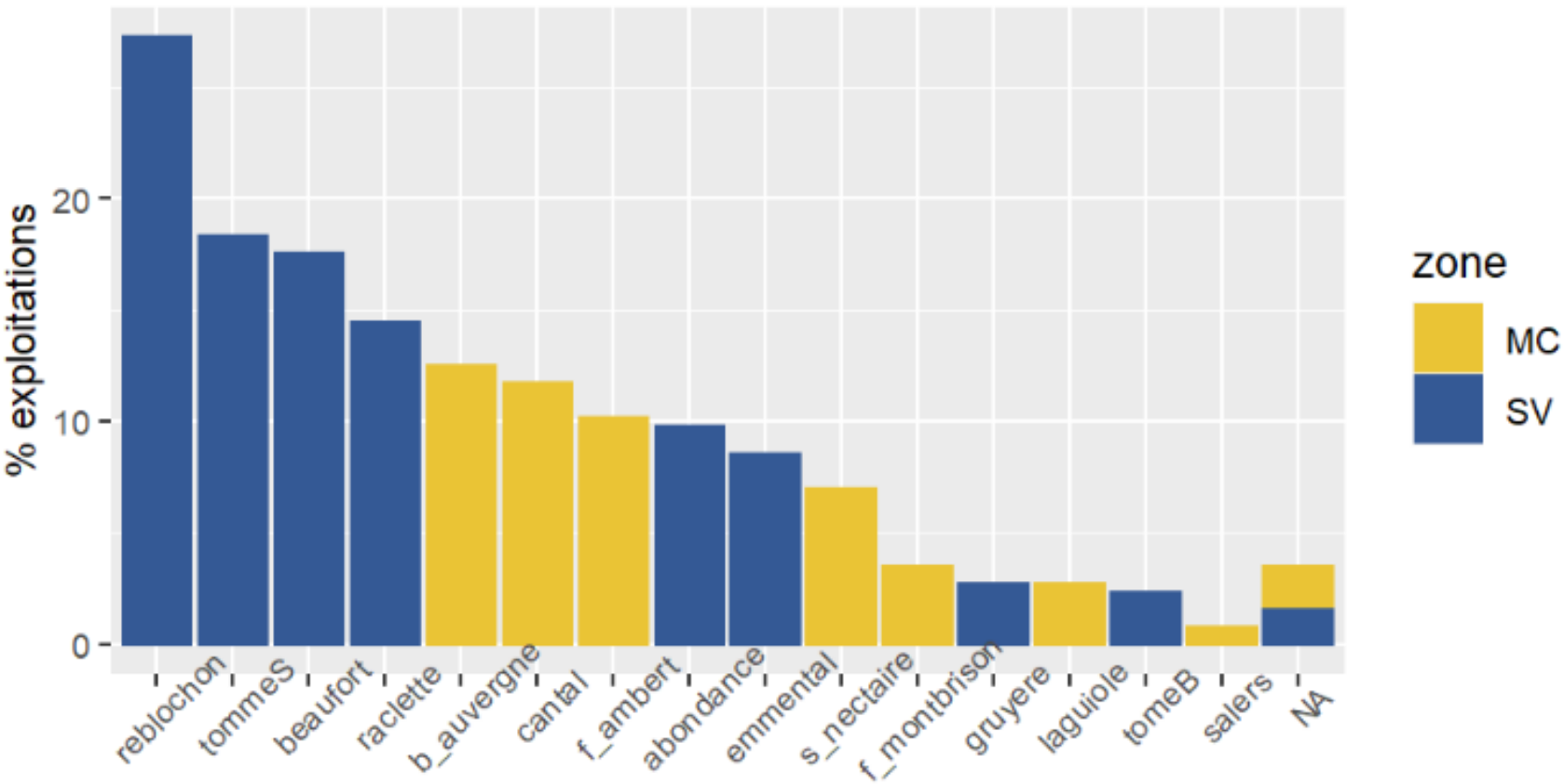
- les pratiques de gestion des litières mises en œuvre en AURA,
- Les microbiotes à la surface des zones de couchage selon les litières/logements utilisés
- l'impact d'une pratique de gestion des litières sur les microbiotes des litières et sur la qualité des laits (essais2)

... au regard des enjeux sanitaires et agroalimentaire (microflores utiles, indésirables, pathogènes).

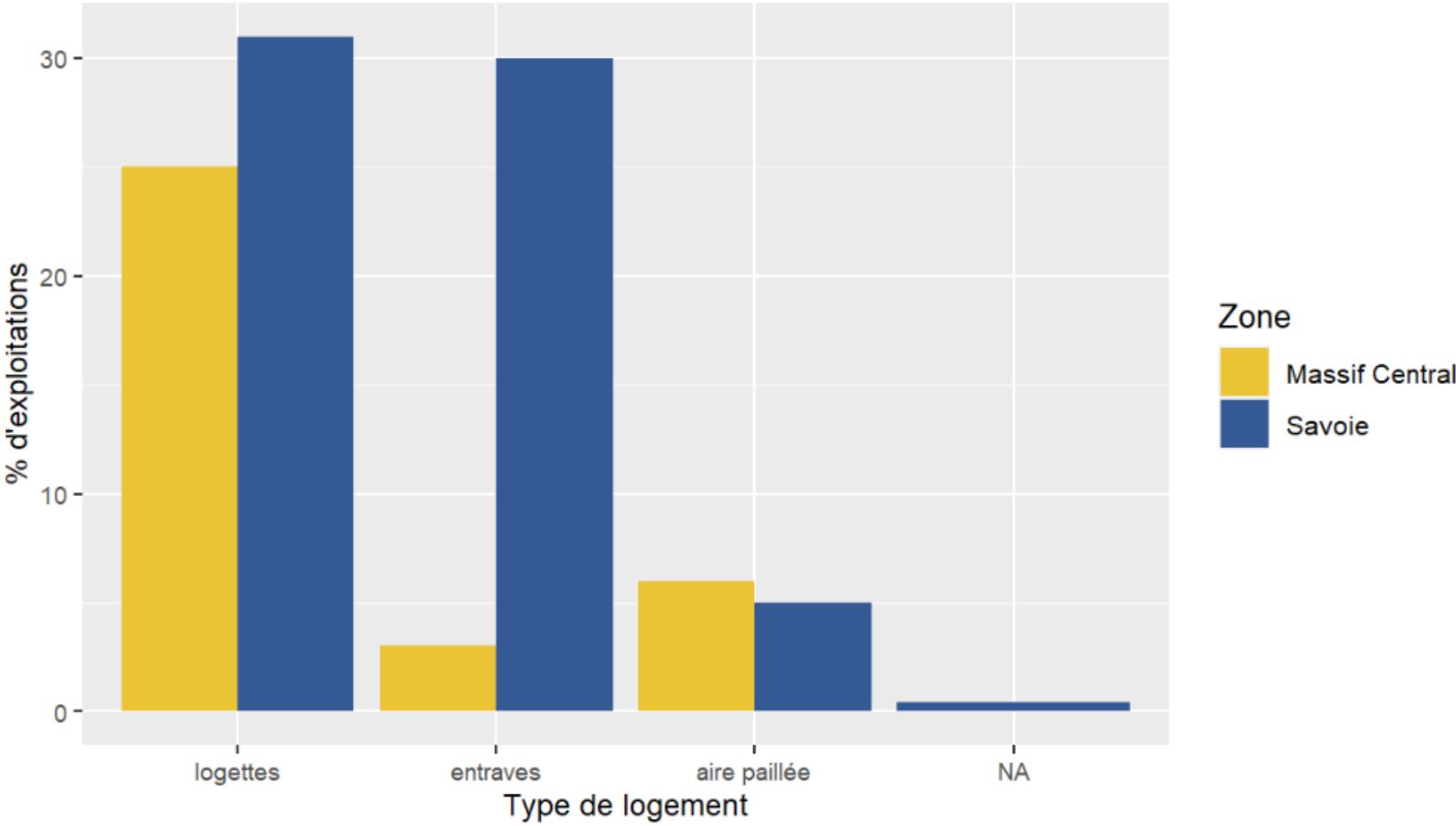
Partenaires du projet :



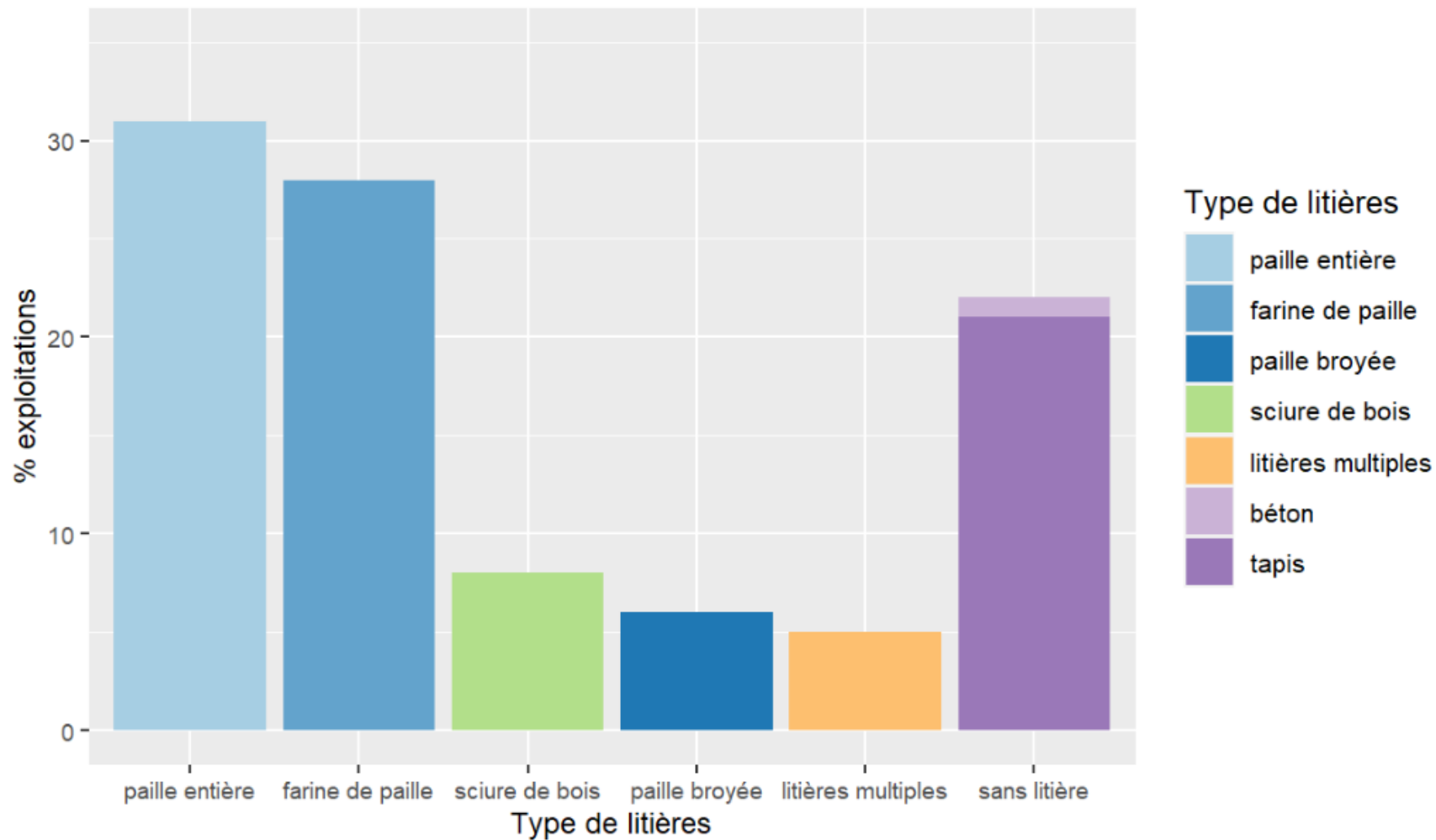
Réalisation d'un sondage web sur le territoire AURA
257 répondants, 86 dans le Massif Central, 171 dans les Savoie
15 filières fromagères différentes
Les entraves sont sur-représentées en Savoie



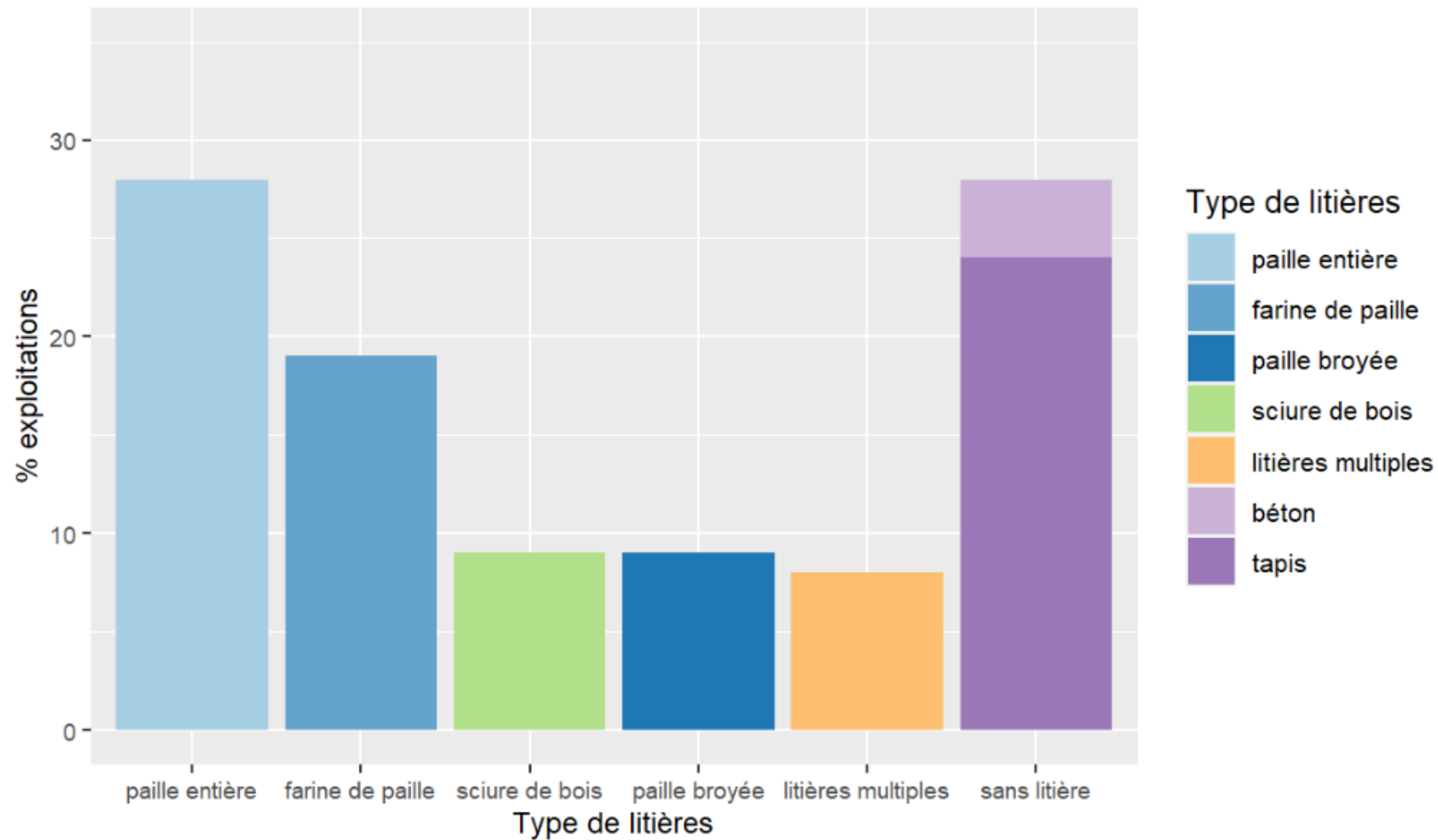
Proportions des filières fromagères des répondants



Proportions des types de logement utilisés selon les zones.



Proportions des types de litières utilisés dans le Massif-Central



Proportions des types de litières utilisés en Savoie

La paille entière représente la litière majoritaire dans le Massif-Central
La paille entière et les systèmes sans litières ont une fréquence similaire en Savoie

Quelles sont les spécificités des **microbiotes** en surface des zones de couchage des vaches laitières selon le type de **logement** en place et la **litière** utilisée ?



Prélèvements à la surface
des litières souillées



Hiver
2021-2022



3 visites
par ferme

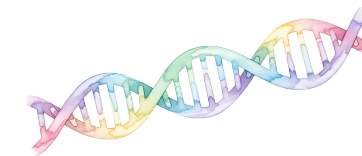
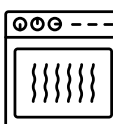
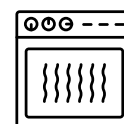
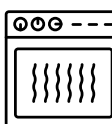
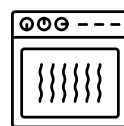


25 fermes
en Savoie et Haute-Savoie

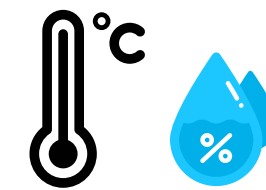


Litière : paille

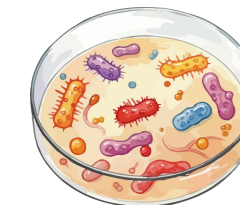
Logement : logettes



Métabarcoding 16S
pour chaque
répétition et
chaque système
3 réplicats pour
chaque répétition, 1
réplicat composé de
plusieurs points de
prélèvement le long
d'un transect

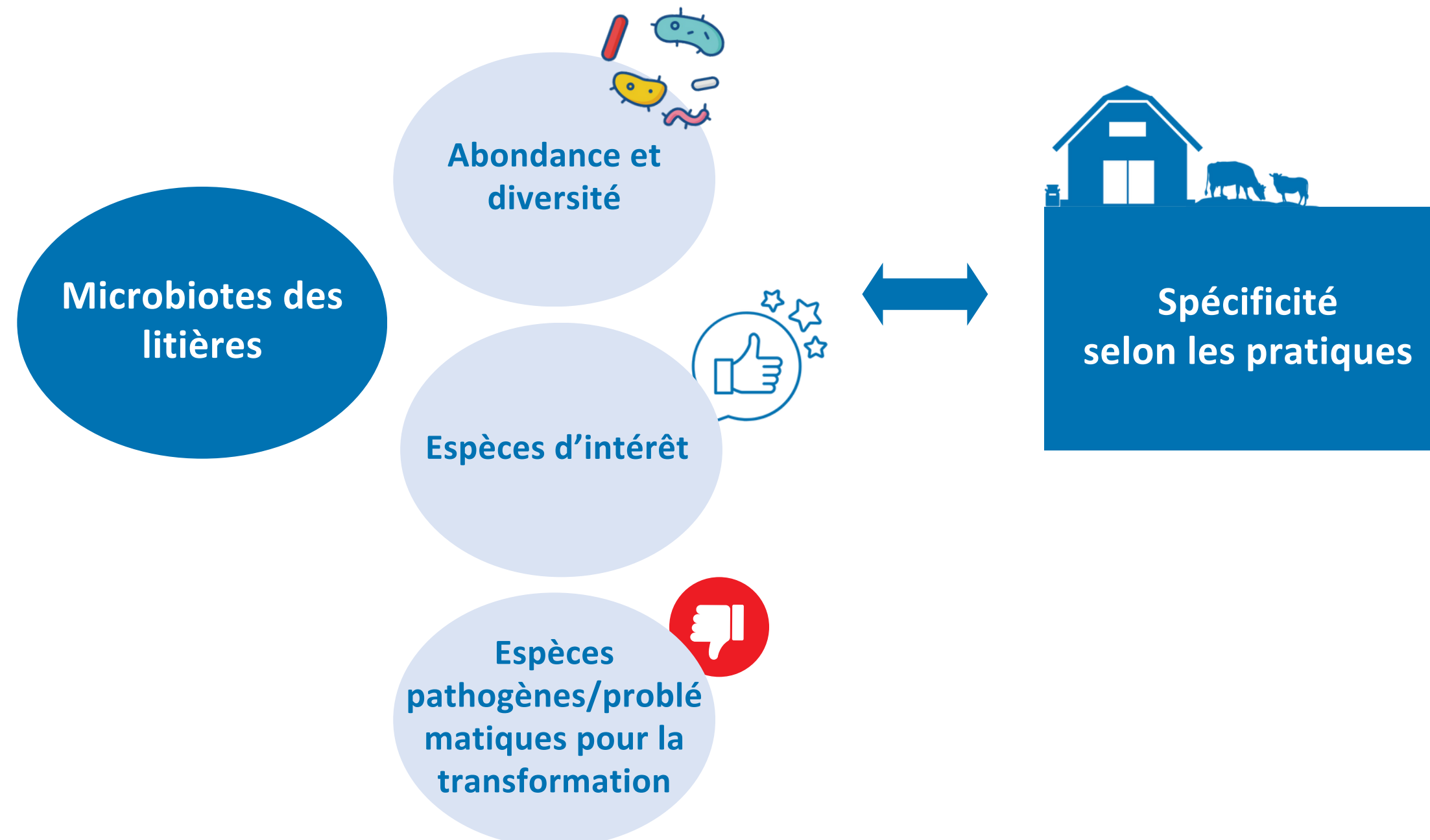


Température et
humidité de l'air pour
chaque répétition et
chaque système (3
réplicats pour chaque
répétition)



Dénombrement des coliformes,
microflore d'affinage, microflore
lactiques mésophiles, levures,
moisissures, bactéries à G-, butyriques,
FMAR pour chaque répétition et
chaque système

Quelles sont les spécificités des **microbiotes** en surface des zones de couchage des vaches laitières selon le type de **logement** en place et la **litière** utilisée ?





Dénombrement de groupes microbiens



Peut-on obtenir des informations
plus complètes et plus précises ?

Les abondances de **bactéries d'affinage** ($8.24 \pm 0.46 \log_{10}$)
sont globalement comparables entre les systèmes.

Etables entravée (paille)

+ de microflores lactiques mésophiles
que les autres systèmes ($+0.9$ à
 $+1.5 \log_{10}$)

+ de levures que les **logettes** ($+0.4$ à
 $+1.8 \log_{10}$)

+ de butyriques que les **logettes** (sauf
tapis) ($+0.55 \log_{10}$)

Aires paillées

+ de bactéries à GRAM – que les autres
systèmes ($+0.9$ à $+2.03 \log_{10}$)

+ de coliformes fécaux (sauf entrave)
($+0.37$ à $+1.16 \log_{10}$)

+ de butyriques que les **logettes** (sauf
tapis) ($+0.67 \log_{10}$)

Logettes (tapis)

- de levures ($+0.8$ à $+1.6 \log_{10}$)

- de bactéries à GRAM – ($+1$ à
 $+2 \log$).

N = 15 pour chaque système étudié (25
exploitations, 3 suivis par exploitation)
Test statistique : test post-hoc de
Kruskal-wallis au seuil 0,05.





La métagénétique

méthode basée sur l'étude de l'ADN présent dans un échantillon
(amplification d'un fragment de gène)

- Permet de connaître sans a priori beaucoup plus d' **espèces présentes** et leurs **abondances relatives**
(dont les spores, les non cultivables, les morts...)



~ 300

espèces bactériennes ont été retrouvées au total à la surface des zones de couchage des vaches laitières (25 fermes)

> 200

espèces de bactéries détectées en moyenne sur une litière, un jour donné

A titre de comparaison, le microbiote intestinal d'un humain comporte 160 espèces en moyenne.

[source](#)

> 200

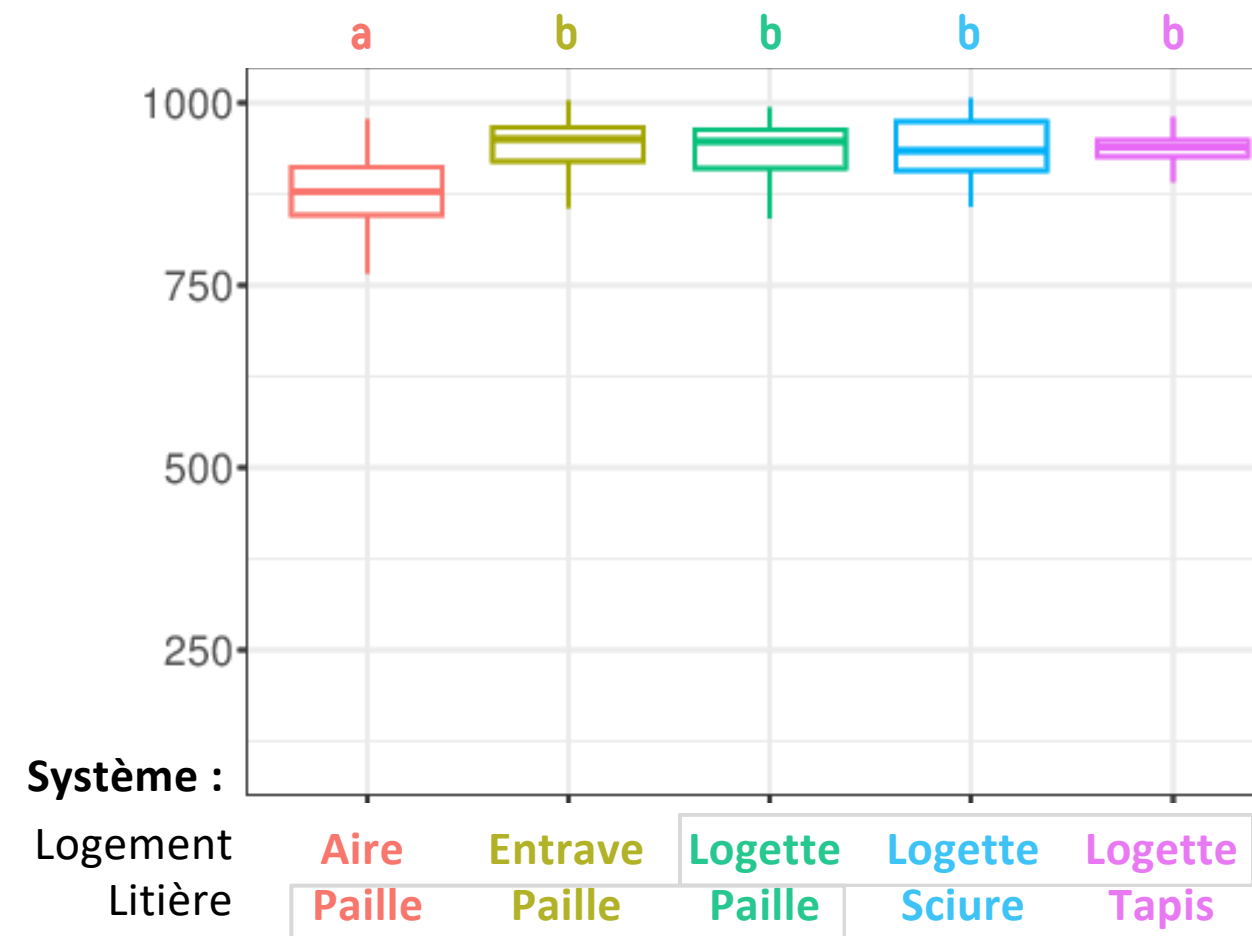
espèces de bactéries
détectées en moyenne sur
une litière, un jour donné

Aucune différence notable n'est
observée entre les différents
systèmes étudiés.

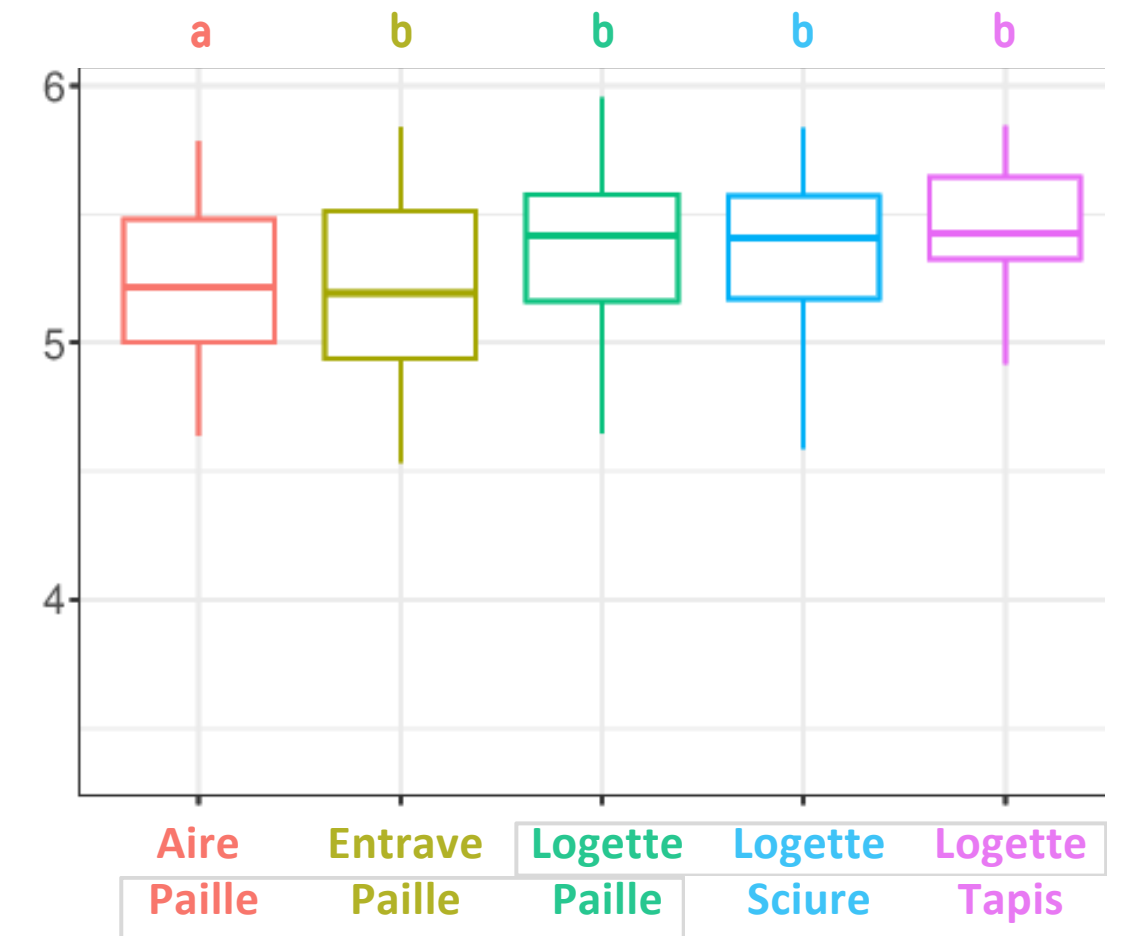
La richesse bactérienne et l'indice de Shannon
sont statistiquement plus faibles en surface
des aires paillées.



Richesse bactérienne
(en OTU¹)



Indice de Shannon²
(diversité d'OTU¹)



1 - OTU : regroupement d'individus proches génétiquement (une espèce bactérienne est composée de plusieurs OTU)

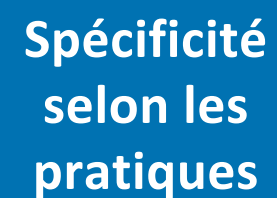
2 - Indice de Shannon : indicateur de diversité prenant en compte le nombre de microorganismes composant chaque OTU et leurs abondances relatives.



Les microbiotes sont-ils
tous les mêmes ?

Pour chaque système étudié : N = 45
échantillons sur 5 exploitations.

Tests statistiques : test post-hoc de Kruskal-
Wallis au seuil alpha = 0,05.

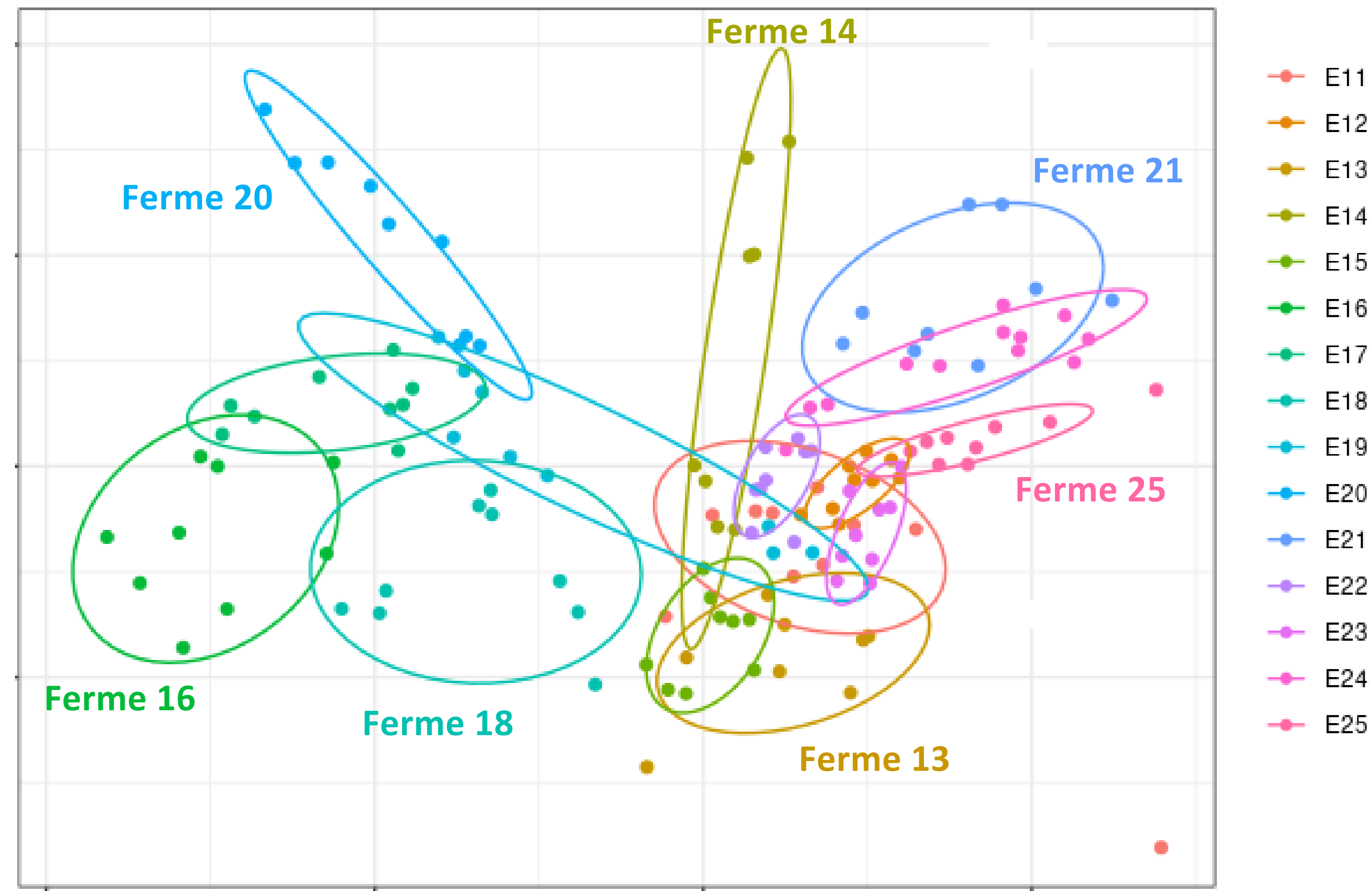


Comparaison des fermes

N = 135 échantillons (15 fermes, 3 suivis par fermes, 3 répliques biologiques)

Stress = 0.17, n = 9 par groupe

Litière : paille





Les microbiotes* en surface des zones de couchage **ne sont pas les mêmes** selon le type de logement mis en place.

*nature des espèces et abondances relatives

Comparaison des logements

Positionnement multidimensionnel non métrique (nMDS) selon les distances de Bray Curtis entre les compositions bactériennes des échantillons (metabarcoding 16S), selon le type de logement en place (aire, logette, ou étable entravée) pour les exploitations agricoles utilisant de la paille.

N = 135 échantillons (15 fermes, 3 suivis par fermes, 3 répliques biologiques)

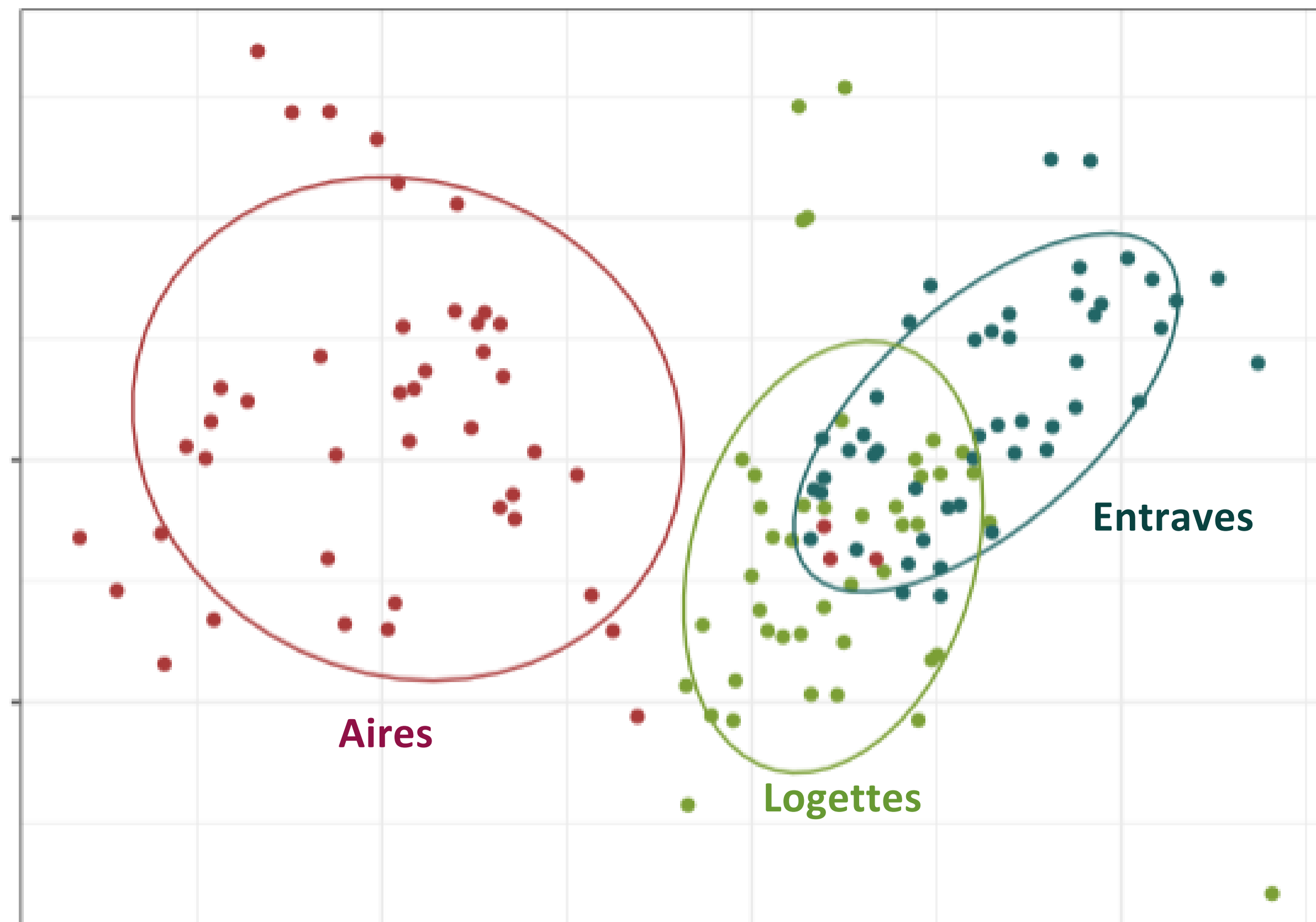
Test statistiques

Anosim

- Aire / entrave : $R^2 = 0.781$; p-value = $1e-04$, (20% de surestimation potentiellement)
- Logette / Aire : $R^2 = 0.23$; p-value = 0.001,
- Logette / Entrave : $R^2 = 0.12$

Stress = 0.15, n=45 par groupe

Litière : paille





Les microbiotes* en surface des zones de couchage **ne sont pas les mêmes** selon le type de litières utilisé.

*espèces et abondances relatives

Comparaison des litières

Positionnement multidimensionnel non métrique (NMDS) selon les distances de Bray Curtis entre les compositions bactériennes des échantillons (metabarcoding 16S), selon le type de litières utilisées (paille, sciure ou tapis sans litière) pour les exploitations agricoles disposant de logettes.

N = 135 échantillons (15 fermes, 3 suivis par ferme, 3 répliques biologiques)

Test statistique

Anosim

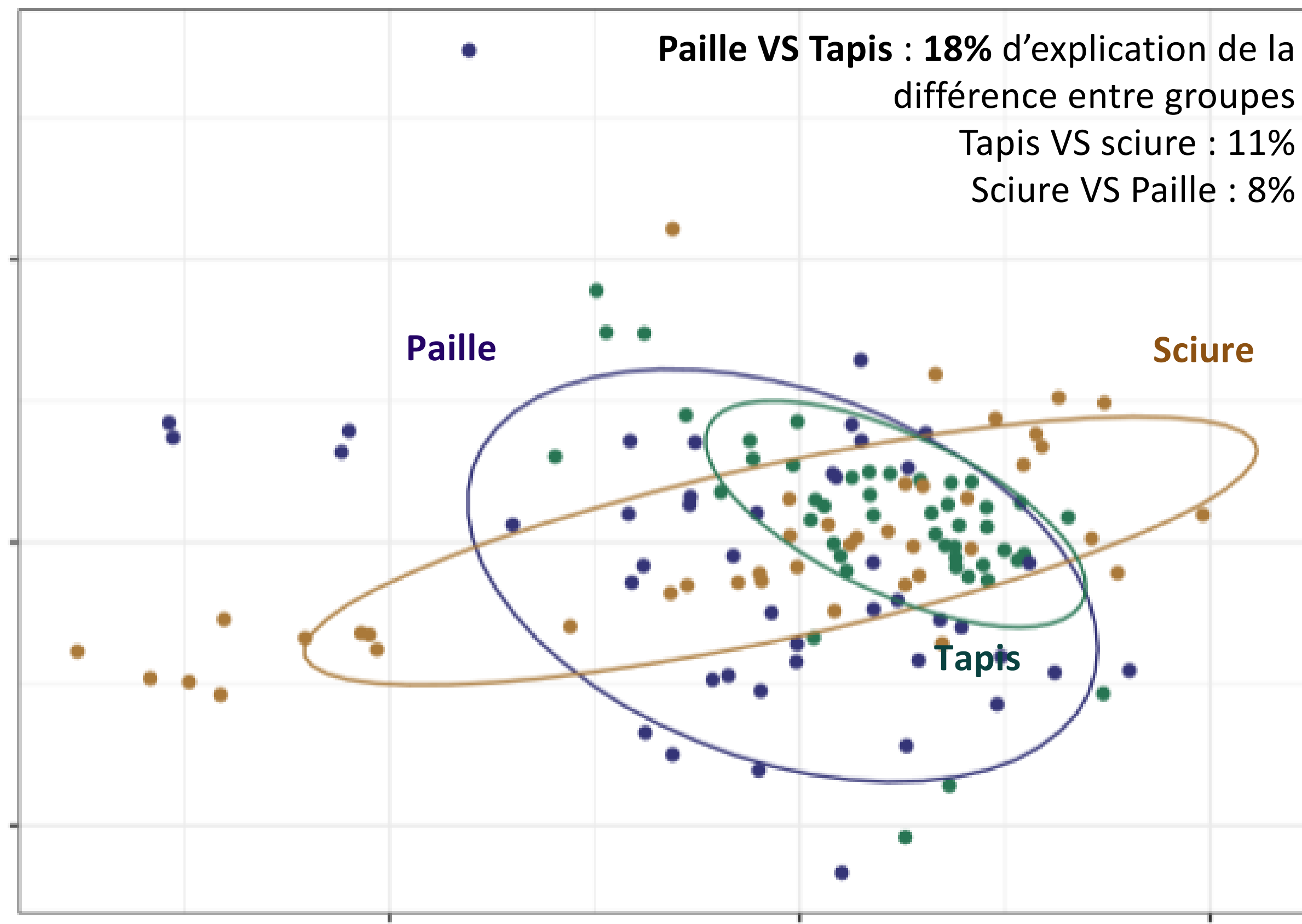
- Paille / Tapis : $R^2 = 0.186$; p-value = $1e-04$,

Attention l'ANOSIM surestime avec un facteur 2.
Permanova (comparaison S-P et T-S) effet exploitation pris en compte.

- Tapis / Sciure : $R^2 = 0.11$; p-value = 0.001
- Sciure / Paille : $R^2 = 0.08$; p-value = 0.001

Stress=0.19, n=45 par groupe

Logement : logettes





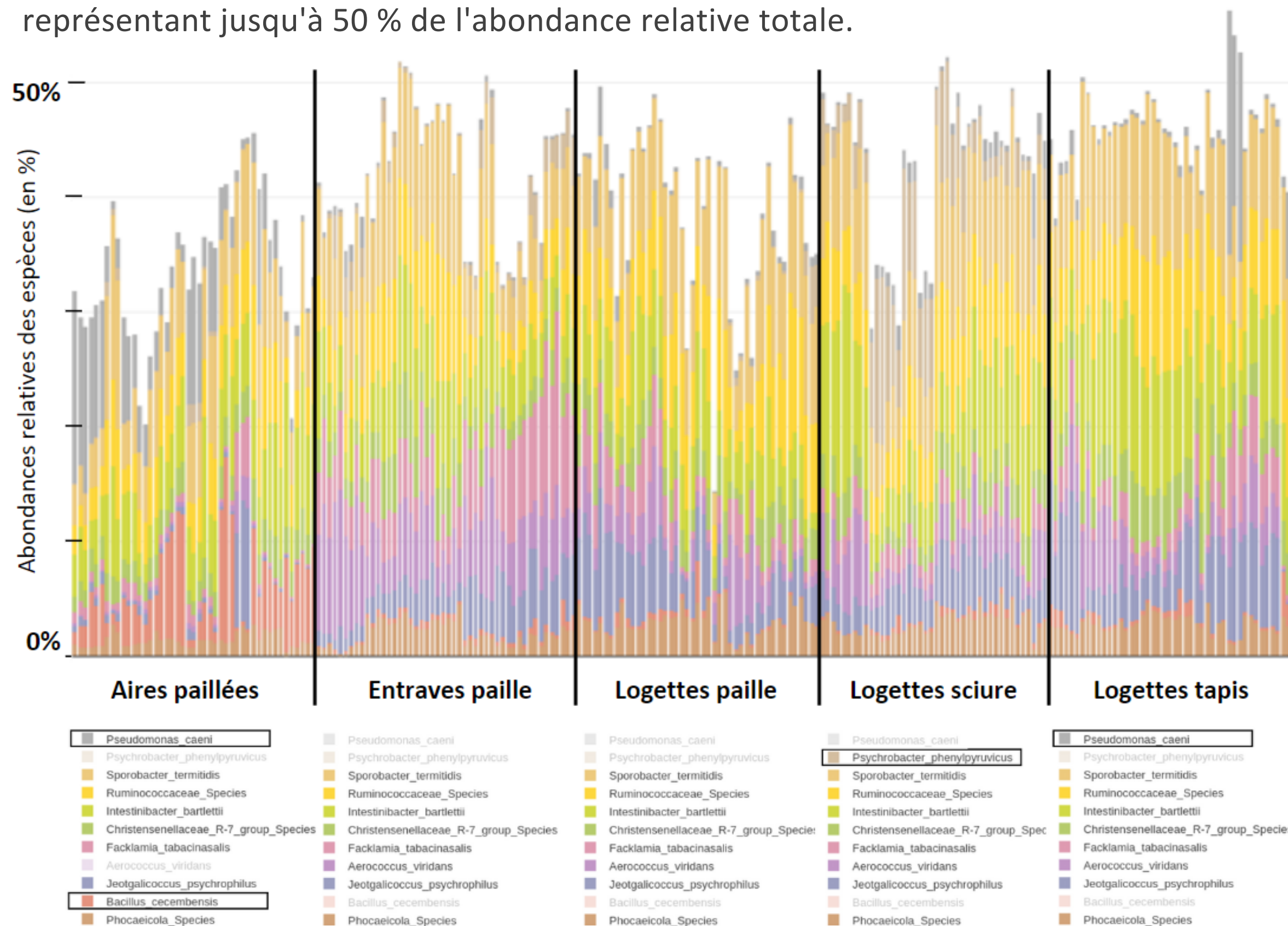
Par exemple, en proportion :

On retrouve plus de *Pseudomonas caeni* à la surface des aires paillées, et plus de *Psychrobacter phenylpyruvicus* à la surface des logettes avec de la sciure.

Intestinibacter bartlettii est présente jusqu'à 15% en logette tapis. Bactérie importante du microbiote intestinal bovin.



11 espèces majoritaires tout système confondu, représentant jusqu'à 50 % de l'abondance relative totale.

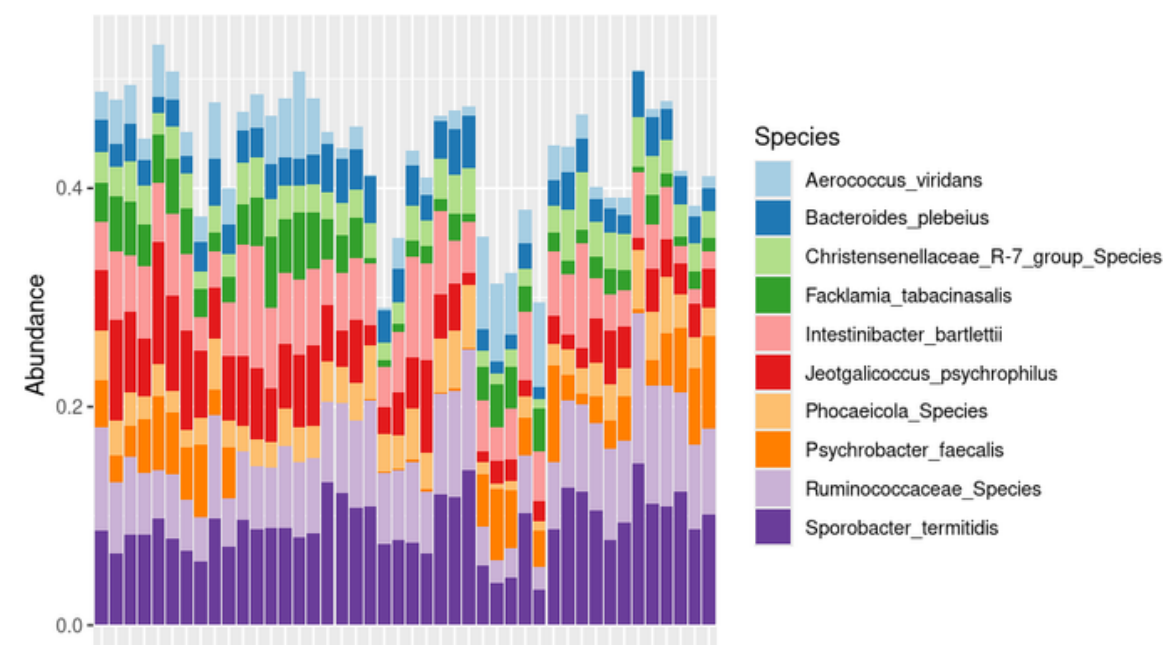


Qu'en déduire ?

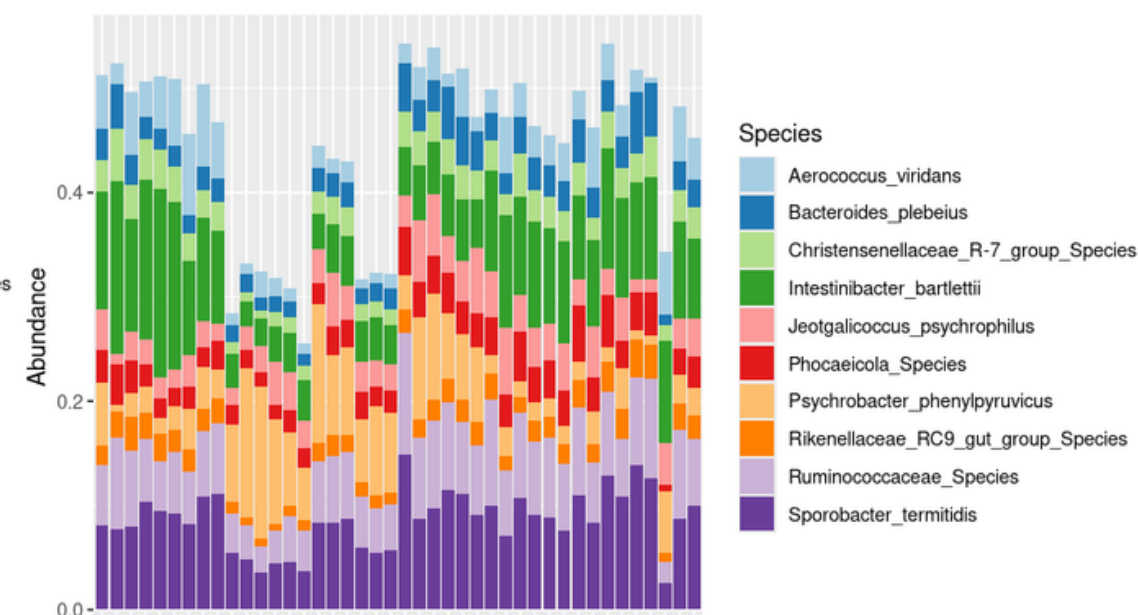
Qu'en est-il des bactéries utiles ?



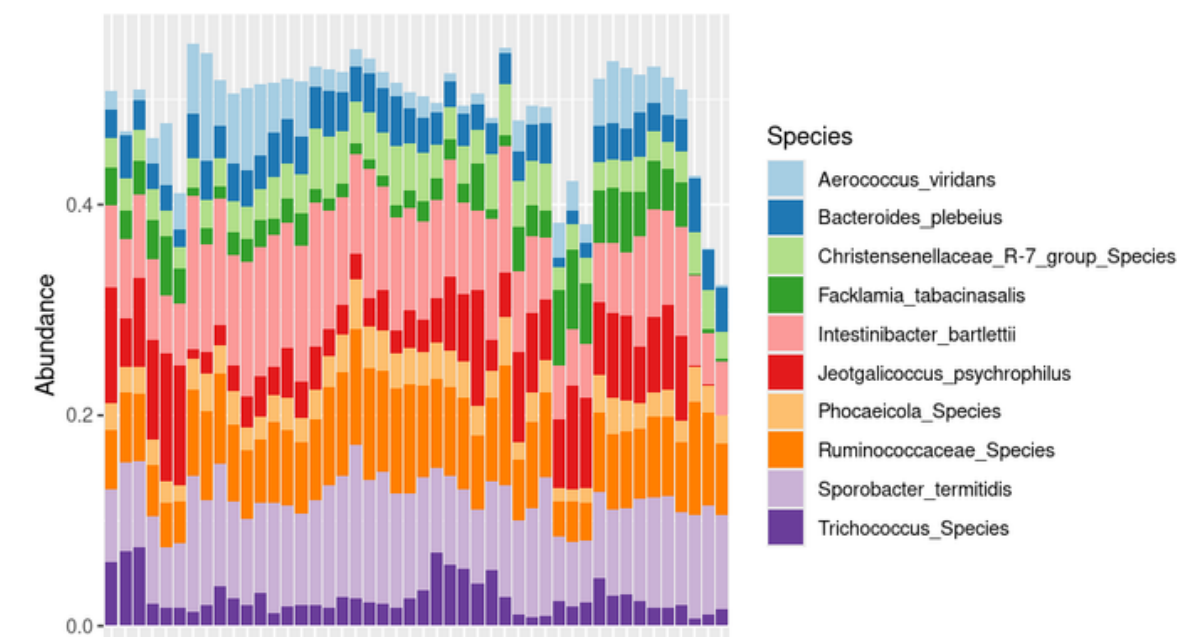
logette paillées



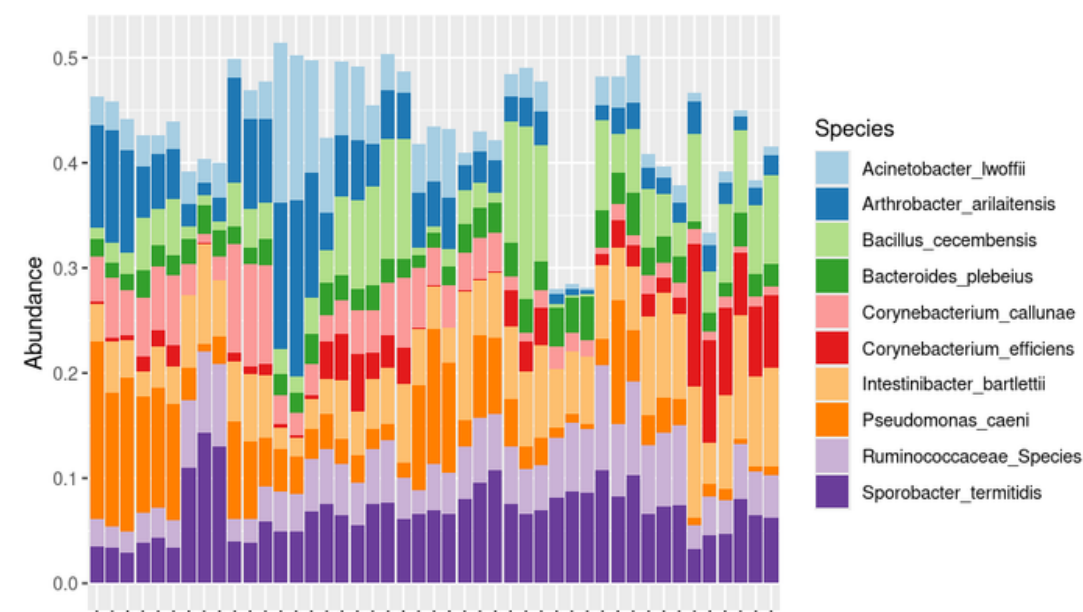
logettes sciure



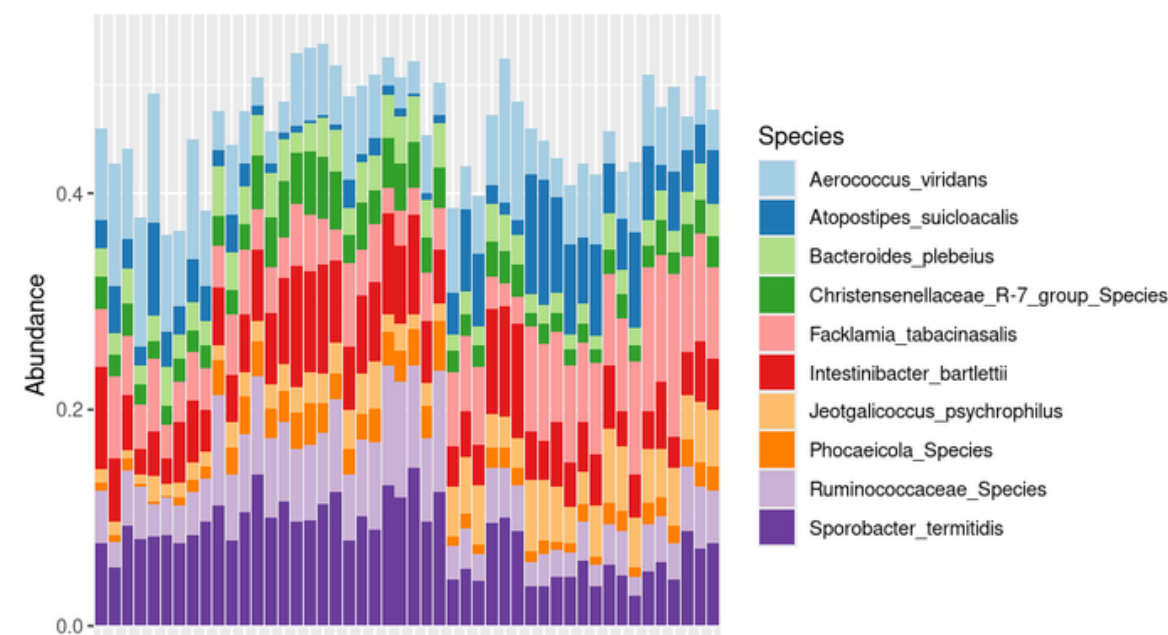
logettes tapis



aires paillées



entraves paillées



Sporobacter terminidis est l'espèce observée systématiquement dans les 10 plus abondantes de chaque système. On retrouve également souvent ***Aerococcus viridans*** une bactérie aérobie. Les ***Christensenellaceae*** sont des bactéries que l'on retrouve dans le rumen, elles sont majoritaires dans tous les systèmes sauf les aires paillées qui montrent un profil particulier, avec entre autre des ***Bacillus cecembensis***, ***Arthrobacter arilaitensis*** (utiles fromagerie), ***Acinetobacter lwoffii*** (indésirable), ***Pseudomonas caeni*** (indésirable)

Classification des microflores retrouvées dans les litières

Critères de classification

Avec activité anti-pathogènes

Activité anti-**Listeria**, anti **salmonelle**...

Indésirables fromagerie

Responsables de problèmes de **goût**, de **texture**, de **protéolyse** ou **lipolyse** trop rapide, compétitrices avec les lactobacilles

Non renseigné

Espèces nécessitant d'étudier le génome complet en détail et de déterminer le nombre de gènes pouvant être impliqués dans des défauts pour la fromagerie ou la pathogénicité, voir réalisation de modèles métaboliques.

Pathogènes

Pathogènes pour l'animal en se basant sur une base de données vétérinaires (pas de pathogènes humain)

Microbiote animal

Présentes dans le système digestif, sur la peau de différents groupes d'animaux

Utiles (fromagerie)

Toutes les espèces impliquées dans la production fromagère, à toutes les étapes, de l'acidification jusqu'à la protéolyse, lipolyse..

Ressources

- Inventaire IDF : Bourdichon *et al*, *Inventory of microbial food cultures with safety demonstration in fermented food product*, Janvier 2022
- Base de données internationale : <https://bacdive.dsmz.de>
- Publications : 80 articles scientifiques (notamment via <https://www.microbiologyresearch.org>)
- Base vétérinaire
- Florilège : Hélène Falentin. *Florilège : une base de données de phénotypes microbiens d'intérêt agro-alimentaire* Journées qualiment, Feb 2020, Paris, France. , 2020

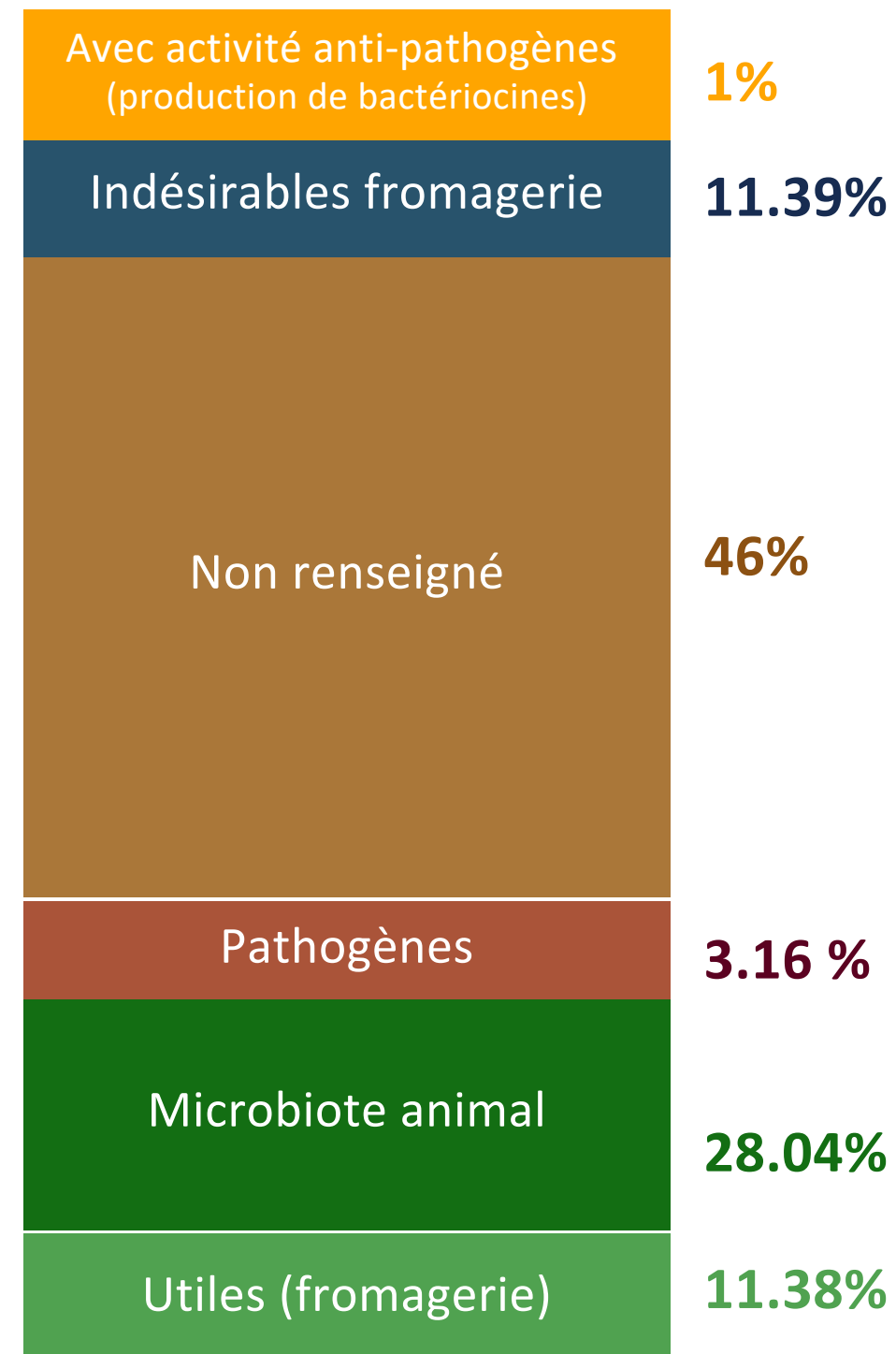


Les **microflores utiles en fromagerie** représentent en moyenne 11.38% des bactéries détectées à la surface des litières.

46% en moyenne de microflores sur lesquelles il reste un travail de classification approfondi à faire



Proportions des microflores catégorisées



Existe-t-il des différences entre les systèmes étudiés ?



	Indésirables en fromagerie (%)	Anti-pathogènes (%)	Utiles en fromagerie (%)	Microbiote animal (%)	Pathogènes strict animal (%)	Fonction non applicable (%)
Aires paillées	18.6 e.t 7.6 (a)	0.57	13.7 (a)	22.7 e.t 5.9 (a)	4 e.t 3.7 (c)	40.43
Entraves paillées	8 e.t 3.8 (bd)	1.6	15 (a)	28.7 e.t 4.4 (b)	2.5 e.t 0.97 (a)	44.2
Logettes paillées	10.7 e.t 6.1 (bc)	1.2	12.6 (a)	28.5 e.t 4.6 (b)	2.6 e.t 0.84 (ac)	44.4
Logettes sciure	11.4 e.t 6(c)	1.5	8.5 (b)	29.4 e.t 6.7 (bc)	3.1 e.t 1.6 (bc)	46.1
Logette tapis	7.7 e.t 6.7 (d)	0.4	7.1 (b)	30.9 e.t 4.2(c)	3.7 e.t 0.94 (d)	50.2

Les premières valeurs sont les moyennes suivis des écarts-types. Les tests ont été réalisés quand la classe n'est pas discutable (Il est par exemple possible que des anti-pathogènes soient dans d'autres catégories, notamment les bactéries lactiques, mais cette fonction étant souche dépendante, il est difficile de faire une classe anti-pathogène avec les espèces) La catégorie fonction non applicable est modulable en fonction des futures associations en biologie, le test n'a donc pas été réalisé.

Les lettres associées aux catégories permettent de montrer quels systèmes montrent des abondances relatives similaires (si ils ont la même lettre)

Par exemple les indésirables en fromagerie sont d'abondances relatives similaires en entraves paillées et logettes paillées, toutes deux partageant la lettre b dans cette catégorie

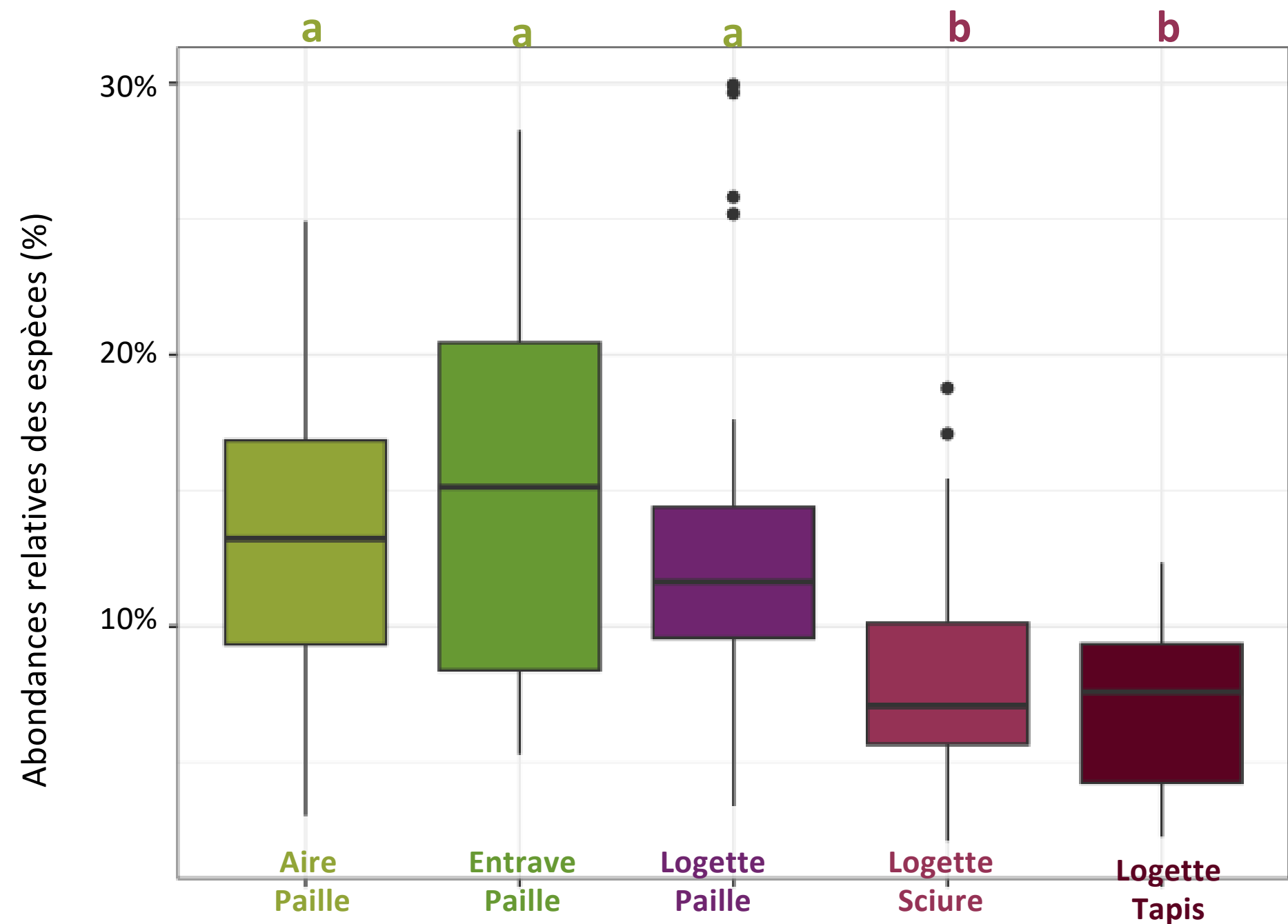
Les bactéries catégorisées comme utiles (directement) en fromagerie sont plus abondantes dans les systèmes paillés qu'en logettes tapis/sciures.



Quelles sont les espèces
d'intérêt retrouvées sur les
zones de couchage ?



Proportions par système de microflore utiles à la fromagerie



Moyenne

13.7%

15%

12.6%

8.5%

7.1%

Ecart type

5.1

7

5.8

4.2

3

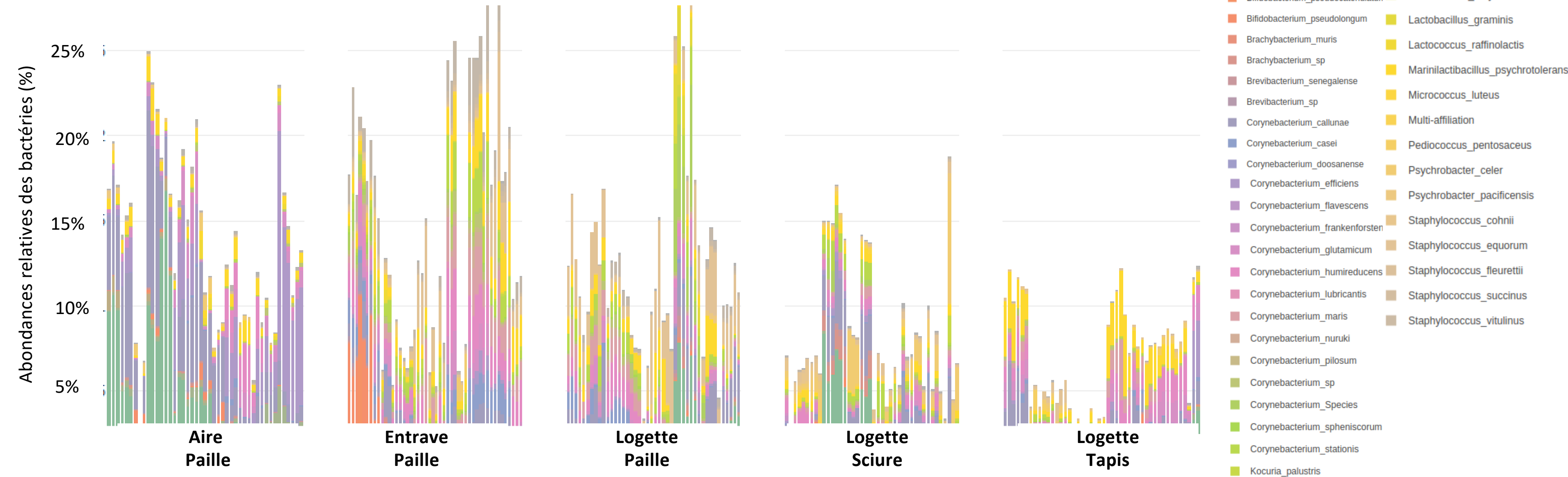
Pour chaque système étudié : N = 45 échantillons (5 fermes).

Tests statistiques : test post-hoc de Kruskal-wallis au seuil alpha 0,05.

Correction des p-value par méthode de Benjamini-Hochberg



Proportion des espèces catégorisées comme utiles en fromagerie (bactéries d'affinages, bactéries lactiques mésophiles...) 1 barre = 1 échantillon

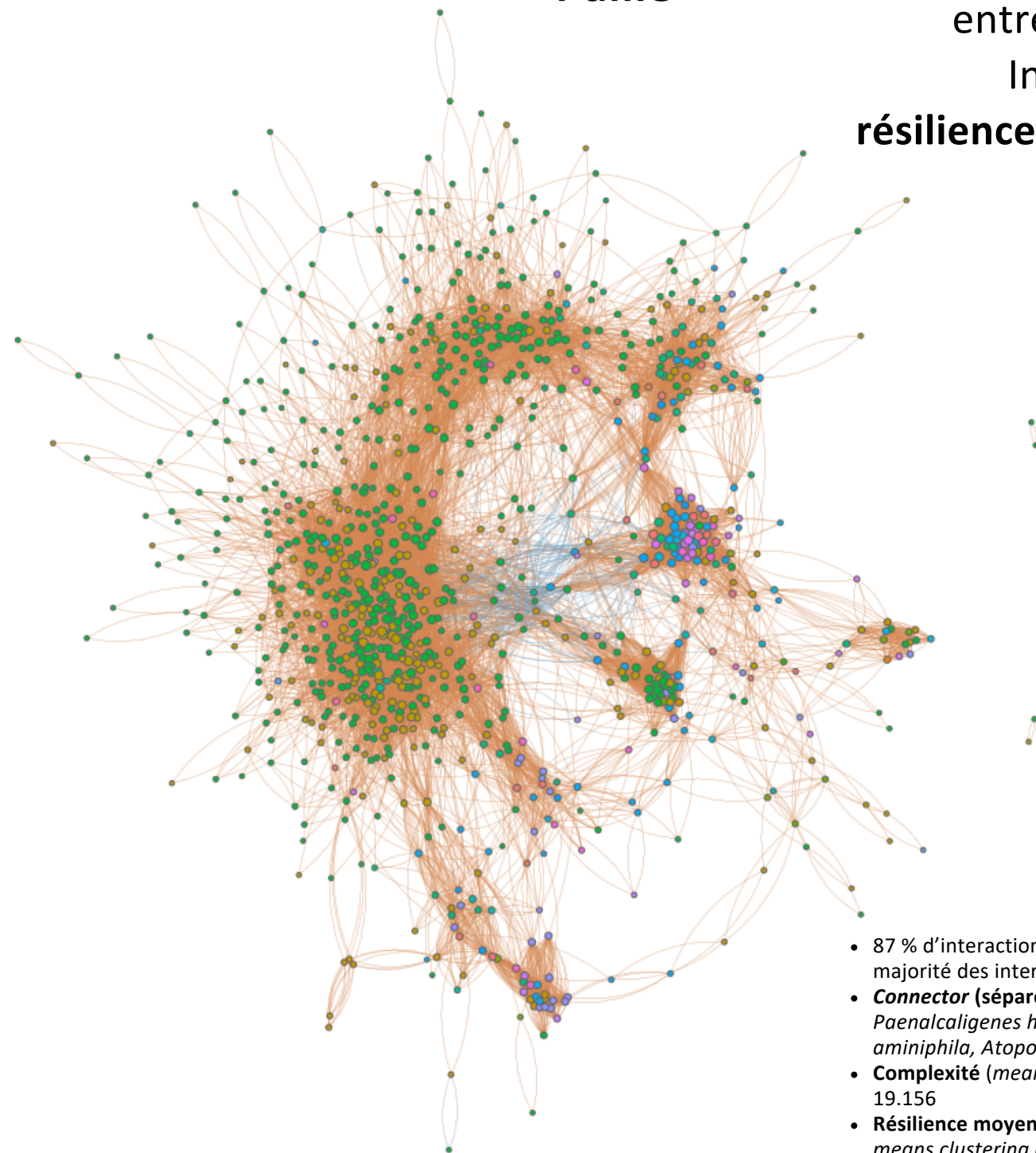


Les *Corynebacterium casei* et *callunae* peuvent représenter jusqu'à 12% des bactéries utiles en fromagerie détectées à la surface des zones de couchage. À la surface des **aires paillées**, *Arthrobacter arilaitensis* est l'espèce la plus abondante (en proportion). En **entrave paillée**, une diversité importante d'espèces de *Corynebacterium* est remarquée.

En s'intéressant aux phénomènes de co-occurrence (ou co-exclusion), on peut mettre en évidence les **interactions** entre les bactéries, la **complexité** du réseau bactérien, sa **résilience** face aux perturbations...

Logette Paille

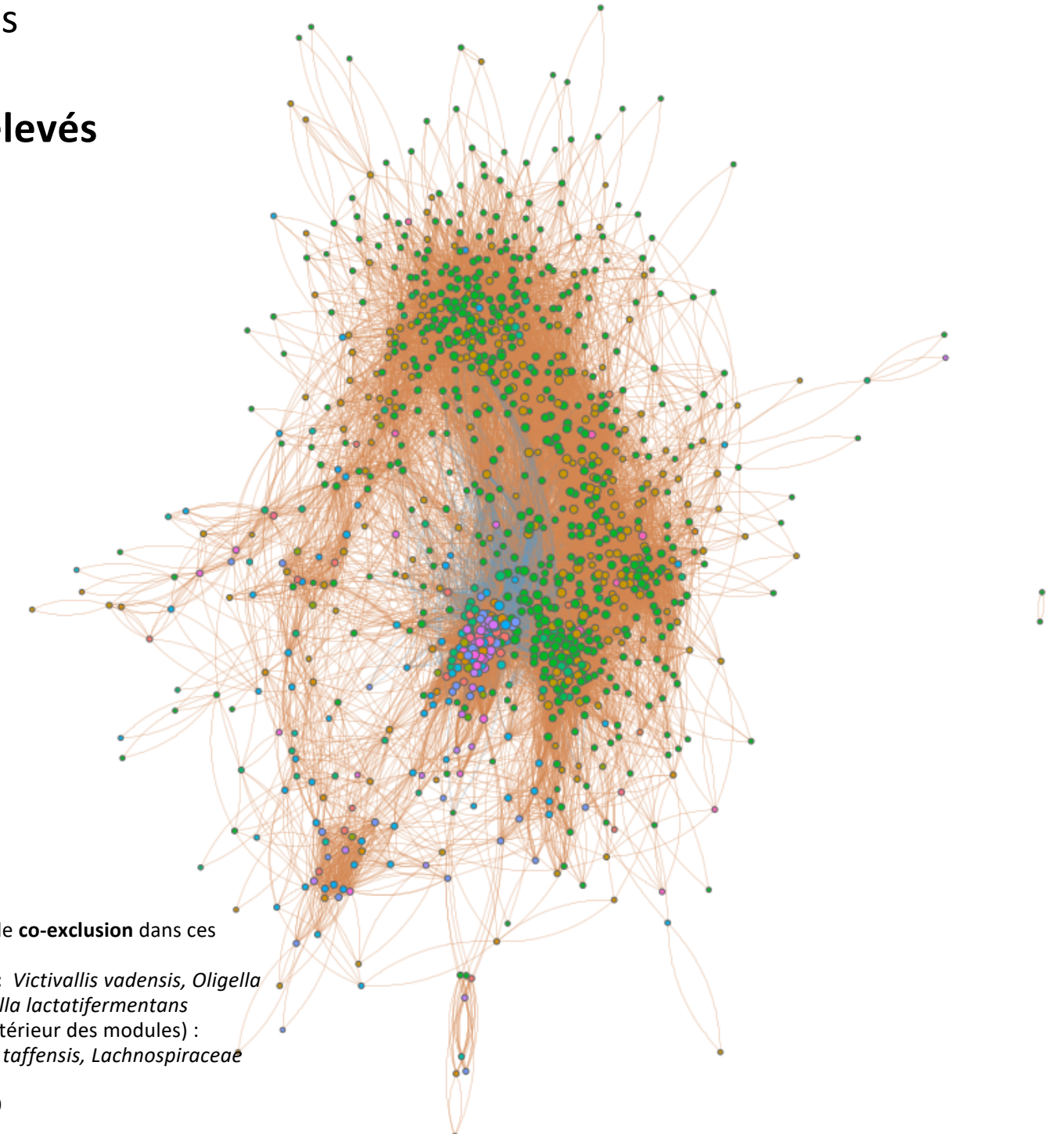
Plus de **co-présence**
entre les espèces
Indicateurs de
résilience plus faibles



- 87 % d'interactions positives : la grande majorité des interactions sont **positives**.
- **Connector (séparent les modules)** : *Paenicaligenes hermetiae*, *Anaerosphaera aminiphila*, *Atopobium species*
- **Complexité** (means average degree) = 19.156
- **Résilience moyenne** (means connectance, means clustering coefficient) = 0.019, 0.018

Logette Sciure

Plus de **co-exclusion**
entre les espèces
Indicateurs de
résilience plus élevés



- 58% d'interactions positives, plus de **co-exclusion** dans ces systèmes.
- **Connector (séparent les modules)**: *Victivallis vadensis*, *Oligella ureolytica*, *Campylobacter*, *Tyzzera lactatifermentans*
- **Module hub** (très connectées à l'intérieur des modules) : *Staphylococcus succinus*, *Fluviicola taffensis*, *Lachnospiraceae*
- **Complexité** = 30.099
- **Résilience moyenne** = 0.029, 0.029



Centrality degree: une mesure du nombre de lien. Plus elle est élevée, plus il y a de lien. Le numéro 5 est le noeud (le taxon) le plus central de 0 à +infini

Interprétation

biologique: Espèces très importantes si il y a peu de redondance fonctionnelle dans le réseau. Ce sont les espèces qui interagissent le plus avec les autres



Closeness centrality: Une mesure de la force des liens entre les noeuds, plus elle est élevée, plus le lien est fort. Ce sont souvent des taxons non centraux mais pas toujours. Ici c'est le 2

Interprétation

biologique: Après une perturbation, les taxons avec la plus grande closeness impactent le réseau le plus rapidement.

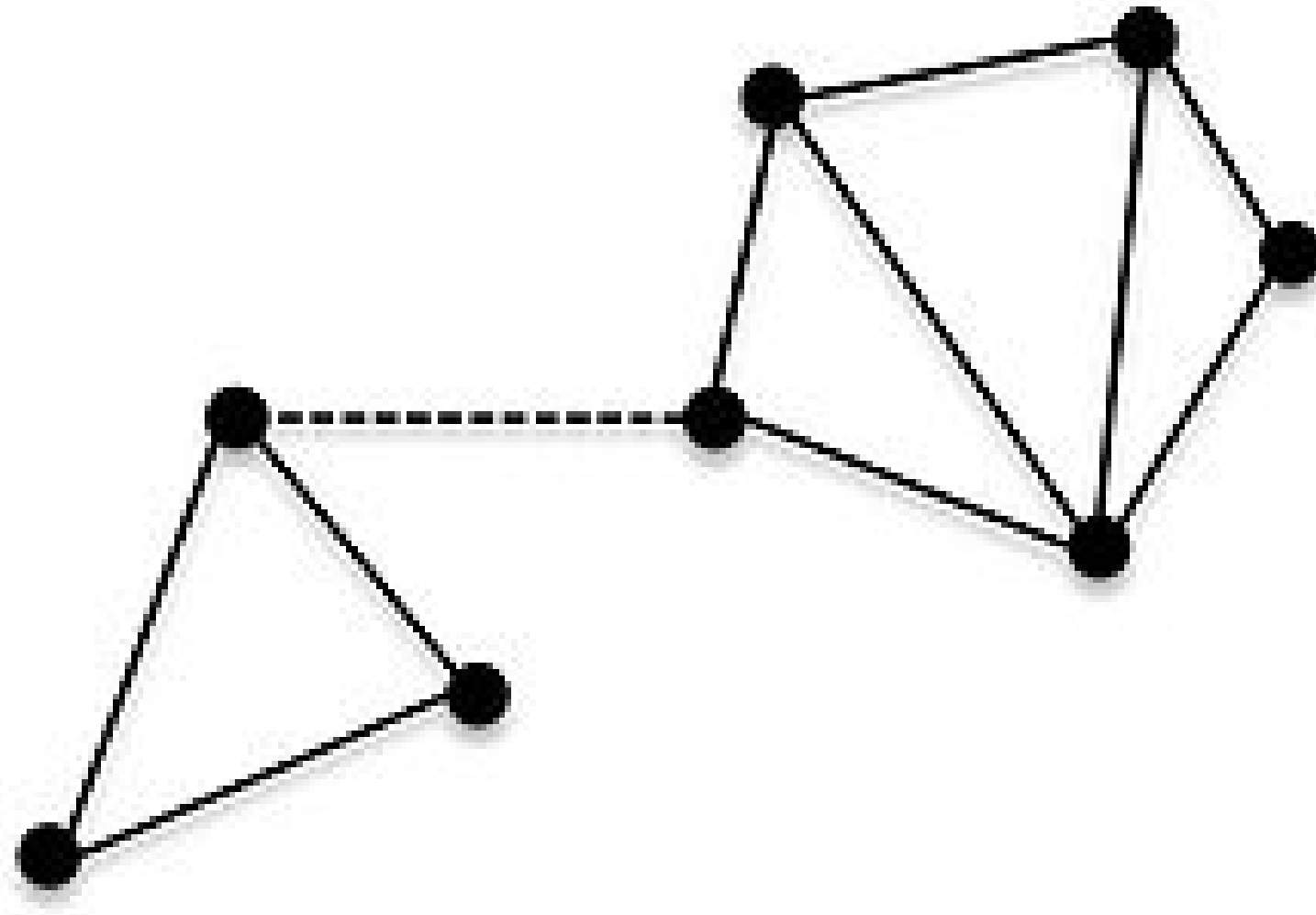


Betweenness:

Une mesure de la probabilité qu'à un noeud d'être au milieu d'un pont reliant deux taxons. IL y a souvent une corrélation croissante entre les degree et la betweenness. Ici, c'est le 4 qui a la betweenness la plus élevée.

Interprétation biologique:

Ce sont les espèces les plus importantes dans la communication du réseau.



edge connectivity

La connectivité des ponts:

C'est le nombre minimal de ponts qu'il faut supprimer pour que le réseau soit déconnecté.

Par exemple ici, en enlevant un seul pont, on sépare le réseau en deux parties.

Aucun noeud des deux parties n'interagit avec aucun noeud de l'autre partie.

Les types d'interactions:

- Le **commensalisme** : C'est quand une espèce bénéficie de la présence d'une autre sans que cela apporte un bénéfice à l'autre. C'est une relation unidirectionnelle, seule une espèce voit son abondance augmenter, l'autre reste stable
- Le **parasitisme/Prédation**: C'est quand une espèce bénéficie de la présence d'une autre, et qu'elle impacte négativement cette dernière. Si l'espèce A augmente, l'espèce B diminue. Relation unidirectionnelle.
- Le **neutralisme**: Les deux espèces sont stables elle n'interagissent pas
- **Amensalisme**: Une espèce est défavorisée l'autre ne bouge pas, relation unidirectionnelle
- **Compétition**: Les deux espèces sont en interactions bidirectionnelle négative, les deux diminuent conjointement, mais l'espèce la plus compétitrice diminue moins vite que celle qui est moins compétitrice. Parfois une réussit à augmenter et l'autre diminue on arrive alors dans l'exclusion.
- **Mutualisme, Facilitation symbiose**: Les deux espèces se facilitent mutuellement, elles apportent chacune un avantage à l'autre, direct ou indirect. Relation bidirectionnelle positive

Le modèle de réseau utilisé est spécifique aux relations positives et négatives, c'est à dire, **le mutualisme, la compétition (très forte) et la prédation.**

1



2

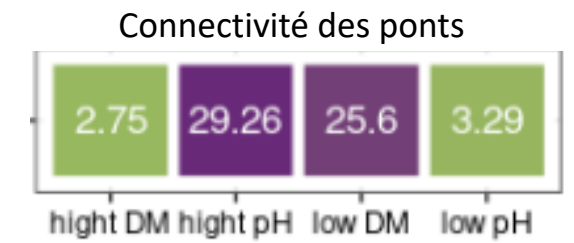
4 clusters
modularité relative 1.32

pH [4.25; 7.92]

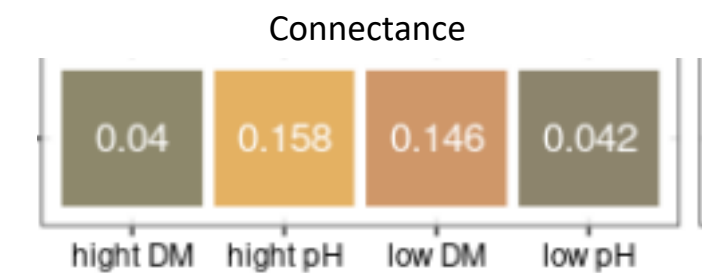
14.4% ponts négatifs
connectivité des
ponts = 3.29

moins de pathogènes, mais
moins d'espèces utiles
betweenness plus élevée
270 noeuds
1530 connections

3



Il faut retirer beaucoup plus de noeuds pour déconnecter les réseaux plus alcalins



Les réseaux plus alcalins sont plus proches de leur maximum de connectivité

4

Le réseau montrant le plus d'espèces utiles directement à la fromagerie est aussi celui qui montre le plus d'espèces pathogènes. Il y a des corrélations négatives importantes entre ces deux groupes quand le pH est supérieur à 7.92 dans les sciures.

Le réseau microbien est en meilleure santé quand le pH est supérieur à 7.92, les indicateurs de résilience sont plus importants.

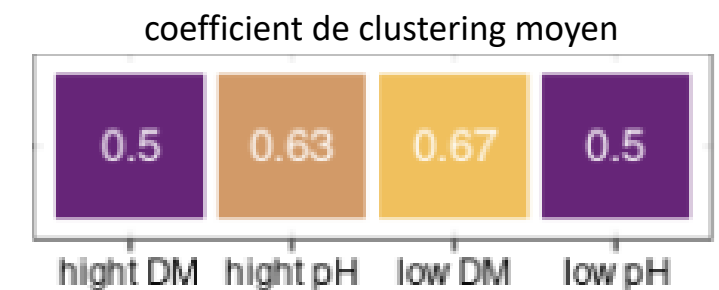
1 clusters
modularité relative 2.78

pH [7.92; 8.7]

34.3% de ponts négatifs, plus de
compétition (réseau en meilleure santé)
connectivité des ponts = 29.26

plus de pathogènes mais plus d'espèces
directement utiles
291 noeuds
6676 connections

Les réseaux plus alcalins ont une probabilité moyenne de triade plus élevée.



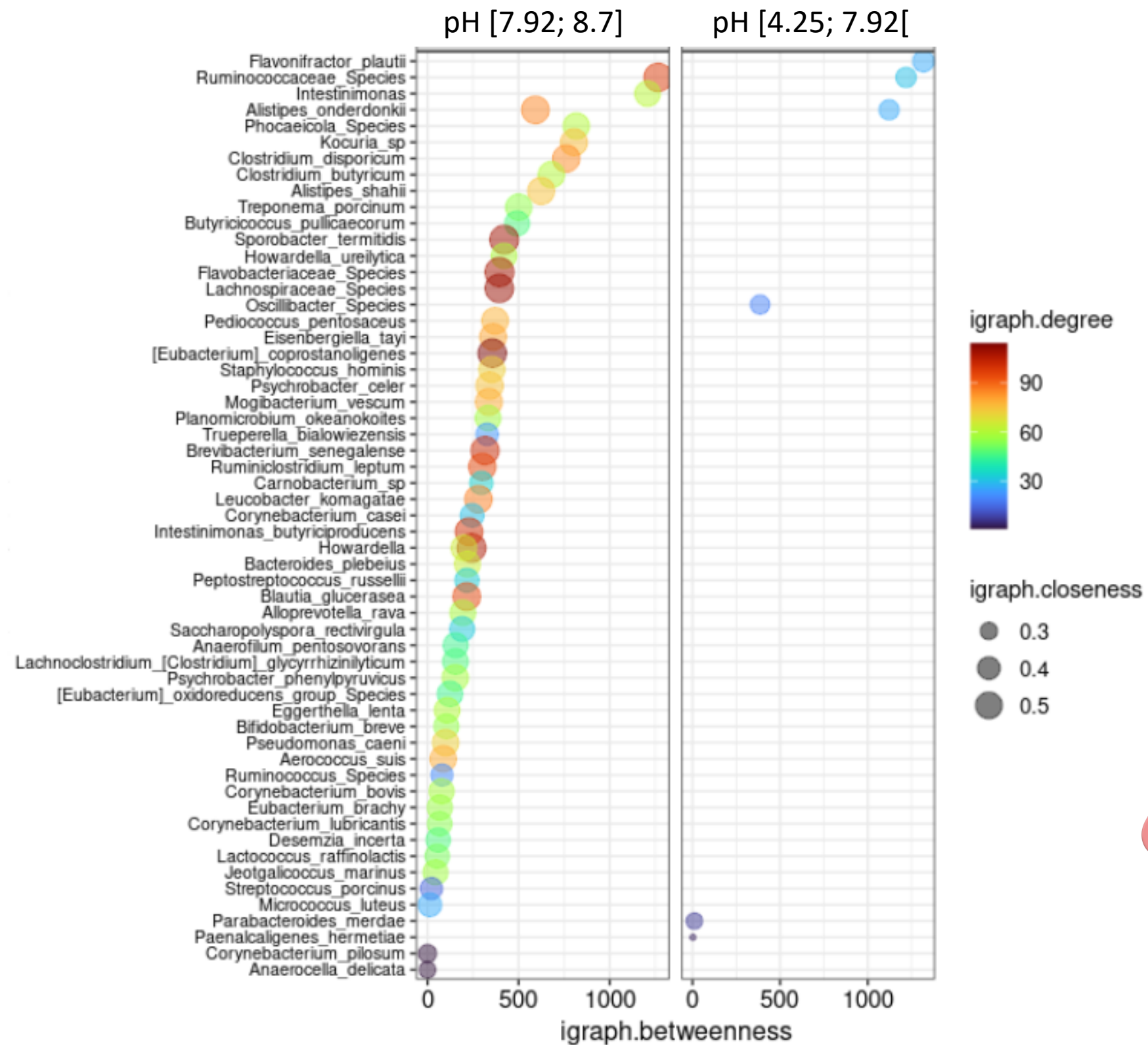
Les taxons des réseaux plus acides sont moins liés à d'autres taxons.

Les taxons des réseaux plus acides sont moins proches les uns des autres

Par contre les taxons des réseaux plus acides communiquent plus

(plus haut score de taxons intermédiaires entre les connections)

Espèces clefs des logettes sciures



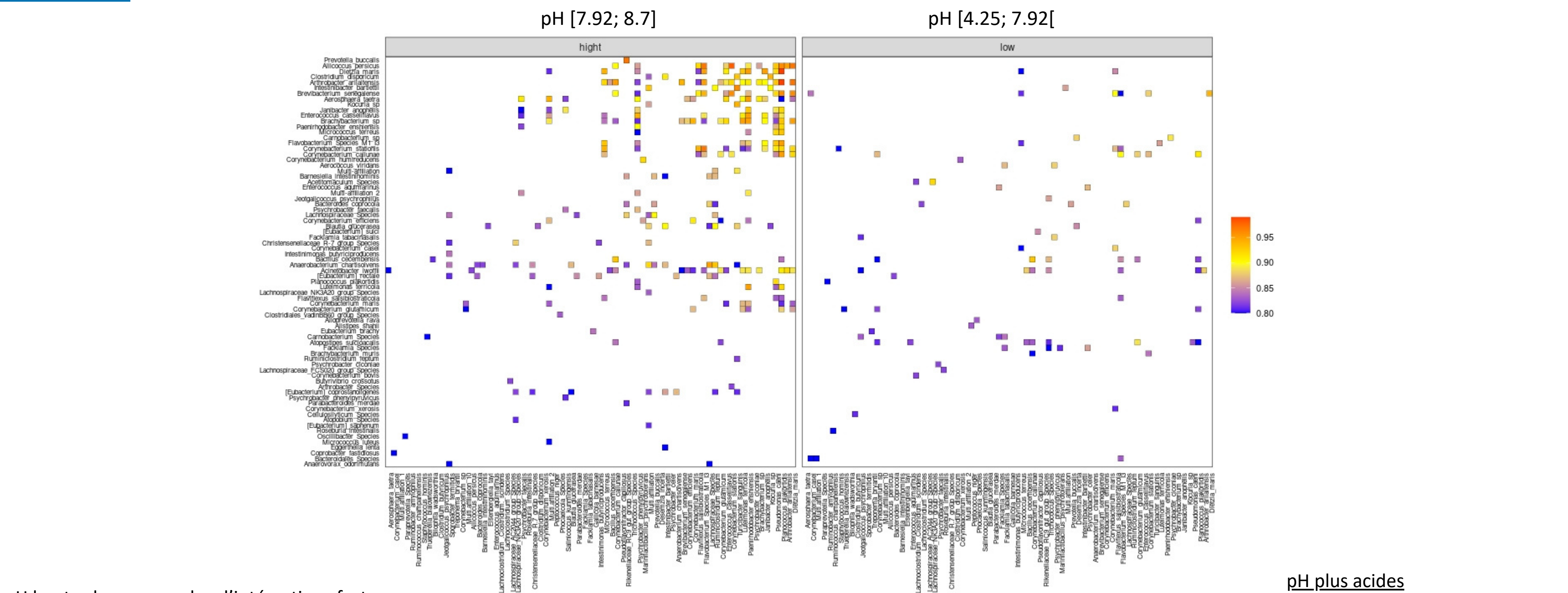
Ecarts importants sur les **espèces clefs beaucoup plus nombreuses quand les pH sont supérieurs à 7.92**

Les **closeness sont élevées** dans les pH hauts, les degree plutôt variés et les betweenness plus faibles, ces espèces sont fortement corrélées directement aux autres, y compris celles qui ont peu de liens avec les autres. Elles vont donc avoir une influence importante lors d'une perturbation (qu'elles meurent ou qu'elles survivent)

Psychrobacter celer et *Carnobacterium* utiles en fromagerie et avec activité anti *Listeria* pour *Carnobacterium*, espèces clefs seulement quand les pH sont > 7.92



Si une espèce n'est pas clé dans un réseau cela ne veut pas dire qu'elle n'est pas présente



pH hauts : beaucoup plus d'interactions fortes

- *Alliicoccus persicus* + ***Dietzia maris***, *Planococcus plakortidis*, *Corynebacterium stationis*, *Flavobacterium* species M1 13
- ***Dietzia maris*** + *Planococcus plakortidis*
- ***Arthrobacter arilaitensis* (utile fromagerie)** + *Planococcus plakortidis*, ***Dietzia maris***
- Rikenellaceae RC9 group species avec *Prevotella buccalis*
- ***Dietzia maris*** + *Brevibacterium senegalense*
- ***Pseudomonas caeni*** + *Corynebacterium callunae*

logettes paillées :

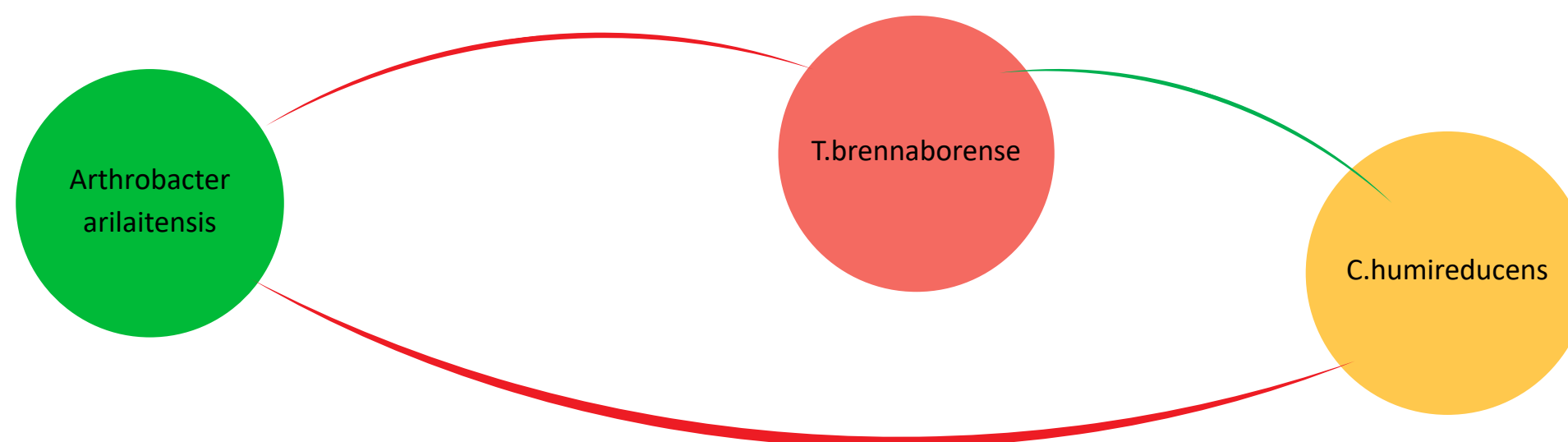
pH > 7.19

- *Corynebacterium casei* et *Corynebacterium maris* sont corrélées positivement. Toutes les deux sont des bactéries d'affinage

Aires paillées

pH > 7.77, on observe une triade faisant intervenir une bactérie d'intérêt et un pathogène

- *Arthrobacter arilaitensis* (utile fromagerie) corrélée négativement à *Treponema brennaborens* (Mortellaro) et *Corynebacterium humireducens* lui-même corrélé positivement avec *T. brennaborens*



Globalement en **aires paillées** et pour les **sciures aux pH importants**

- *Dietzia maris* n'est corrélée positivement qu'avec des espèces d'intérêt fromager !

Quelles sont les spécificités des **microbiotes**
en surface des zones de couchage des vaches laitières
selon le type de **logement** en place et la **litière** utilisée ?



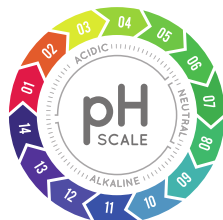
> **200** espèces de bactéries détectées en moyenne dans une litière, un jour donné. La richesse et la diversité des bactéries sont comparables dans tous les systèmes.



Des microbiotes **davantage dépendant du logement que de la litière**



Aux vues des connaissances actuelles, **les microflore utiles en fromagerie représenteraient environ 11% des bactéries*** présentes à la surface des zones de couchage, quel que soit le système.
46% de bactéries dont le rôle potentiel n'est pas connu...



En aires paillées, logettes paillées et logettes sciure, les litières plus **alcalines** sont associées à des indicateurs de **résiliences** plus élevés et des espèces d'**intérêt fromager** plus connectées.

Ce diaporama est le fruit d'un travail collectif coordonné par Blandine Polturat (CERAQ) dans le cadre du projet LITIÈRES, qui bénéficie de subventions de la Région AURA (PEPIT) et des départements de Savoie et Haute-Savoie (Plan filière lait cru).

Nous tenons à remercier l'ensemble des fermes qui ont participé à cette étude ; leur contribution a été essentielle à sa réussite.

La mise en place de l'essai et les prélèvements ont été réalisés grâce à l'implication de Titouan Josse (Agrocampus Ouest), stagiaire à CERAQ, que nous remercions chaleureusement.

Nous remercions également l'ensemble des partenaires du projet LITIÈRES pour leur implication :

Tous nos remerciements aux personnes ayant contribué à la réalisation de l'étude, à l'interprétation des résultats et à la préparation de cette présentation : Blandine Polturat (CERAQ), Cresciense Lecaude (CERAQ), Arnaud Béthier (FDCL), Pauline Gerber (Pôle Fromager AOP Massif Central), Ophélie Jaffrennou (Pôle Fromager AOP Massif Central), Françoise Monsallier (Chambre d'Agriculture du Cantal), Frédéric Perrin (EDS), Caroline Petite (AFTAlp), Céline Pignol (Aftalp).



Merci de votre attention !

Annexes



Essai 2021-2023

Etudier les écosystèmes microbiens de différents types de litières.

Enquêtes 2022

Recenser les pratiques de gestion des litières mises en œuvre sur le terrain en AURA

Échanges 2022

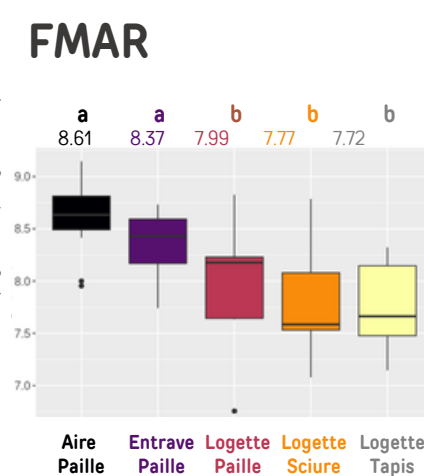
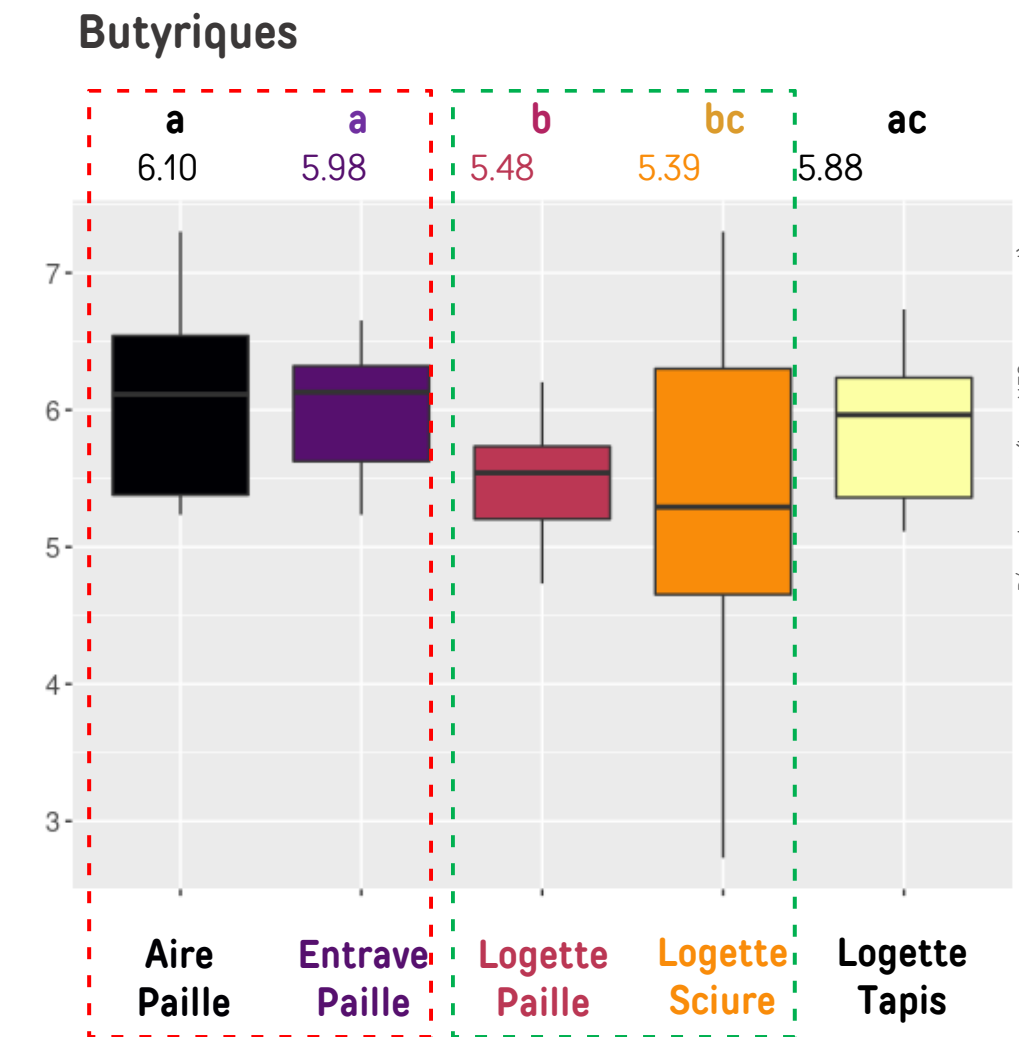
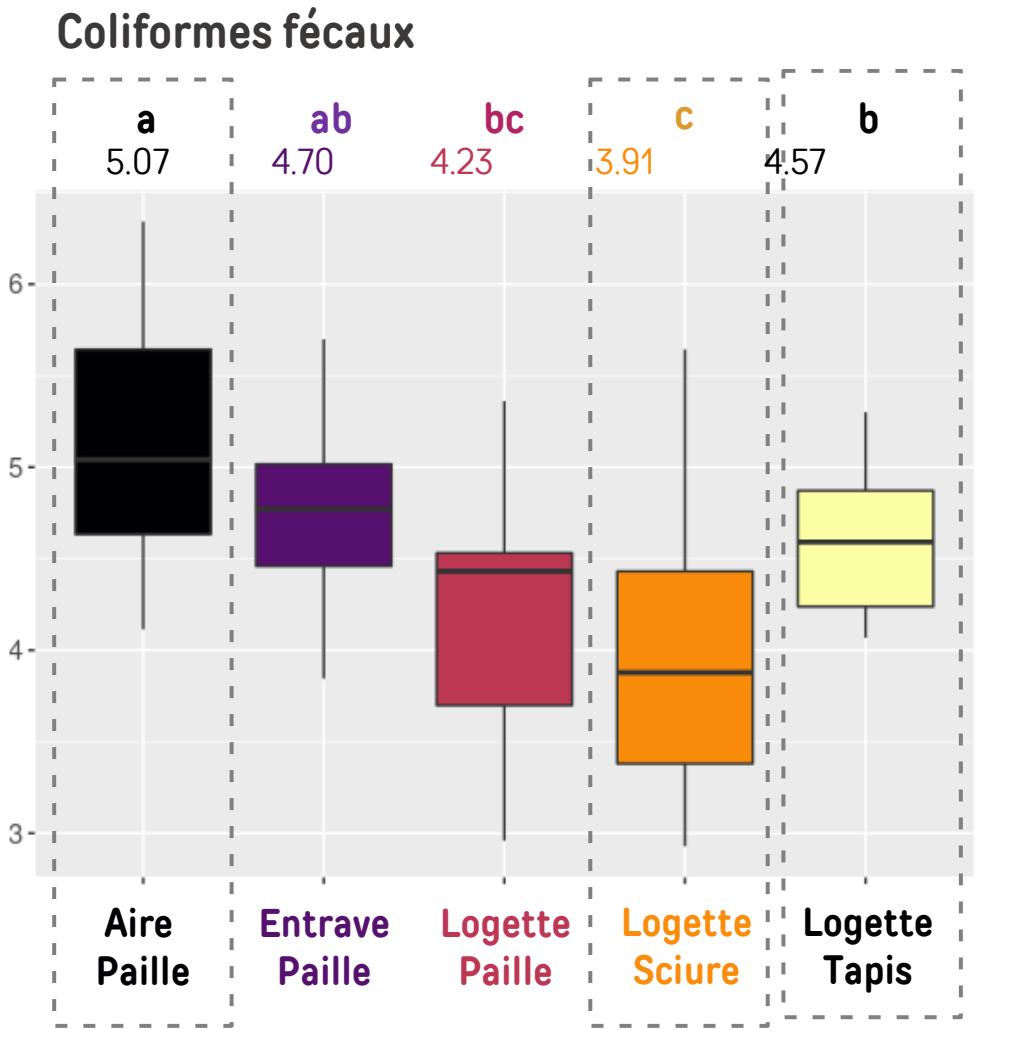
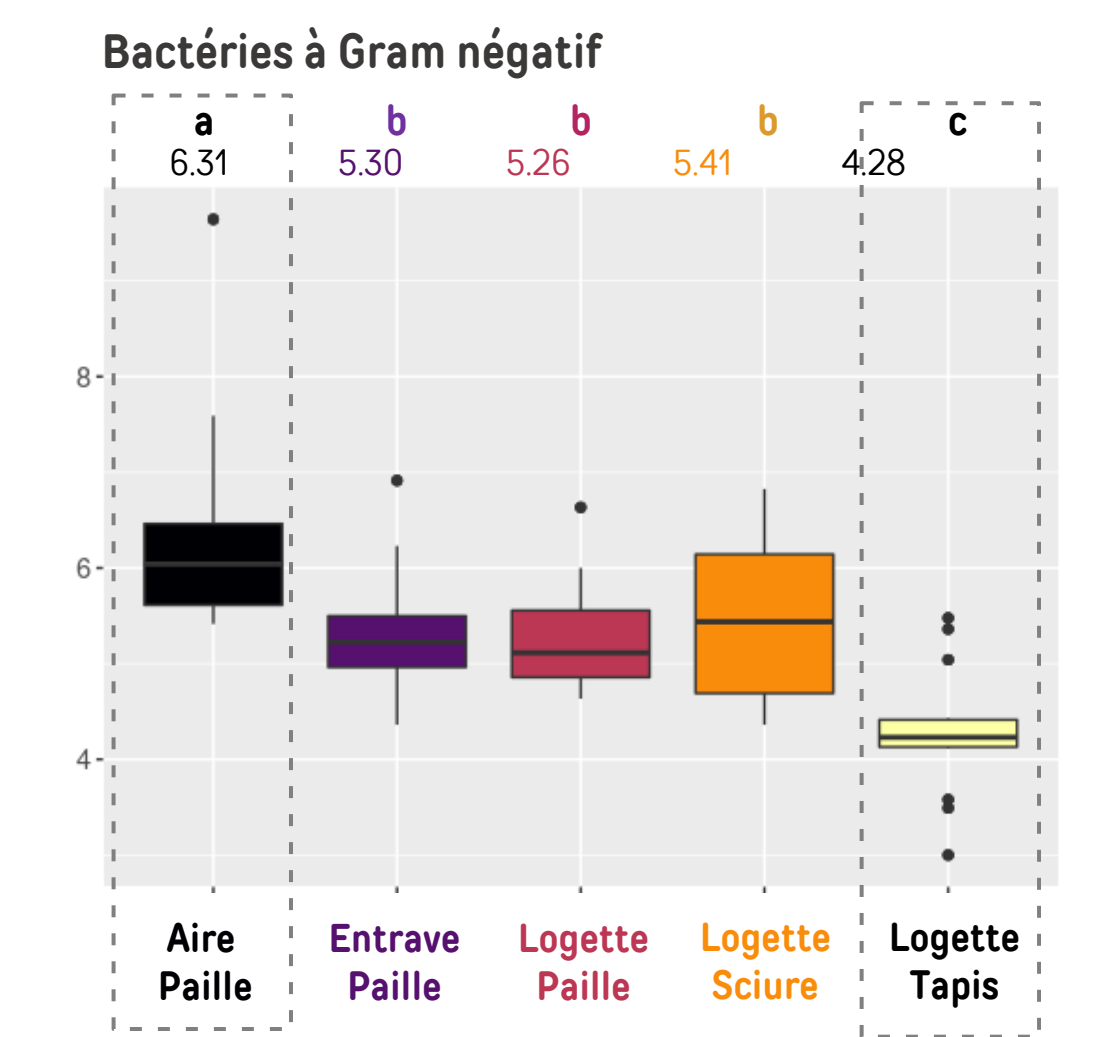
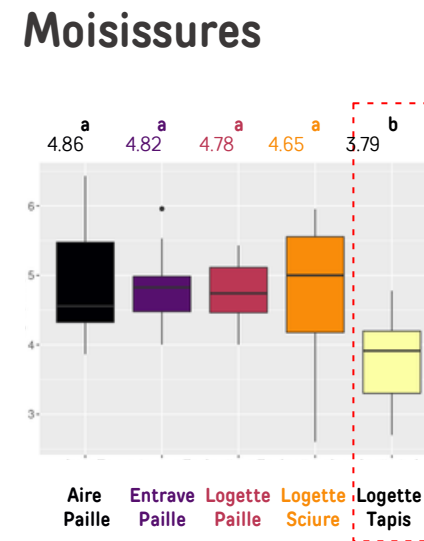
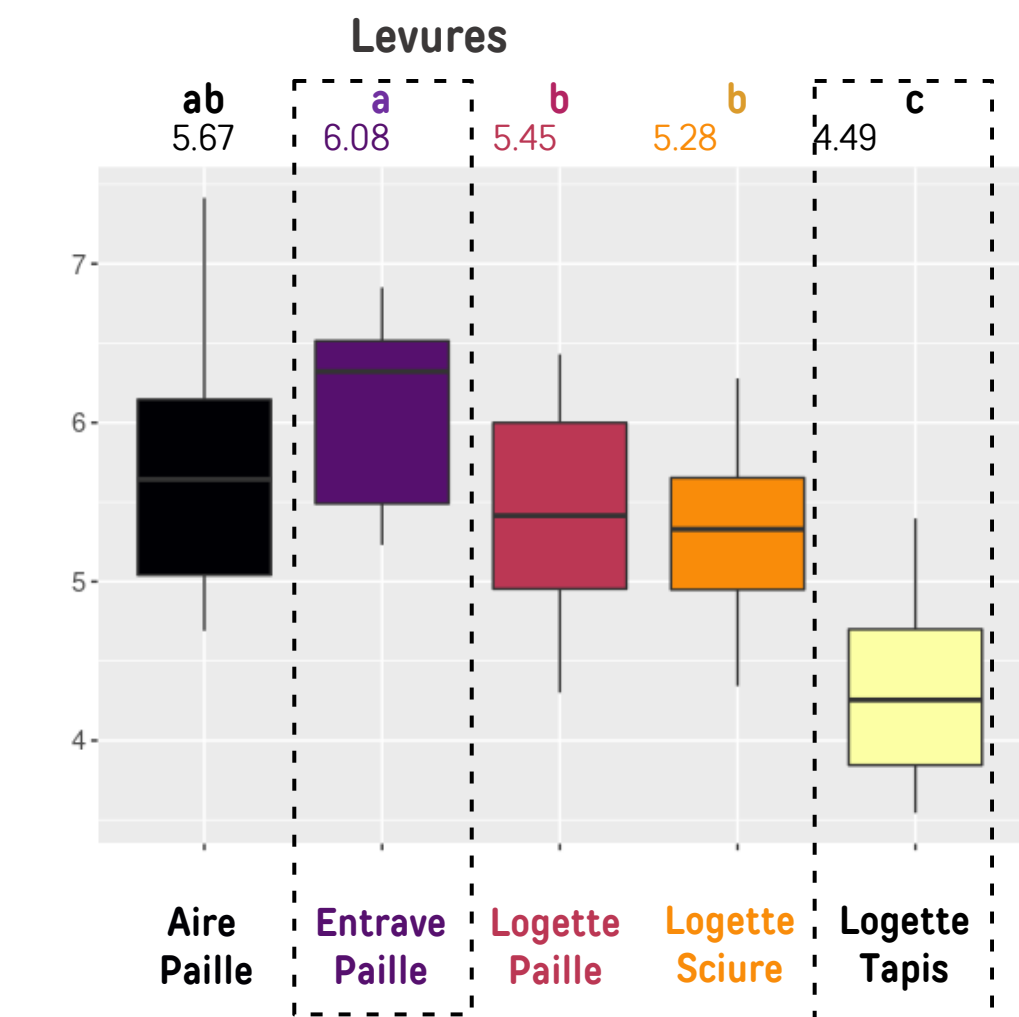
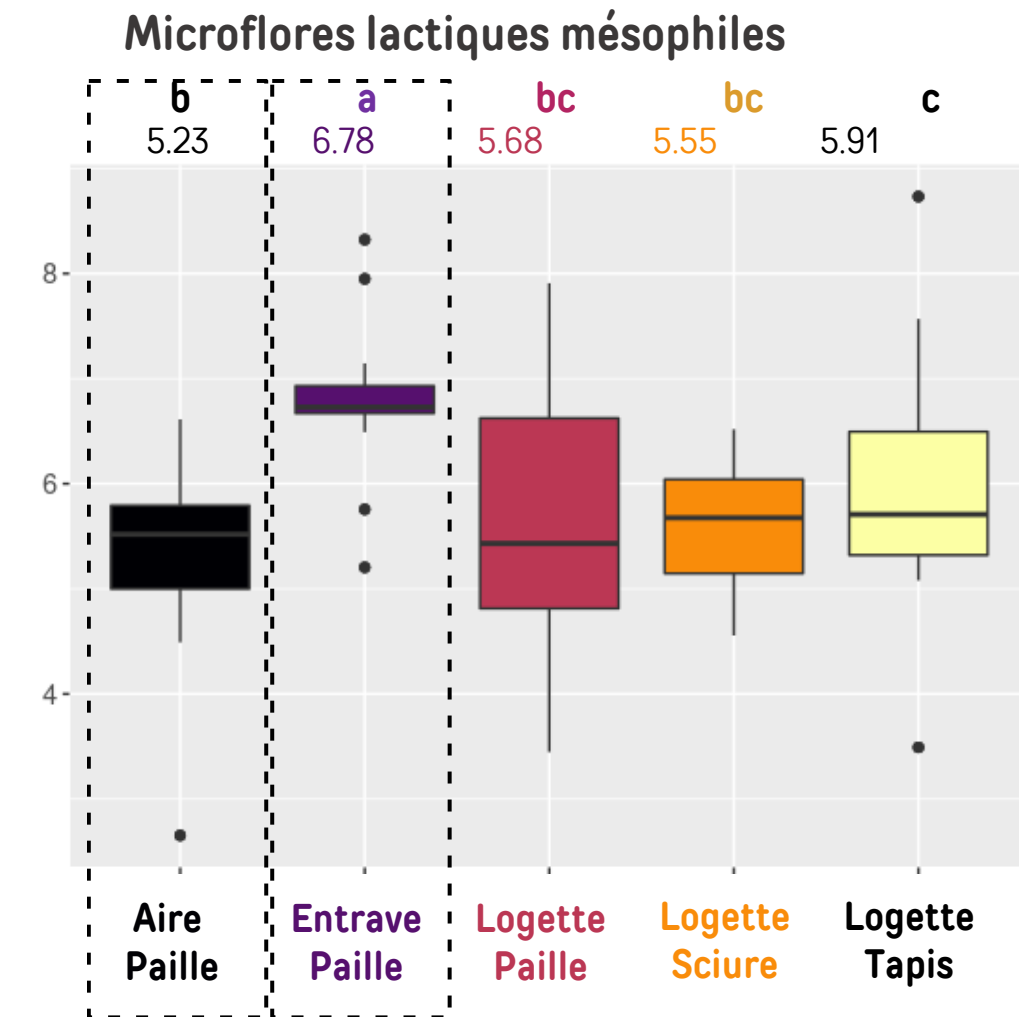
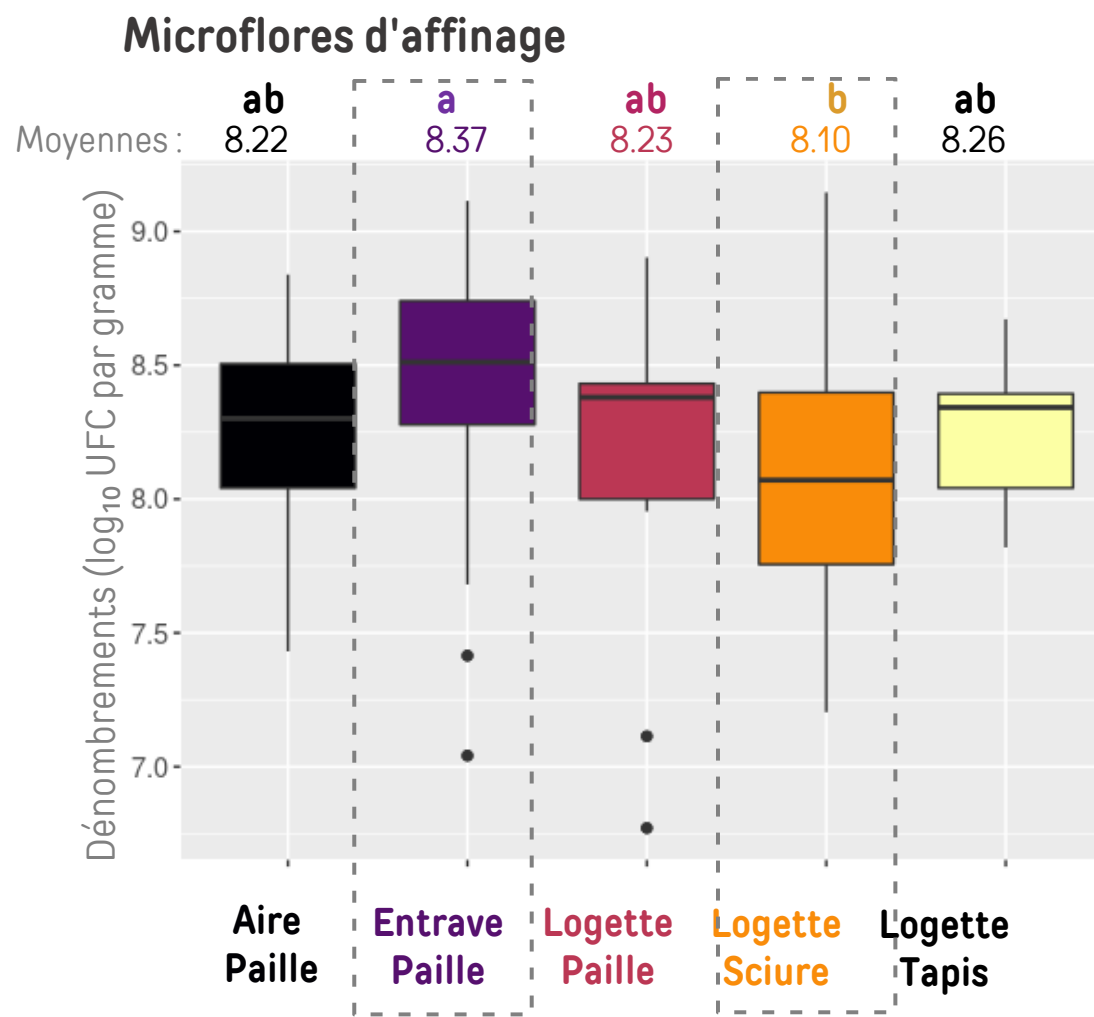
Présélectionner des pratiques qui pourraient se révéler intéressantes
pour favoriser les microflore utiles et/ou maîtriser les microflore indésirables.

Essais 2022-2024

Comparer les microbiotes d'exploitations agricoles laitières ayant des pratiques de gestion des litières différenciées

Tout au long du projet

Transfert des méthodes
et des résultats
Coordination



N = 15 pour chaque système étudié (25 exploitations, 3 suivis par exploitation)
Test statistique
Test post-hoc de Kruskal-wallis.



1/2 Bibliographie pour la catégorisation des microflores

1. Amoozegar, M. A. *et al.* Aliicoccus persicus gen. nov., sp. nov., a halophilic member of the Firmicutes isolated from a hypersaline lake. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology* **64**, 1964–1969.
2. Anaerobic Bacteria – Infectious Disease and Antimicrobial Agents. <http://www.antimicrobe.org/b77.asp>.
3. Abe, K. *et al.* Anaerocella delicata gen. nov., sp. nov., a strictly anaerobic bacterium in the phylum Bacteroidetes isolated from a methanogenic reactor of cattle farms. *The Journal of General and Applied Microbiology* **58**, 405–412 (2012).
4. Matthies, C., Evers, S., Ludwig, W. & Schink, B. 2000. Anaerovorax odorimutans gen. nov., sp. nov., a putrescine-fermenting, strictly anaerobic bacterium. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology* **50**, 1591–1594.
5. Lin, K.-J., Tani, T., Endo, Y., Kodatna, M. & Teramoto, K. Antimicrobial Activities of Iodinated Polystyrene Derivatives. *Artificial Organs* **20**, 1191–1195 (2008).
6. Magnusson, M., Christiansson, A. & Svensson, B. Bacillus cereus spores during housing of dairy cows: factors affecting contamination of raw milk. *J Dairy Sci* **90**, 2745–2754 (2007).
7. Weber, M., Liedtke, J., Plattes, S. & Lipski, A. Bacterial community composition of biofilms in milking machines of two dairy farms assessed by a combination of culture-dependent and –independent methods. *PLoS ONE* **14**, e0222238 (2019).
8. Hošťacká, A. & Klokočnicková, L. Characteristics of clinical Acinetobacter spp. strains. *Folia Microbiol* **47**, 579–582 (2002).
9. Broda, D. M., Saul, D. J., Lawson, P. A., Bell, R. G. & Musgrave, D. R. 2000. Clostridium gasigenes sp. nov., a psychrophile causing spoilage of vacuum-packed meat. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology* **50**, 107–118.
10. Kabeerdoss, J., Sankaran, V., Pugazhendhi, S. & Ramakrishna, B. S. Clostridium leptum group bacteria abundance and diversity in the fecal microbiota of patients with inflammatory bowel disease: a case-control study in India. *BMC Gastroenterol* **13**, 20 (2013).
11. Graham, M. *et al.* Clostridium scindens colonization of gnotobiotic mice promotes a chronic unresolving infection with Clostridioides difficile. Preprint at <https://doi.org/10.1101/2022.06.12.495821> (2022).
12. Schauss, T., Busse, H.-J., Golke, J., Kämpfer, P. & Glaeser, S. P. Y. 2015. Empedobacter stercoris sp. nov., isolated from an input sample of a biogas plant. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology* **65**, 3746–3753.
13. Rahmati, E. *et al.* Facklamia Species as an Underrecognized Pathogen. *Open Forum Infectious Diseases* **4**, ofw272 (2017).
14. Kutzer, P., Schulze, C., Engelhardt, A., Wieler, L. H. & Nordhoff, M. Helcococcus ovis, an Emerging Pathogen in Bovine Valvular Endocarditis. *J Clin Microbiol* **46**, 3291–3295 (2008).
15. Falcocchio, S., Ruiz, C., Pastor, F. I. J., Saso, L. & Diaz, P. Identification of a carboxylesterase-producing Rhodococcus soil isolate. *Can. J. Microbiol.* **51**, 753–758 (2005).
16. Kämpfer, P., Terenius, O., Lindh, J. M. & Faye, I. 2006. Janibacter anophelis sp. nov., isolated from the midgut of Anopheles arabiensis. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology* **56**, 389–392.
17. Chen, Y.-G. *et al.* Jeotgalicoccus marinus sp. nov., a marine bacterium isolated from a sea urchin. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology* **59**, 1625–1629.
18. Brisabois, A. *et al.* Les germes pathogènes dans le lait et les produits laitiers: situation en France et en Europe: -EN- -FR- -ES-. *Rev. Sci. Tech. OIE* **16**, 452–471 (1997).
19. Hoque, M. N. *et al.* Metagenomic deep sequencing reveals association of microbiome signature with functional biases in bovine mastitis. *Sci Rep* **9**, 13536 (2019).
20. Fang, W. *et al.* Multilocus sequence analysis of the genus Kurthia, and a description of Kurthia populi sp. nov. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology* **65**, 3788–3793.
21. Kämpfer, P., Falsen, E., Langer, S., Lodders, N. & Busse, H.-J. Y. 2010. Paenalcaligenes hominis gen. nov., sp. nov., a new member of the family Alcaligenaceae. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology* **60**, 1537–1542.
22. Wang, D., Liu, H., Zheng, S. & Wang, G. 2014. Paenirhodobacter enshiensis gen. nov., sp. nov., a non-photosynthetic bacterium isolated from soil, and emended descriptions of the genera Rhodobacter and Haematobacter. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology* **64**, 551–558.
23. Dutkiewicz, J., Mackiewicz, B., Kinga Lemieszek, M., Golec, M. & Milanowski, J. Pantoea agglomerans: a mysterious bacterium of evil and good. Part III. Deleterious effects: infections of humans, animals and plants. *Ann Agric Environ Med* **23**, 197–205 (2016).
24. Urakami, T., Tamaoka, J., Suzuki, K.-I. & Komagata, K. 1989. Paracoccus alcaliphilus sp. nov., an Alkaliphilic and Facultatively Methylophilic Bacterium. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology* **39**, 116–121.
25. Kim, Y.-J., Kim, M. K., Im, W.-T., Srinivasan, S. & Yang, D.-C. 2010. Parapusillimonas granuli gen. nov., sp. nov., isolated from granules from a wastewater-treatment bioreactor. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology* **60**, 1401–1406.
26. Margesin, R., Spröer, C., Schumann, P. & Schinner, F. Pedobacter cryoconitis sp. nov., a facultative psychrophile from alpine glacier cryoconite. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology* **53**, 1291–1296 (2003).
27. Grabowski, A., Tindall, B. J., Bardin, V., Blanchet, D. & Jeanthon, C. Petrimonas sulfuriphila gen. nov., sp. nov., a mesophilic fermentative bacterium isolated from a biodegraded oil reservoir. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology* **55**, 1113–1121 (2005).
28. Kaur, I. *et al.* Planococcus plakortidis sp. nov., isolated from the marine sponge Plakortis simplex (Schulze). *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology* **62**, 883–889.
29. Pascual, J. *et al.* Pseudomonas litoralis sp. nov., isolated from Mediterranean seawater. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology* **62**, 438–444.
30. Arnau, V. G., Sánchez, L. A. & Delgado, O. D. 2015. Pseudomonas yamanorum sp. nov., a psychrotolerant bacterium isolated from a subantarctic environment. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology* **65**, 424–431.
31. Lin, S.-Y. *et al.* Pseudomonas formosensis sp. nov., a gamma-proteobacteria isolated from food-waste compost in Taiwan. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology* **63**, 3168–3174.
32. Romanenko, L. A., Tanaka, N., Frolova, G. M. & Mikhailov, V. V. Y. 2009. Psychrobacter fulvigenes sp. nov., isolated from a marine crustacean from the Sea of Japan. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology* **59**, 1480–1486.
33. Romanenko, L. A., Lysenko, A. M., Rohde, M., Mikhailov, V. V. & Stackebrandt, E. 2004. Psychrobacter maritimus sp. nov. and Psychrobacter arenosus sp. nov., isolated from coastal sea ice and sediments of the Sea of Japan. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology* **54**, 1741–1745.
34. THIEULIN, G. *et al.* RECHERCHE DES STAPHYLOCOQUES PATHOGENES DANS LE LAIT ET LES PRODUITS LAITIERS. *Le Lait* **46**, 131–140 (1966).
35. Duchaine, C., Mériaux, A., Brochu, G., Bernard, K. & Cormier, Y. Saccharopolyspora rectivirgula from Quebec dairy barns: application of simplified criteria for the identification of an agent responsible for farmer's lung disease. *Journal of Medical Microbiology* **48**, 173–180 (1999).
36. Lee, D.-H., Hur, J. S. & Kahng, H.-Y. Sphingobacterium cladoniae sp. nov., isolated from lichen, Cladonia sp., and emended description of Sphingobacterium siyangense. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology* **63**, 755–760 (2013).

2/2 Bibliographie pour la catégorisation des microflores



1. Mazier, W. *et al.* A New Strain of Christensenella minuta as a Potential Biotherapy for Obesity and Associated Metabolic Diseases. *Cells* **10**, 823 (2021).
2. Besnard, A. *et al.* Aerococcus sp., a promising genus as a source of anti-Salmonella bioprotective agents for the dairy industry revealed by a miniaturised screening method. *International Dairy Journal* **116**, 104949 (2021).
3. ZELLNER, G. *et al.* Anaerofilum pentosovorans gen. nov., sp. nov., and Anaerofilum agile sp. nov., Two New, Strictly Anaerobic, Mesophilic, Acidogenic Bacteria from Anaerobic Bioreactorst. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology* **46**, 871–875.
4. Robinson, I. M., Allison, M. J. & Hartman, P. A. Y. 1975. Anaeroplasma abactoclasticum gen.nov., sp.nov.: an Obligately Anaerobic Mycoplasma from the Rumen. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology* **25**, 173–181.
5. Monnet, C. *et al.* Assessment of the anti-listerial activity of microfloras from the surface of smear-ripened cheeses. *Food Microbiology* **27**, 302–310 (2010).
6. Prasanna, P. H. P., Grandison, A. S. & Charalampopoulos, D. Bifidobacteria in milk products: An overview of physiological and biochemical properties, exopolysaccharide production, selection criteria of milk products and health benefits. *Food Research International* **55**, 247–262 (2014).
7. Geirnaert, A. *et al.* Butyricicoccus pullicaecorum, a butyrate producer with probiotic potential, is intrinsically tolerant to stomach and small intestine conditions. *Anaerobe* **30**, 70–74 (2014).
8. Leisner, J. J., Laursen, B. G., Prévost, H., Drider, D. & Dalgaard, P. *Carnobacterium*: positive and negative effects in the environment and in foods. *FEMS Microbiol Rev* **31**, 592–613 (2007).
9. Afzal, M. I. *et al.* Characterization of Carnobacterium maltaromaticum LMA 28 for its positive technological role in soft cheese making. *Food Microbiology* **36**, 223–230 (2013).
10. FREIER, T. A., BEITZ, D. C., LI, L. & HARTMAN, P. A. Y. 1994. Characterization of Eubacterium coprostanoligenes sp. nov., a Cholesterol-Reducing Anaerobe†. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology* **44**, 137–142.
11. Sun, L.–N. *et al.* Comamonas jiangduensis sp. nov., a biosurfactant-producing bacterium isolated from agricultural soil. *Int J Syst Evol Microbiol* **63**, 2168–2173 (2013).
12. Liu, L. *et al.* Complete Genome Sequence of the Industrial Strain Ketogulonicigenium vulgare WSH-001. *J Bacteriol* **193**, 6108–6109 (2011).
13. Hailemariam, S., Zhao, S. & Wang, J. Complete Genome Sequencing and Transcriptome Analysis of Nitrogen Metabolism of Succinivibrio dextrinosolvens Strain Z6 Isolated From Dairy Cow Rumen. *Front. Microbiol.* **11**, 1826 (2020).
14. Bockelmann, W., Willems, K. P., Neve, H. & Heller, K. H. Cultures for the ripening of smear cheeses. *International Dairy Journal* **15**, 719–732 (2005).
15. Ryu, S. H. *et al.* Devosia geojensis sp. nov., isolated from diesel-contaminated soil in Korea. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology* **58**, 633–636.
16. Yamamura, H. *et al.* Dietzia timorensis sp. nov., isolated from soil. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology* **60**, 451–454.
17. Frolková, P. *et al.* Enterococcusalcedinis sp. nov., isolated from common kingfisher (Alcedo atthis). *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology* **63**, 3069–3074.
18. Christophe, G. Etude de Fibrobacter succinogenes en bioréacteur anaérobie en vue de la dégradation de déchets végétaux. (Université Blaise Pascal – Clermont-Ferrand II; Université d’Auvergne – Clermont-Ferrand I, 2007).
19. Krumholz, L. R. & Bryant, M. P. Eubacterium oxidoreducens sp. nov. requiring H2 or formate to degrade gallate, pyrogallol, phloroglucinol and quercetin. *Arch. Microbiol.* **144**, 8–14 (1986).
20. Park, M.–H., Traiwan, J., Jung, M. Y. & Kim, W. 2012. Gulosibacterchungangensis sp. nov., an actinomycete isolated from a marine sediment, and emended description of the genus Gulosibacter. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology* **62**, 1055–1060.
21. Ritschard, J. S., Van Loon, H., Amato, L., Meile, L. & Schuppler, M. High Prevalence of Enterobacterales in the Smear of Surface-Ripened Cheese with Contribution to Organoleptic Properties. *Foods* **11**, 361 (2022).
22. Kovács, G. *et al.* Kocuria palustris sp. nov. and Kocuria rhizophila sp. nov., isolated from the rhizoplane of the narrow-leaved cattail (Typha angustifolia). *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology* **49**, 167–173.
23. Les microflores utiles des laits crus de vache et de chèvre : principaux (...) – 3R – Rencontres autour des Recherches sur les Ruminants. <http://www.journees3r.fr/spip.php?article1617>.
24. Oikonomou, G. *et al.* Milk Microbiota: What Are We Exactly Talking About? *Front. Microbiol.* **11**, 60 (2020).
25. Schauss, T., Busse, H.–J., Golke, J., Kämpfer, P. & Glaeser, S. P. Y. 2016. Moheibacter stercoris sp. nov., isolated from an input sample of a biogas plant. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology* **66**, 2585–2591.
26. Hosomi, K. *et al.* Oral administration of Blautia wexlerae ameliorates obesity and type 2 diabetes via metabolic remodeling of the gut microbiota. *Nat Commun* **13**, 4477 (2022).
27. Hosomi, K. *et al.* Oral administration of Blautia wexlerae ameliorates obesity and type 2 diabetes via metabolic remodeling of the gut microbiota. *Nat Commun* **13**, 4477 (2022).
28. Jiang, S., Cai, L., Lv, L. & Li, L. Pediococcus pentosaceus, a future additive or probiotic candidate. *Microbial Cell Factories* **20**, 45 (2021).
29. Dieuleveux, V., Van Der Pyl, D., Chataud, J. & Gueguen, M. Purification and Characterization of Anti- Listeria Compounds Produced by Geotrichum candidum. *Appl Environ Microbiol* **64**, 800–803 (1998).
30. Stackebrandt, E., Schumann, P., Swiderski, J. & Weiss, N. 1999. Reclassification of Brevibacterium incertum (Breed 1953) as Desemzia incerta gen. nov., comb. nov. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology* **49**, 185–188.
31. Schmidt, V. S. J., Wenning, M. & Scherer, S. Sphingobacterium lactis sp. nov. and Sphingobacterium alimentarium sp. nov., isolated from raw milk and a dairy environment. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology* **62**, 1506–1511 (2012).
32. Vernozý-Rozand, C. *et al.* Staphylococcus fleurettii sp. nov., isolated from goat’s milk cheeses. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology* **50**, 1521–1527 (2000).
33. Thierry, A. *et al.* Strain-to-strain differences within lactic and propionic acid bacteria species strongly impact the properties of cheese–A review. *Dairy Sci. & Technol.* **95**, 895–918 (2015).
34. Rees, E. M. R., Lloyd, D. & Williams, A. G. The effects of co-cultivation with the acetogen Acetitomaculum ruminis on the fermentative metabolism of the rumen fungi Neocallimastix patriciarum and Neocallimastix sp. strain L2. *FEMS Microbiology Letters* **133**, 175–180 (1995).
35. Montel, M.–C. *et al.* Traditional cheeses: Rich and diverse microbiota with associated benefits. *International Journal of Food Microbiology* **177**, 136–154 (2014).
36. SCHUBERT, K. *et al.* Two Coryneform Bacteria Isolated from the Surface of French Gruyère and Beaufort Cheeses Are New Species of the Genus Brachybacterium: Brachybacterium alimentarium sp. nov. and Brachybacterium tyrofermentans sp. nov.r†. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology* **46**, 81–87.
37. Milesi, M. M., Wolf, I. V., Bergamini, C. V. & Hynes, E. R. Two strains of nonstarter lactobacilli increased the production of flavor compounds in soft cheeses. *Journal of Dairy Science* **93**, 5020–5031 (2010).
38. Lee, S.–H. *et al.* Weissella jogaejeotgali sp. nov., isolated from jogae jeotgal, a traditional Korean fermented seafood. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology* **65**, 4674–4681.
39. Magnusson, J., Jonsson, H., Schnürer, J. & Roos, S. Weissella soli sp. nov., a lactic acid bacterium isolated from soil. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology* **52**, 831–834 (2002).
40. Abdel-Mageed, W. M. *et al.* Whole genome sequencing of four bacterial strains from South Shetland Trench revealing biosynthetic and environmental adaptation gene clusters. *Marine Genomics* **54**, 100782 (2020).