

Projet Litières - Quelle influence des pratiques d'élevage sur les écosystèmes microbiens des fermes et la qualité des laits cru ?

Rencontre « Recherche et filières, ensemble sur le terrain »

Aurillac • 15 novembre 2023

Présenté par Blandine Polturat, CERAQ
Analyses Bio-informatiques et Statistiques réalisées par Cresciense Lecaude

- **Importance des microflores des laits crus**



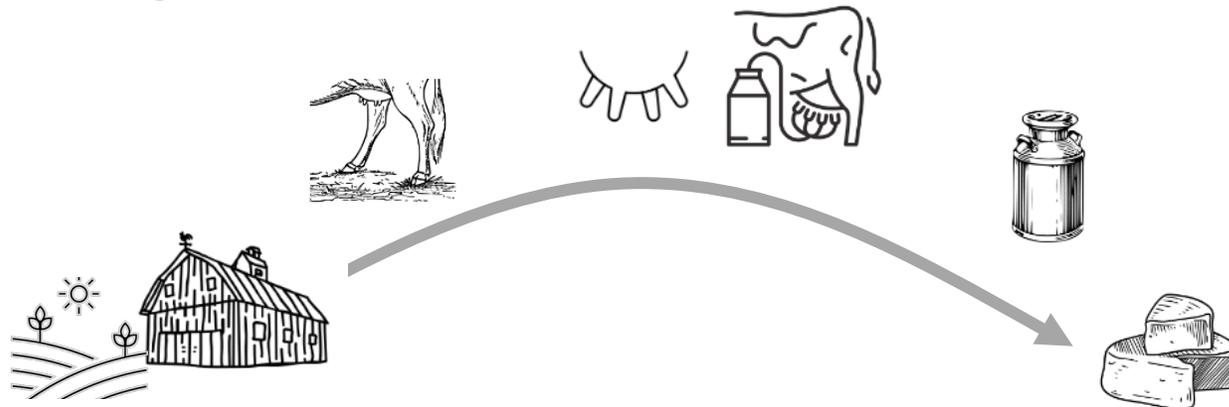
...par rapport à la **qualité** des fromages au lait cru (qualités organoleptiques, lien au terroir)



...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 :

PROJET
LITIÈRES

- ✉ 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,

Partenaires du projet :



ntaire

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

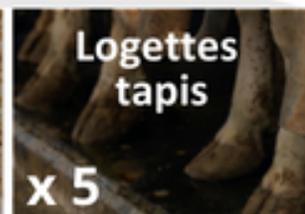


3 visites
par ferme



25 fermes

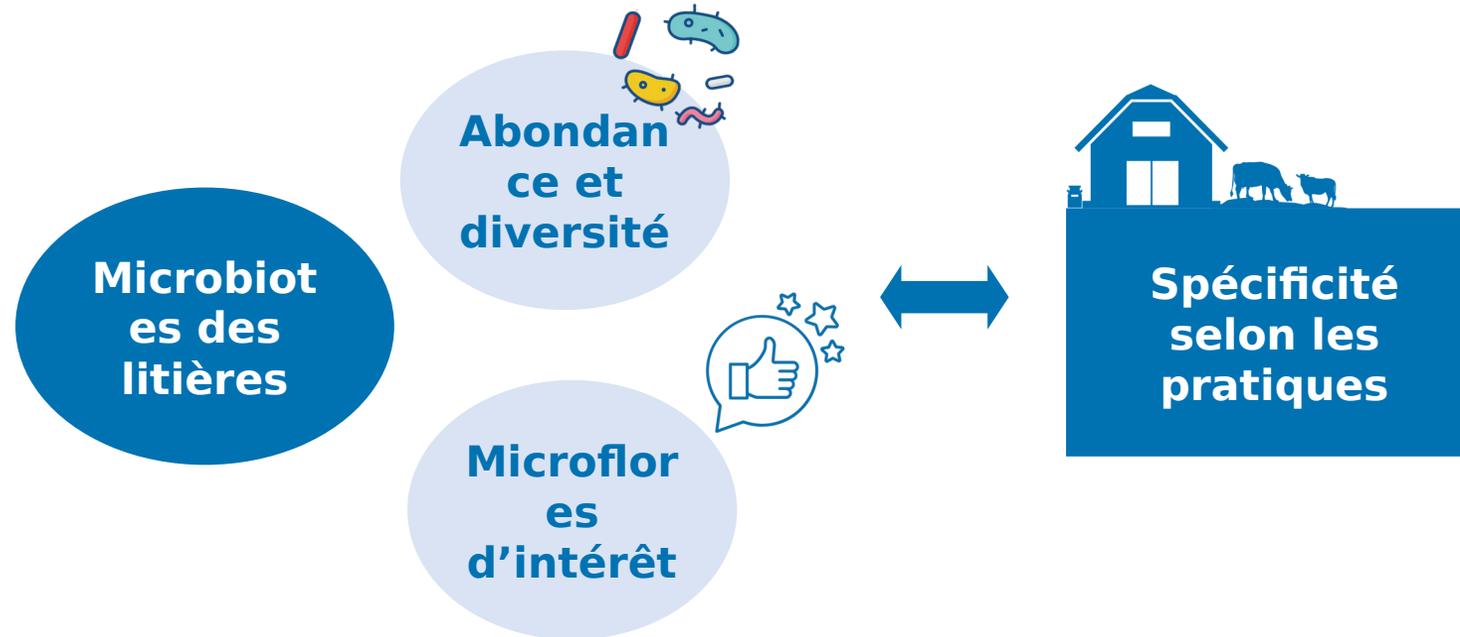
en Savoie et Haute-Savoie

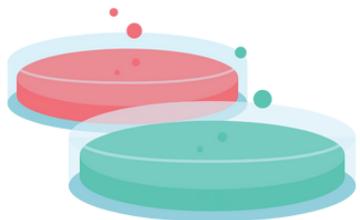


Litière : paille

Logement : logettes

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 ?





Analyses pasteuriennes

méthode « classique » de dénombrement sur boîte de pétri

→ Permet de connaître le nombre de microorganismes présents dans un échantillon

Il est nécessaire de choisir les groupes de microorganismes que l'on souhaite cibler.

Par exemple :

172 000 000 bactéries d'affinage par gramme*

~ 8
 \log_{10} *

*de matière collectée à la surface de la zone de couchage (UFC/g)

* Les bactéries sont dénombrées en nombre par gramme, puis une transformation logarithmique est appliquée. Une augmentation de 2 log (après transformation) est équivalent à multiplier la concentration par 10^2 (= 100).

Combien de microorganismes trouve-t-on sur les zones de couchage ?

Abondance et diversité



Dénombrement de groupes microbiens

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



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

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 métagénomique

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

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



~
300

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

>
200

espèces de bactéries détectées en moyenne dans une ferme, un jour donné

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

Quelle richesse et diversité bactérienne à la surface des zones de couchage ?

>
200

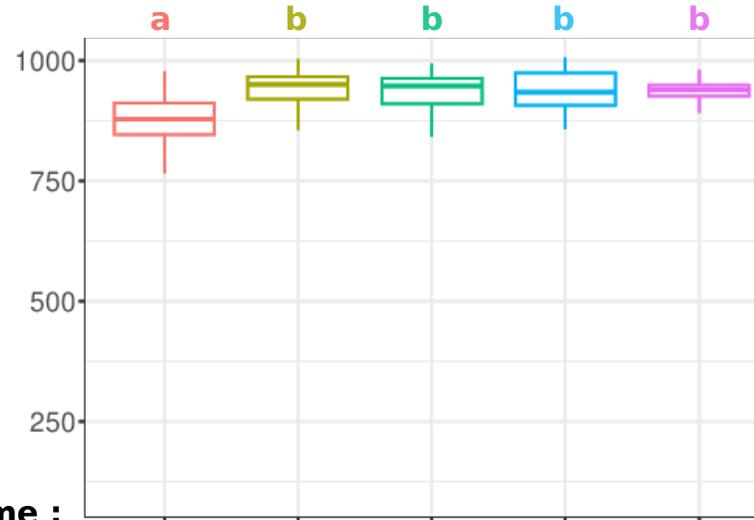
espèces de bactéries détectées en moyenne dans une ferme, un jour donné

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

La richesse bactérienne et l'indice de Shannon est statistiquement plus faible en surface des aires paillées, mais reste à un niveau comparable aux autres zones de couchage.



Richesse
bactérienne
(en OTU¹)

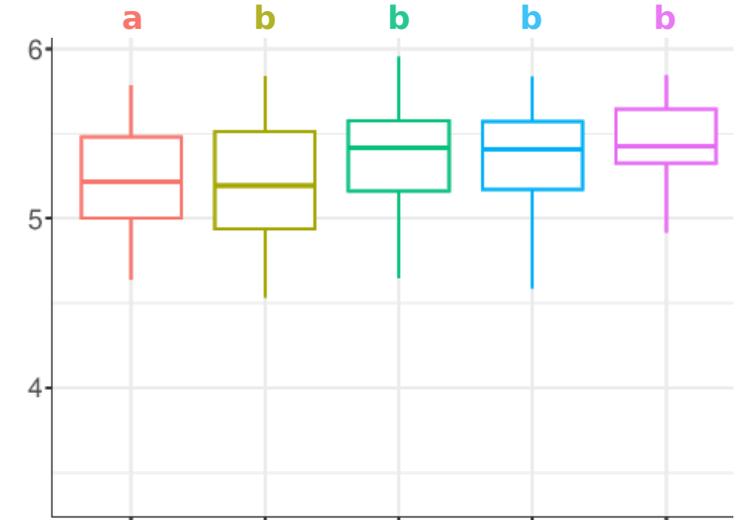


Système :
Logement
Litière

Aire Paille Entra ve Paille Loget te Paille Loget te Sciure Loget te Tapis



Indice de Shannon²
(diversité d'OTU¹)



Aire Paille Entra ve Paille Loget te Paille Loget te Sciure Loget te Tapis

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 0,05.



Les microbiotes sont différents selon les fermes ?

Litière : paille

Les microbiotes ne sont pas les mêmes selon les fermes.

Comparaison des fermes

Positionnement multidimensionnel non métrique (nMDS) selon les distances de Bray Curtis entre les compositions bactériennes des échantillons (metabarcoding 16S), selon les fermes, pour les exploitations agricoles utilisant de la paille.

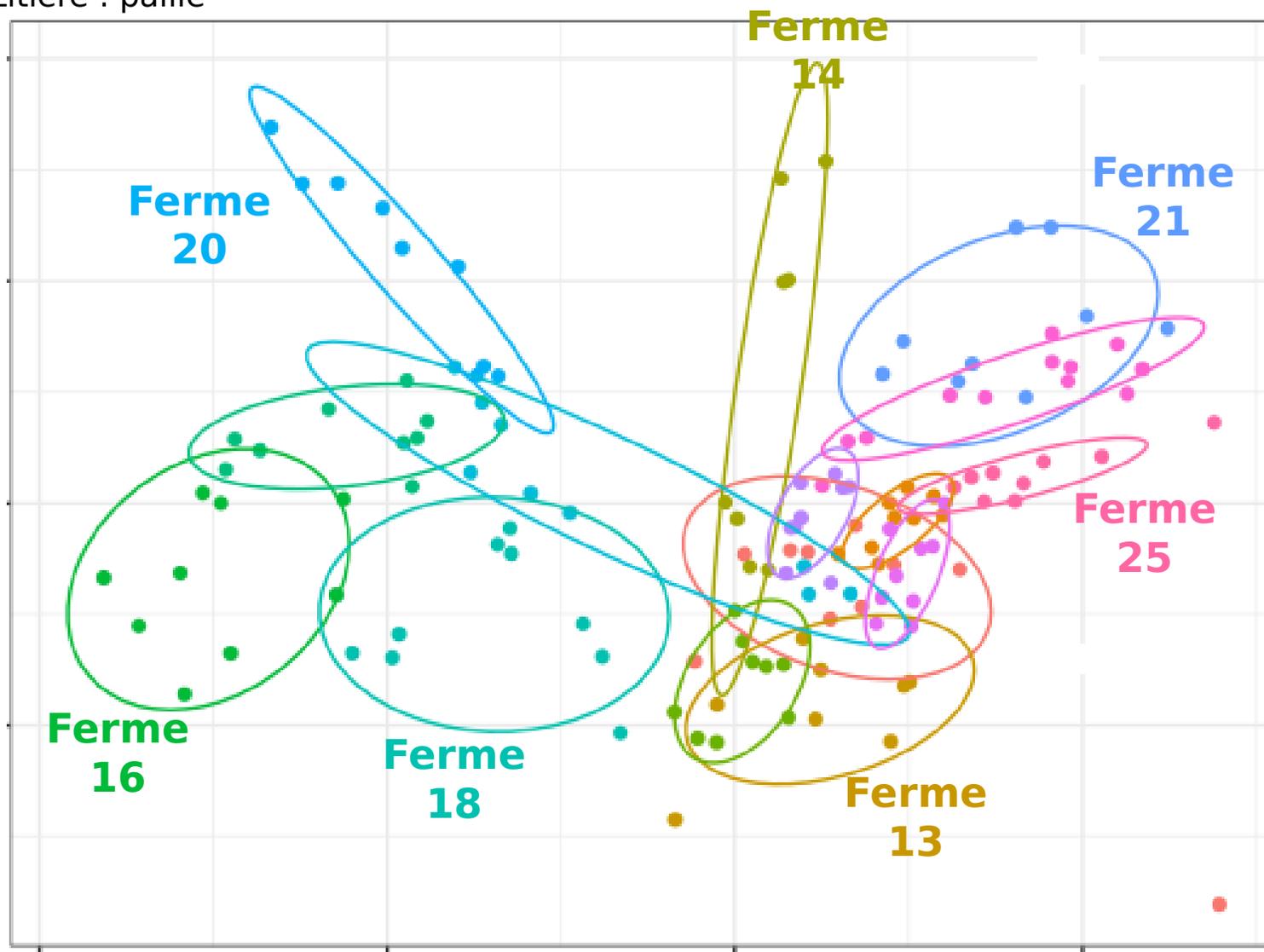
N = 135 échantillons (15 fermes, 3 suivis par fermes, 3 répliques biologiques)

Litière : paille (logement : Logette, entrave et aire)

Les communautés microbiennes sont impactées significativement (Permanova ; $R^2 = 0.35$; $p\text{-value} = 0,001$;

Logement : logette (litière : paille, sciure et tapis)

Les communautés sont impactées significativement par l'exploitation (Permanova ; $R^2 = 0.39$; $p\text{-value} = 0,001$



Fermes

- E11
- E12
- E13
- E14
- E15
- E16
- E17
- E18
- E19
- E20
- E21
- E22
- E23
- E24
- E25



Les microbiotes sont-ils différents selon le logement mis en place ?

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

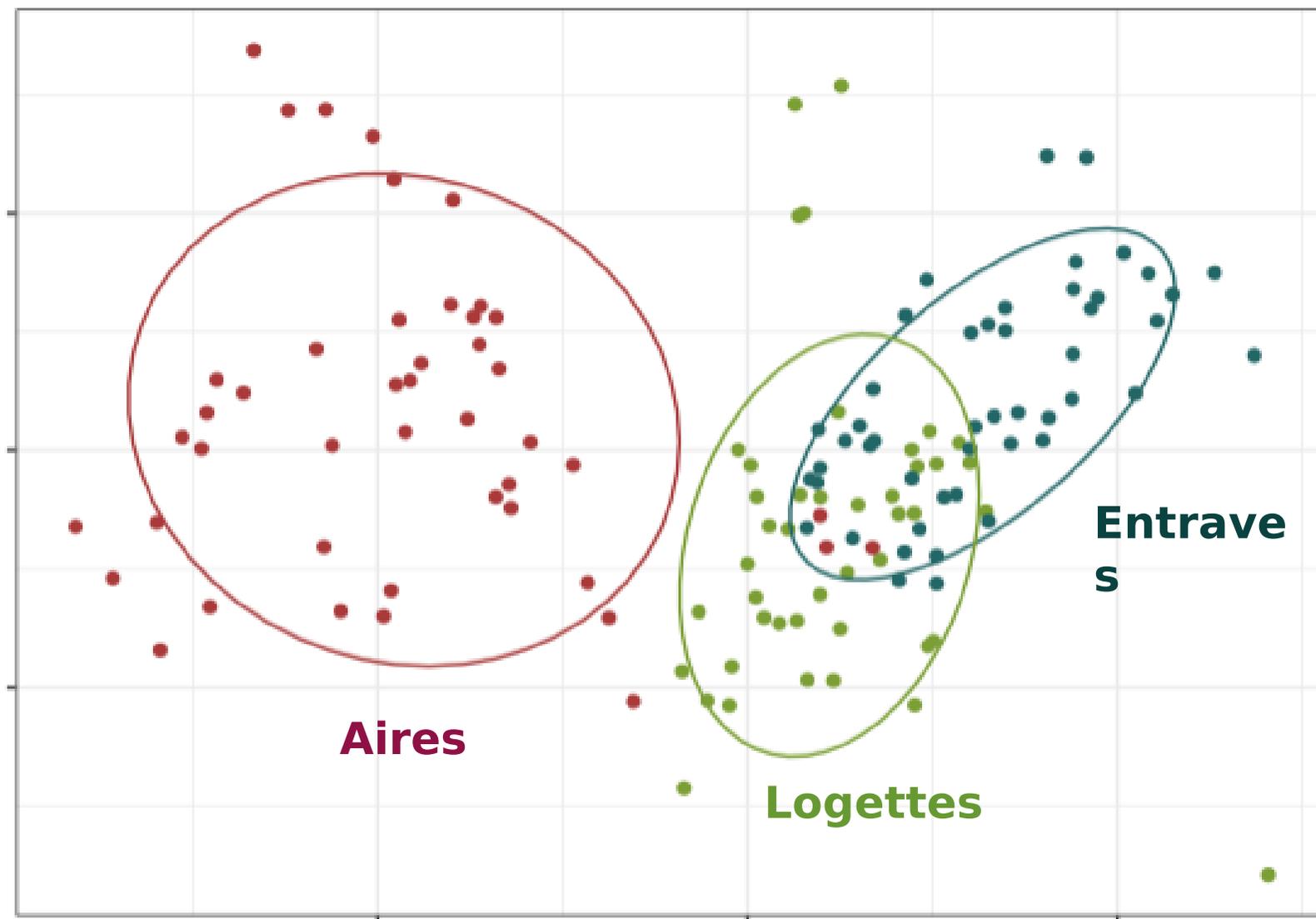
Anosim

- Aire / entrave : $R = 0.781$; $p\text{-value} = 1e-04$, (20% de surestimation potentiellement)

Permanova (LA et LE, effet exploitation)

- Logette / Aire : $R = 0.23$; $p\text{-value} = 0.001$,
- Logette / Entrave : $R = 0.12$

Stress = 0.15, $n=45$ par groupe





Les microbiotes sont-ils différents selon la litière utilisée ?

Logement : logettes

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 (métabarcoding 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 : $R = 0.186$; $p\text{-value} = 1e-04$,

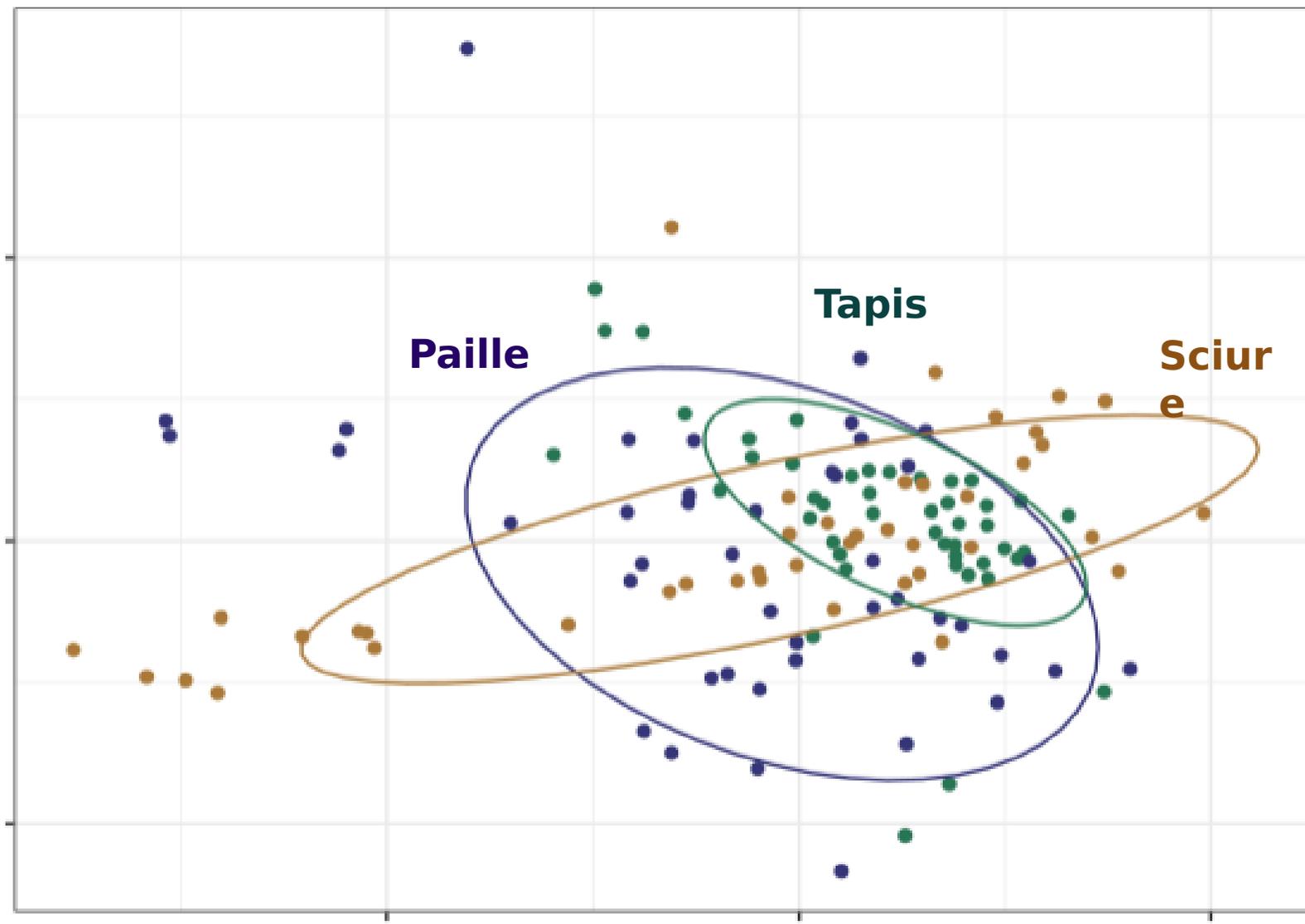
Attention l'ANOSIM surestime avec un facteur 2.

Permanova (comparaison S-P et T-S) effet exploitation pris en compte.

- Tapis / Sciure : $R = 0.11$; $p\text{-value} = 0.001$

Sciure / Paille = 45-008 ; $p\text{-value} = 0.001$

groupe





Les microbiotes sont-ils plus influencés par le logement ou la litière ?

Logement et litière : tous

Les microbiotes en surface des zones de couchage **sont plus dépendants du logement en place que de la litière utilisée.**

*espèces et abondances relatives

Composition bactérienne des échantillons

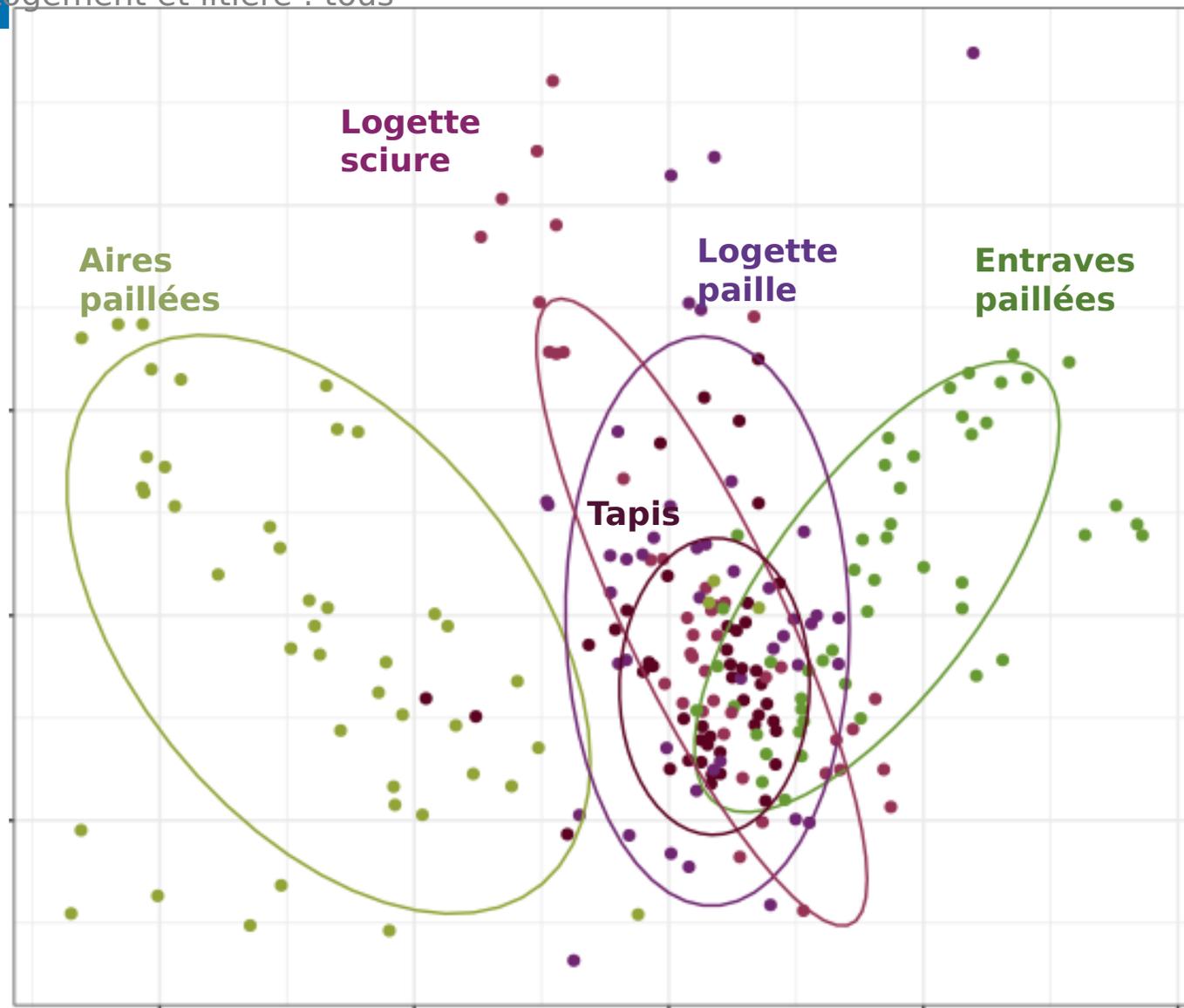
Positionnement multidimensionnel non métrique (nMDS) selon les distances de Bray Curtis entre les compositions bactériennes des échantillons (metabarcoding 16S), selon les systèmes étudiés (aire paillée, logette sciure, logette paille, entrave paille ou logette avec des tapis et sans litière).

N = 225 échantillons (25 fermes, 3 suivis par ferme, 3 réplicas biologiques)



En quoi sont-ils différents ?

Stress = 0.16
N = 45 dans chaque
groupe





Spécificité
selon les
pratiques

Quelle richesse et diversité bactérienne à la surface des zones de couchage ?



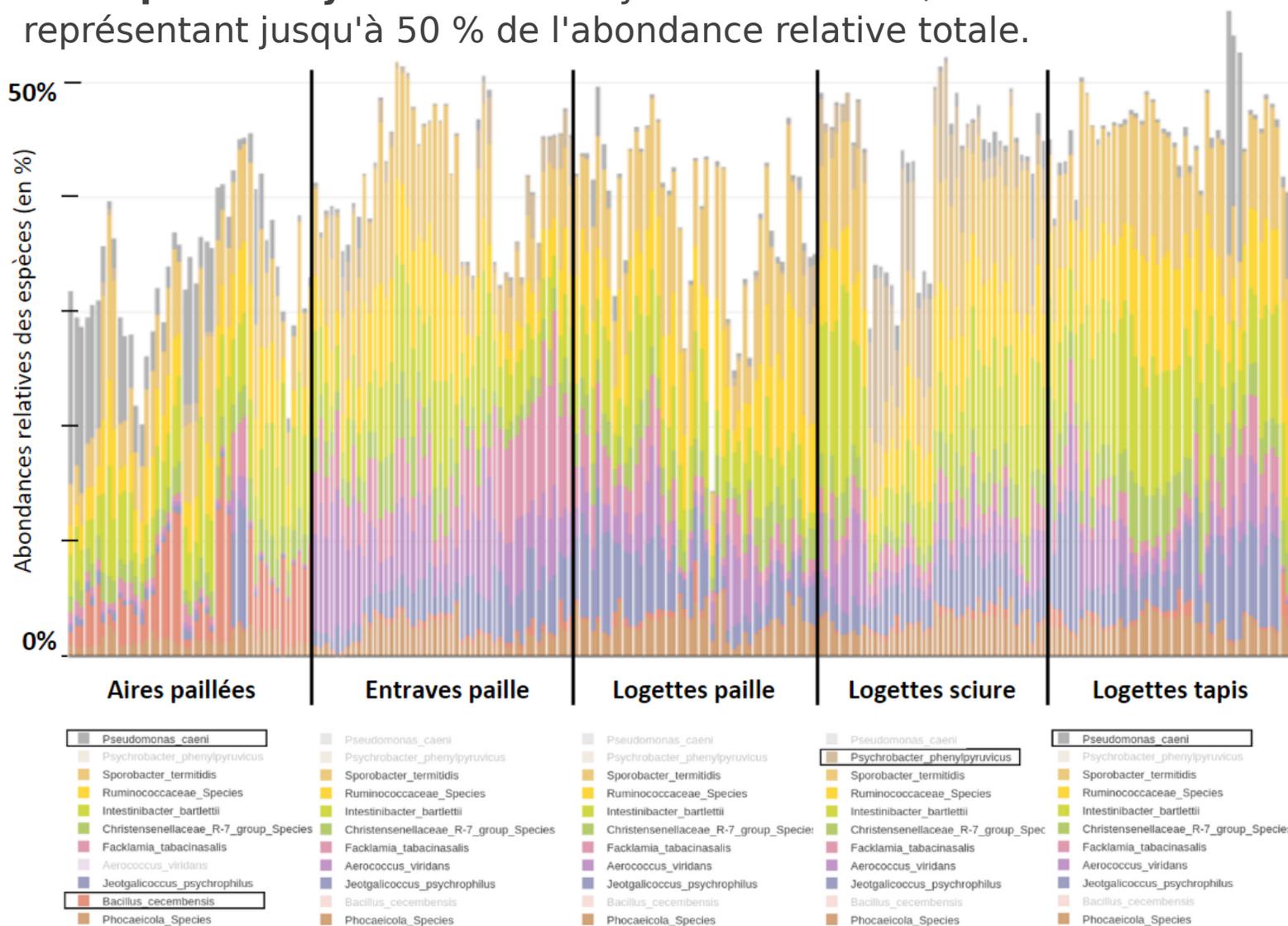
11 espèces majoritaires tout système confondu, représentant jusqu'à 50 % de l'abondance relative totale.

Par exemple, en proportion :

Par exemple, 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.



**Qu'en déduire ?
Qu'en est-il des bactéries utiles ?**



Pour chaque système étudié : N = 45 échantillons, 5 fermes

Comment savoir si les espèces détectées sont utiles en fromagerie ?

Classification des microflores retrouvées dans les litières

Critères de classification

Avec activité anti-pathogènes

Activité anti-**Listeria**

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.

Pathogènes

Pathogènes pour l'homme et/ou pour l'animal en se basant sur une base de données vétérinaires

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://bacdiver.dsmz.de>
- Publications : 80 articles scientifiques (notamment <https://www.microbiologyresearch.org>) via
- Base vétérinaire
- Florilège : Hélène Falentin. *Florilège : une base de données de phénotypes microbiens d'intérêt agro-alimentaire* Journées qualiment. Feb 2020. Paris. France. .



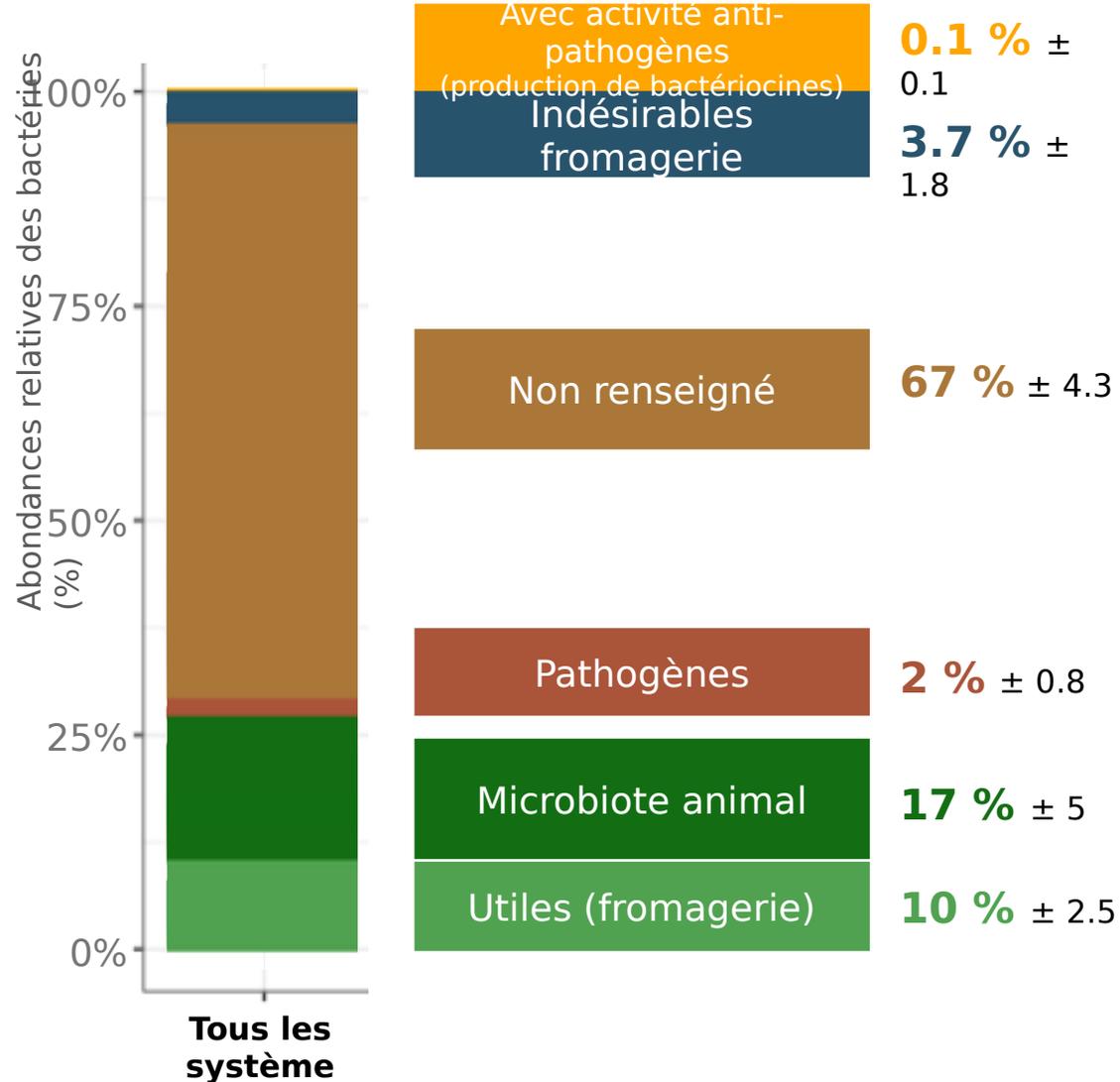
Quelle richesse et diversité bactérienne à la surface des zones de couchage ?



Proportions des microflores catégorisées

Les **microflores utiles en fromagerie** représentent au moins 10% (\pm 2.5%) des bactéries détectées à la surface des litières.

67% (+- 4.3%) en moyenne de microflores sur lesquelles il reste un travail de classification approfondi à faire



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



Quelle richesse et diversité bactérienne à la surface des zones de couchage ?

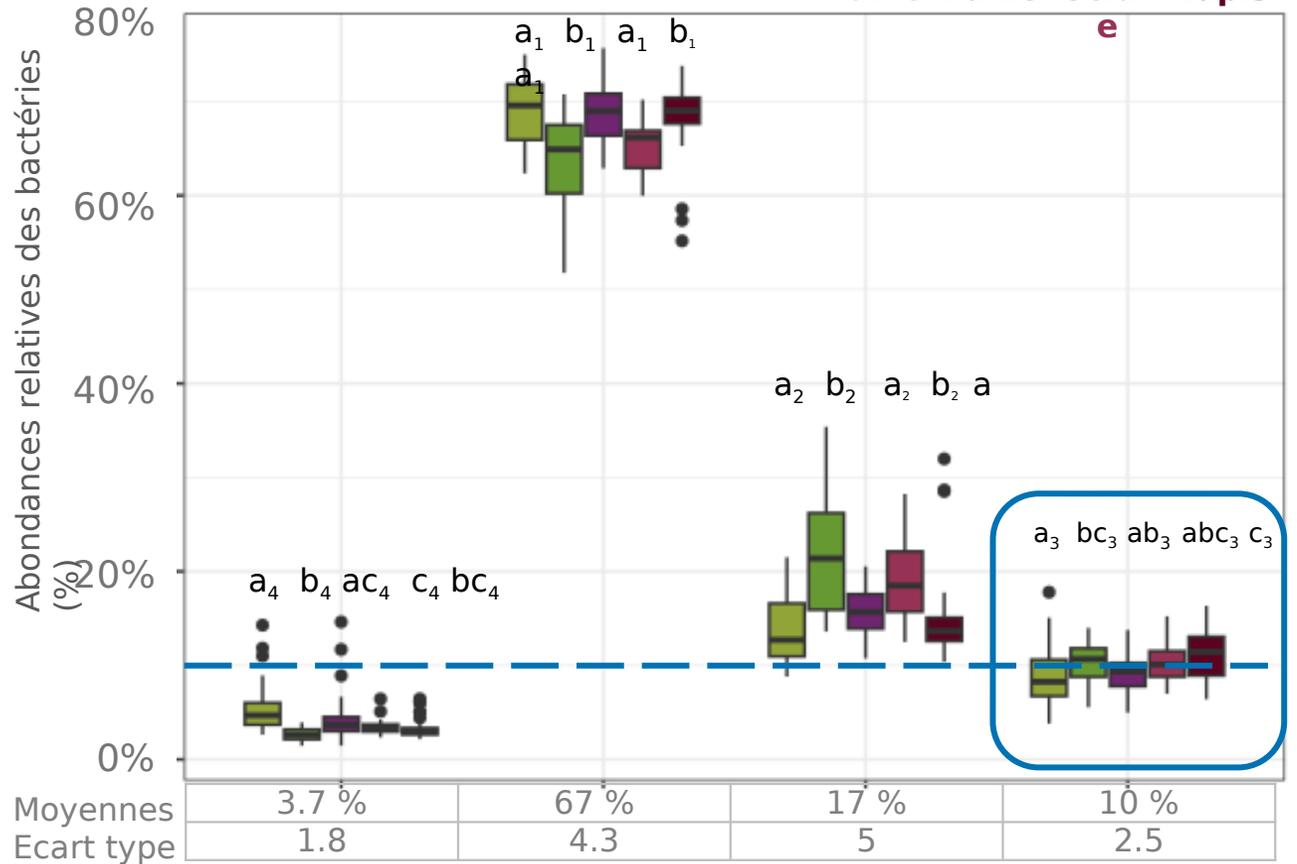


Proportions par système des catégories de microflores



Les abondances relatives de chaque catégorie sont globalement ressemblantes pour tous les systèmes, (microflores utiles ~ 10% ; indésirables en fromagerie ~ 4%).

Mais il existe de légères différences selon les systèmes.



Qu'en est-il
des
microflores
utiles ?

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

Tests statistiques : test post-hoc de Kruskal-wallis au

Indésirables
fromagerie

Non
renseigné

Microbiote
animal

Utiles
fromagerie

Quelle richesse et diversité bactérienne à la surface des zones de couchage ?

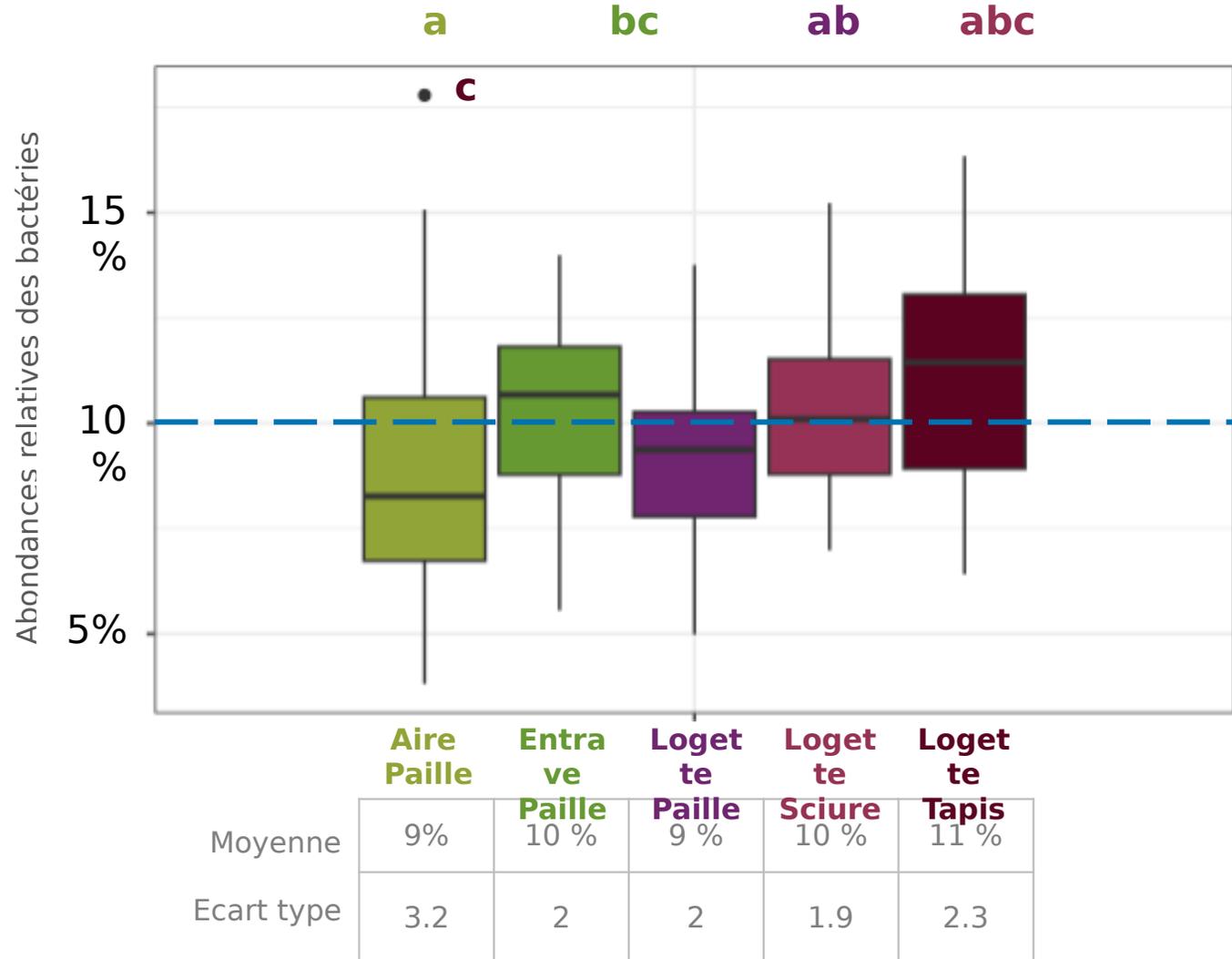


Proportions par système de microflores utiles à la fromagerie

Les bactéries catégorisées comme utiles en fromagerie sont **légèrement** plus présentes (en proportion) à la surface des logette tapis par rapport aux aires paillées et logettes paillées.



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

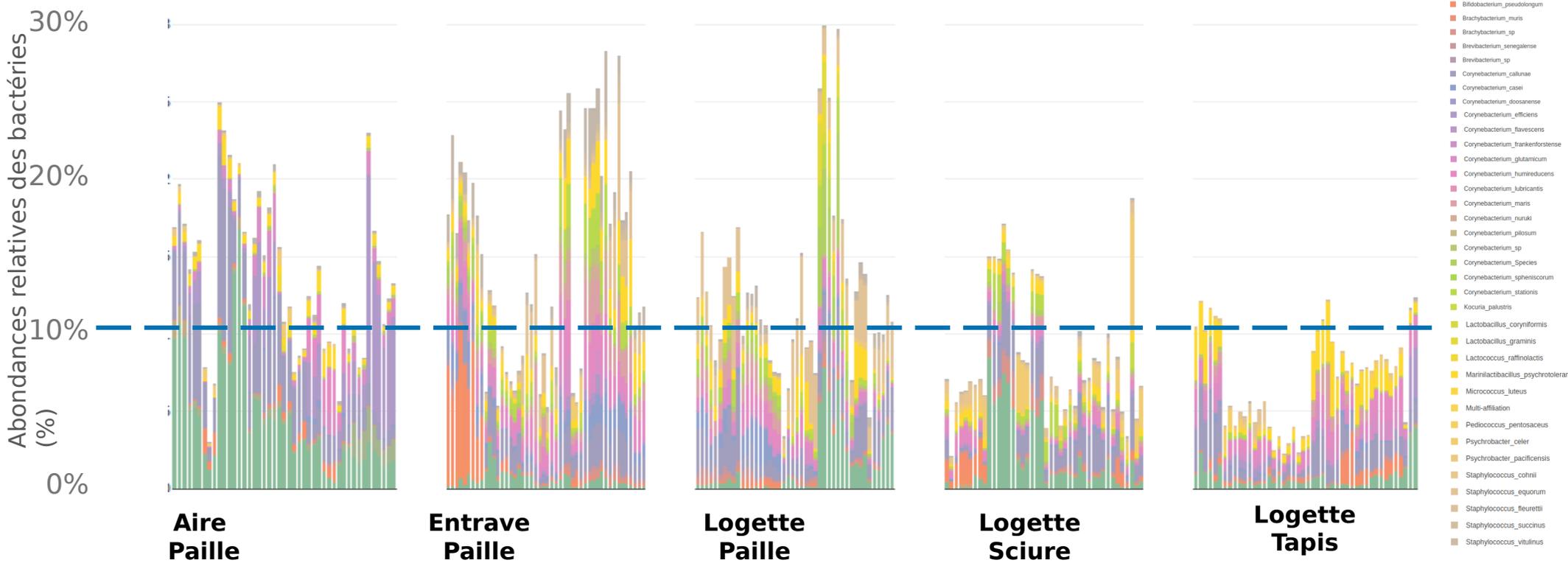


Pour chaque système étudié : N = 45 échantillons (5 fermes).

Tests statistiques : test post-hoc de Kruskal-wallis au

Quelle richesse et diversité bactérienne à la surface des zones de couchage ?

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



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...

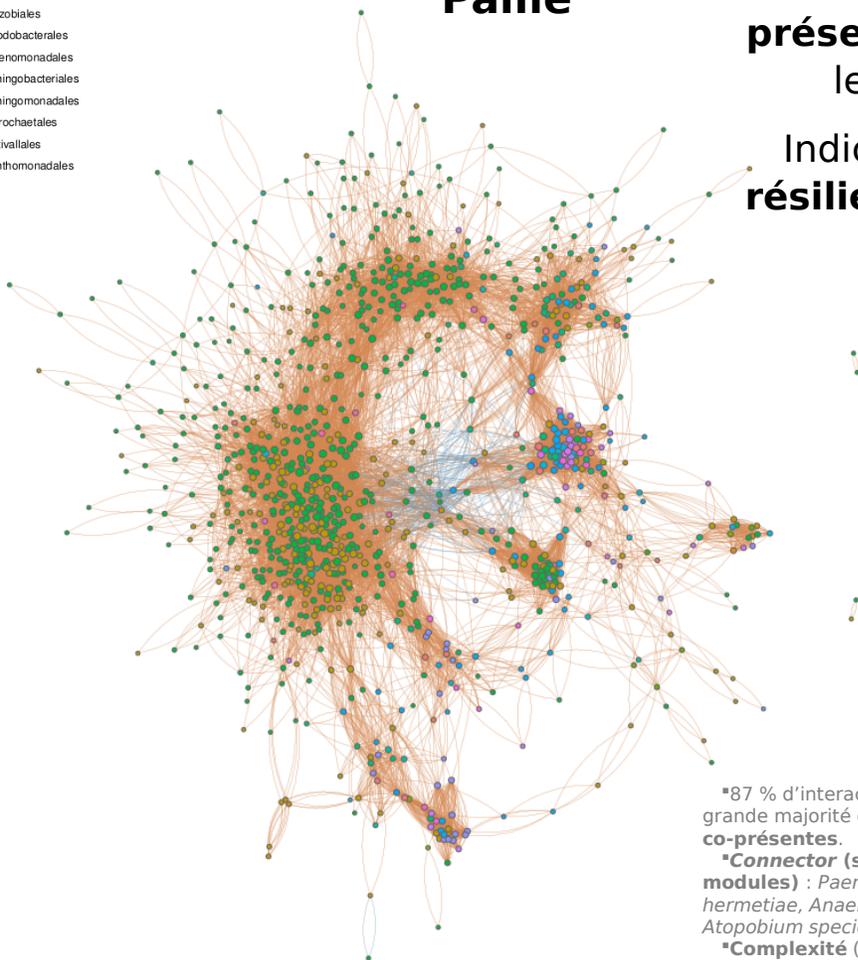
- Order
- Actinomycetales
 - Aeromonadales
 - Alteromonadales
 - Anaeroplasmatales
 - Bacillales
 - Bacteroidales
 - Bifidobacteriales
 - Bradymonadales
 - Burkholderiales
 - Campylobacteriales
 - Caulobacteriales
 - Clostridiales
 - Coriobacteriales
 - Corynebacteriales
 - Desulfovibrionales
 - Enterobacteriales
 - Erysipelotrichales
 - Fibrobacterales
 - Flavobacteriales
 - Fusobacteriales
 - Lactobacillales
 - Micrococcales
 - Mollicutes_NB1-n
 - Pseudomonadales
 - Pseudonocardiales
 - Rhizobiales
 - Rhodobacteriales
 - Selenomonadales
 - Sphingobacteriales
 - Sphingomonadales
 - Spirochaetales
 - Victivallales
 - Xanthomonadales

- igraph.degree
- 25
 - 50
 - 75
 - 100
- cor
- - +

Logette Paille

Plus de **co-présence** entre les espèces

Indicateurs de **résilience plus faibles**



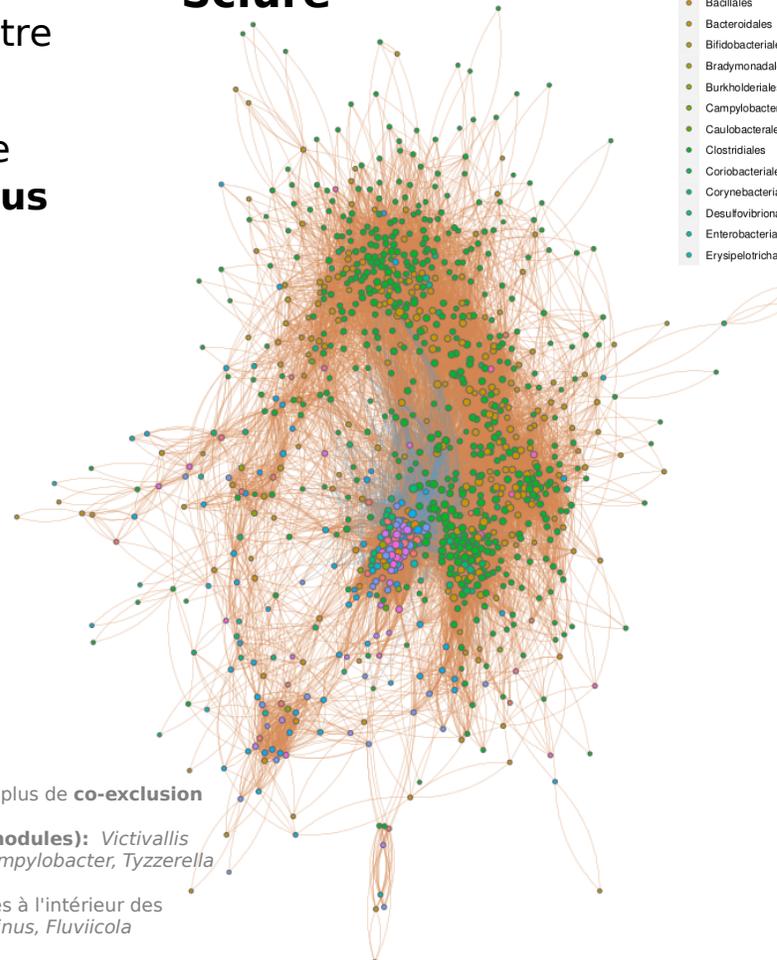
*87 % d'interactions positives : la grande majorité des interactions sont **co-présentes**.

***Connector (séparent les modules)** : *Paenalcaligenes hermetiae*, *Anaerosphaera aminiphila*, *Atopobium species*

***Complexité** (means average degree) = 19.156

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*, *Tyzzereella lactatifermentans*

***Module hub** (très connectées à l'intérieur des modules) : *Staphylococcus succinus*, *Fluviicola taffensis*, *Lachnospiraceae*

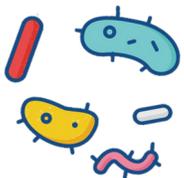
***Complexité** = 30.099

- igraph.degree
- 25
 - 50
 - 75
 - 100
 - 125

- cor
- - +

- Order
- Actinomycetales
 - Aeromonadales
 - Anaeroplasmatales
 - Bacillales
 - Bacteroidales
 - Bifidobacteriales
 - Bradymonadales
 - Burkholderiales
 - Campylobacteriales
 - Caulobacteriales
 - Clostridiales
 - Coriobacteriales
 - Corynebacteriales
 - Desulfovibrionales
 - Enterobacteriales
 - Erysipelotrichales
 - Fibrobacterales
 - Flavobacteriales
 - Lactobacillales
 - Micrococcales
 - Mollicutes_NB1-n
 - Pseudomonadales
 - Pseudonocardiales
 - Rhizobiales
 - Rhodobacteriales
 - Selenomonadales
 - Sphingobacteriales
 - Sphingomonadales
 - Spirochaetales
 - Victivallales
 - Xanthomonadales

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 ferme, un jour donné. La richesse et la diversité des bactéries sont comparables dans tous les systèmes.



Des microbiotes différents **selon le type de logement** et la **litière utilisée** au sein des fermes.



Au vu des connaissances actuelles, **les microflores utiles en fromagerie représenteraient environ 10% des bactéries*** présentes à la surface des zones de couchage, quel que soit le système.
70% de bactéries dont le rôle potentiel n'est pas connu...

Objectifs : mieux connaître...

- Les **microbiotes** à la surface des zones de couchage selon les litières/logements utilisés
→ Essai 1 dont fait l'objet cette présentation.
Des informations ont été collectées les microorganismes des litières et les différences observées selon les logements, la litière utilisée, au cours du temps, etc.
- Les **pratiques** de gestion des litières mises en œuvre en AURA,
✉ Questionnaire en ligne (257 répondants) et enquêtes
 - 16% des répondants utilisent des asséchants contenant des microorganismes
 - 20% voire jusqu'à 30% dans certains départements**Quel sont les effets des apports de bactéries considérées comme utiles sur les microbiotes des litières, du lait ?** Les interactions entre les espèces ?
- **l'impact d'une pratique** de gestion des litières sur les microbiotes des litières et sur la qualité des laits.
✉ Les prochains travaux du projet Litières porteront sur l'étude de **l'ensemencement des litières** en microflore utiles (bactéries acidifiantes et avec activité anti-pathogènes) sur les microbiotes des litières, des trayons et des laits.

Pour en savoir plus : mémoire de Constance Fournier ([lien](#))

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 (AFTAIP), Céline Pignol (Aftalp).



Merci de votre attention !

Annexes



Essai 2021-2023

Étudier 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

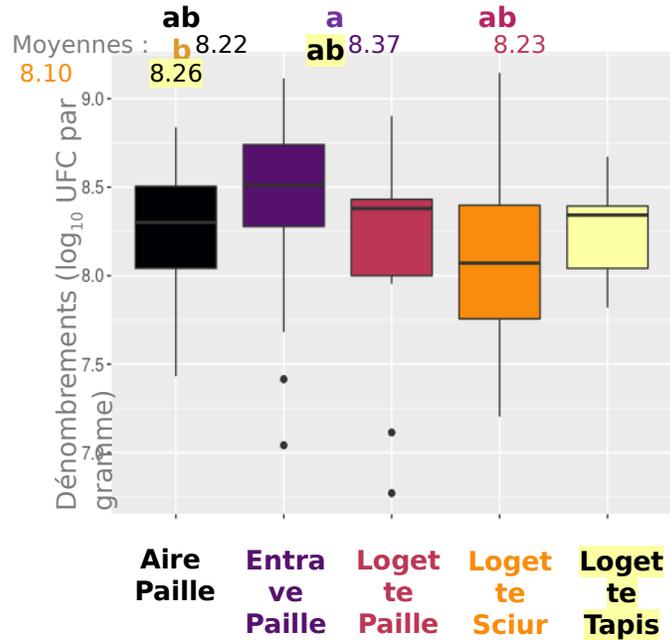
Transfert des méthodes et des résultats

Coordination

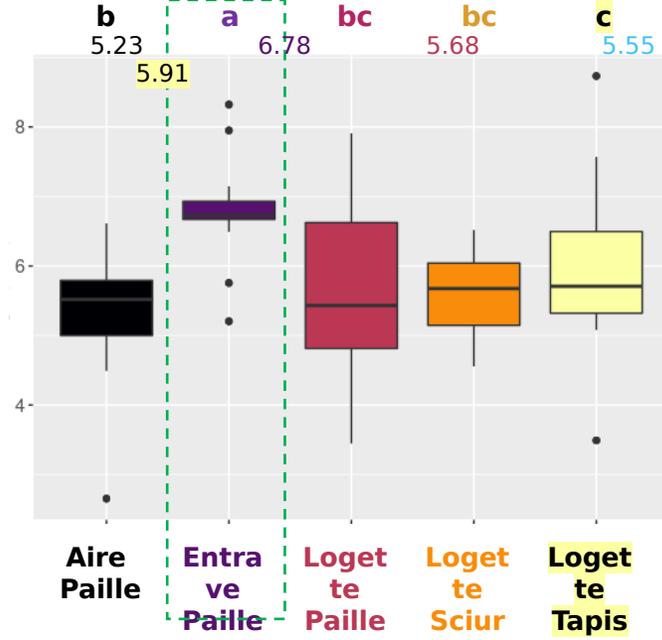




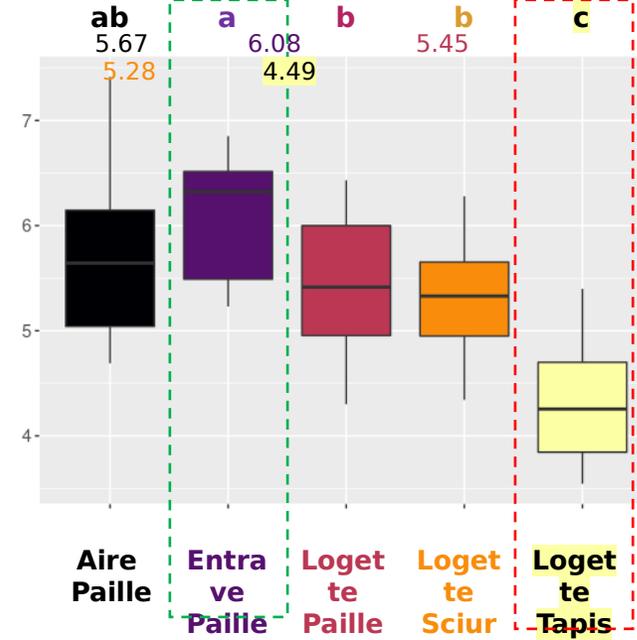
Microfiores d'affinage



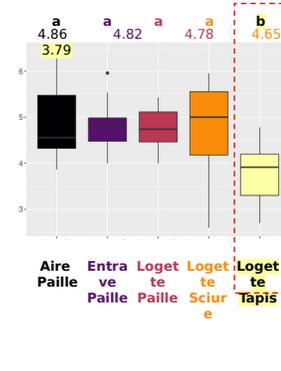
Microfiores lactiques mésophiles



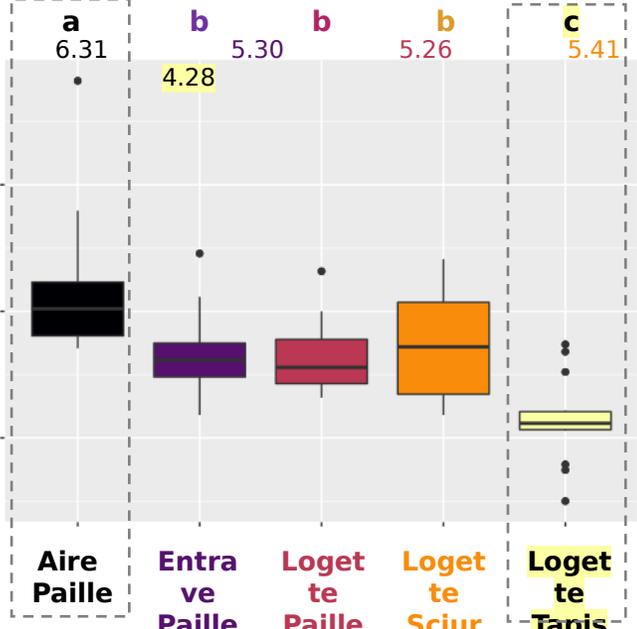
Levures



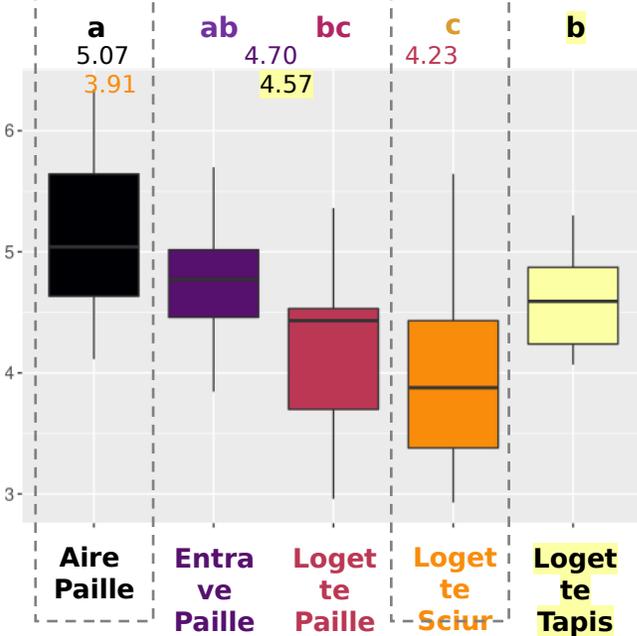
Moisissures



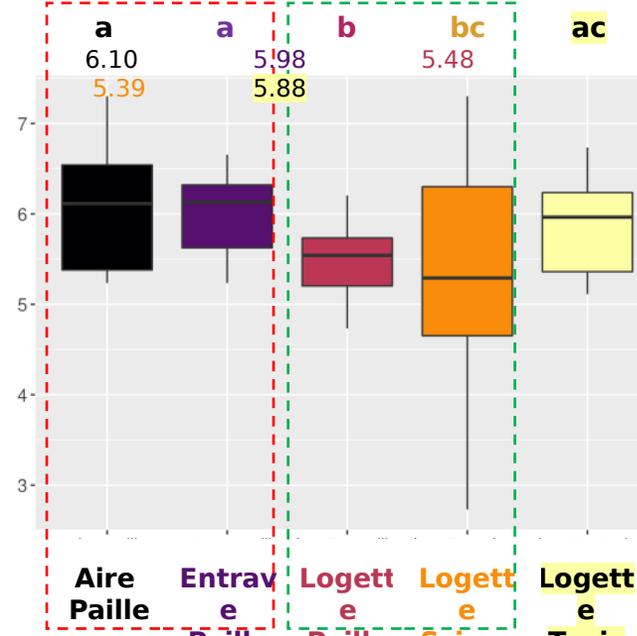
Bactéries à Gram négatif



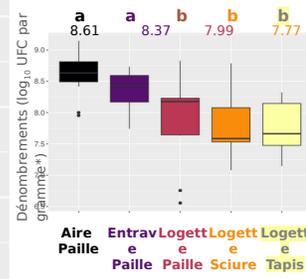
Coliformes fécaux



Butyriques



FMAR



N = 15 pour chaque système étudié (25 exploitations, 3 suivis par exploitation)

Test statistique : Test post-hoc de Kruskal

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. Falcochio, 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 Methylotrophic 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**, 1234–1237.

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 Bioreactors†. *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.* *Butyricoccus 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 *Ketogulonigenium 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.* *Enterococcus calcedinis* 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. *Gulosibacter chungangensis* 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. Vernozy-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 *Acetivomaculum 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 Microbiol* **177**, 136–154 (2014).