



7^e Symposium du CRIPA

Présentation orale

Effet de la présence de *Campylobacter jejuni* et d'une stratégie alimentaire de contrôle sur le microbiote caecal du poulet

Alexandre Thibodeau^{1,3}, Philippe Fravalo^{1,2,3}, Ludovic Lahaye⁴, Martine Boulianne^{3,5}, Julie Arsenault⁶, Étienne Yergeau⁷, Ann Letellier^{1,3}

¹ Chaire de recherche en salubrité des viandes (CRSV)

² Groupe de recherche et d'enseignement en salubrité alimentaire (GRESA)

³ Faculté de médecine vétérinaire, Université de Montréal

⁴ JEFO; ⁵ Chaire en recherche avicole

⁶ Groupe de recherche en épidémiologie des zoonoses et santé publique (GREZOSP)

⁷ Conseil national de recherches Canada (CNRC), Énergie Mines Environnement

Campylobacter jejuni est la principale cause d'entérite bactérienne chez l'humain. Les produits de volaille sont un vecteur important de *C. jejuni*. De façon asymptomatique, le contenu caecal des oiseaux colonisés peut contenir jusqu'à 10^9 CFU/g. Cette étude a pour but de documenter l'effet, sur le microbiote intestinal du poulet, de la colonisation par *C. jejuni* et d'un additif alimentaire destiné à son contrôle. Quatre groupes de 15 poulets ont été utilisés. Ces groupes ont reçu ou non l'additif et ont été colonisés ou non par *C. jejuni*. Trois semaines après la colonisation, les oiseaux ont été euthanasiés et le contenu des caeca recueilli. *C. jejuni* a été dénombré par culture. L'ADN des matières caecales a été extrait par une méthode phénol-chloroforme précédée d'une lyse bactérienne physique et thermique. Les niveaux d'*E. coli*, *C. perfringens*, lactobacilles, *Enterobacteriaceae* et *Bifidobacterium* ont été évalués par QPCR. La composition du microbiote a été caractérisée par séquençage Ion Torrent (8 poulets/groupe) et analysée avec Mothur. L'additif alimentaire a diminué la quantité de *C. jejuni* retrouvée dans le caecum des poulets. Deux fois plus de *Bifidobacterium* ont été observés chez les oiseaux positifs à *C. jejuni*. Les résultats du séquençage, toujours en analyse, ont permis de conclure que le microbiote intestinal était légèrement modifié par la présence de *C. jejuni* et de l'additif alimentaire. Entre autres, l'abondance relative du phylum *Bacteroidetes* était inférieure pour les oiseaux positifs à *C. jejuni*. Ces travaux sont un pas de plus vers la compréhension du microbiote intestinal du poulet et de sa manipulation efficace pour contrer les agents pathogènes alimentaires.