

Etude de la flore microbienne de filets de poissons d'eau douce et d'eau de mer sous différents conditionnements par analyse métagénomique ciblée sur l'ADN ribosomial 16S

Delhalle L.¹, Taminiau B.², Nezer C.¹, Darcis A.¹, Daube G.²

¹ Quality Partner sa, 62 Rue Hayeneux, 4040 Herstal, Belgique ; T+32 (0)4 240 75 00 / F+32 (0)4 240 75 10

² Université de Liège, Département des Sciences des Denrées Alimentaires ; B43 Bis, 4000 Liège, Belgique ; T+32 (0)4 366 40 29 / F+32 (0)4 366 40 44

Introduction

Grâce à l'évolution des techniques de séquençage haut débit et de la bio informatique, l'analyse métagénomique est devenue un outil puissant pour étudier la flore bactérienne d'échantillons issus de divers environnements.

Objectifs

Etude de la population bactérienne

- de deux types de filets de poissons : pangasius (eau douce) et églefin (eau de mer)
- au début et à la fin de la durée de vie
- sous air atmosphérique ou sous atmosphère modifiée (40% N₂/40% CO₂/20% O₂)

Résultats et discussions

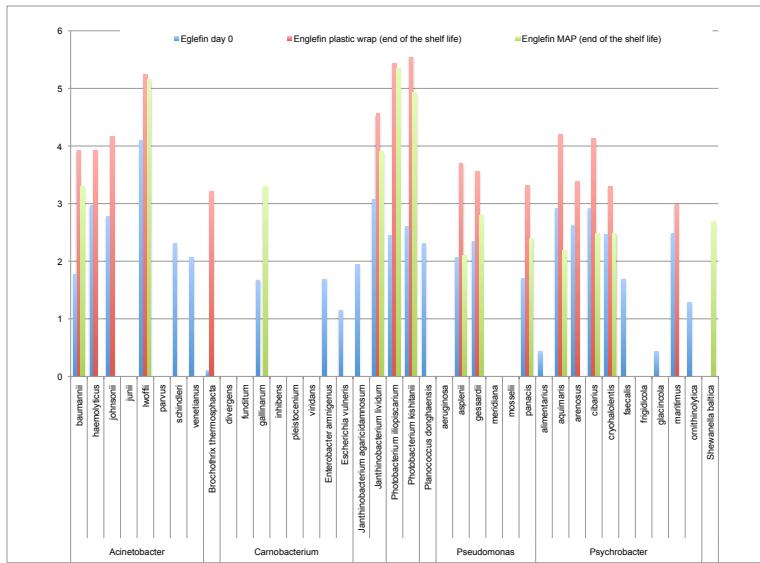
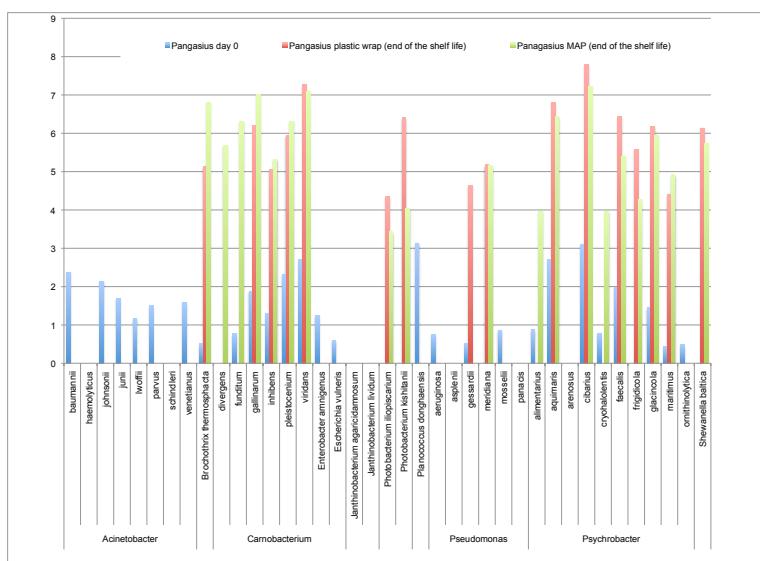


Fig. 2 & 3: Résultats de l'analyse métagénomique, respectivement, pour le filet de pangasius et d'églefin le jour de réception et à la fin de la durée de vie sous différents conditionnements

Matériaux et méthodes

Échantillons de poissons

- le jour de la réception
 - à la fin de la durée de vie
 - sous différents conditionnements
- DLC Pangasius
5 jours sous atmosphère
8 jours sous atmosphère modifiée
DLC églefin
2 jours sous atmosphère
6 jours sous atmosphère modifiée

Analyse microbiologique classique

- Roche 454 GS junior
Cible: ADNr 16S
100.000 séquences par run

Pipeline bioinformatique

Interprétation des résultats

Fig. 1: description des différentes étapes pour la réalisation de l'analyse métagénomique et pour son interprétation

- Quarante espèces bactériennes différentes ont été identifiées pour les deux types de poissons
- Des variations importantes de la flore initiale ont été observées suivant le type de conditionnement et le type de poisson
- Les bactéries Gram négatives sont majoritaires et certaines flores sont connues pour causer l'altération du poisson (*Moraxellaceae* et *Pseudomonadaceae*)
- *Shewanella baltica* est une bactérie productrice de H₂S donnant des mauvaises odeurs au filet de poisson
- Certaines espèces de *Lactobacillaceae* ont été décrites pour leurs effets de protection contre les bactéries pathogènes et l'altération du poisson
- Pour le pangasius, *Planococcus donghaensis* est présent uniquement avant le conditionnement et sa présence pourrait être un indicateur de la fraîcheur du poisson

Conclusions

Cette étude a permis d'appliquer l'analyse métagénomique pour identifier et mesurer les proportions relatives des espèces bactériennes dans les filets de poissons au cours du temps sous différents conditionnements.

La croissance de certaines espèces Gram négatives pourrait être un indicateur d'altération. Par conséquent, l'analyse métagénomique pourrait être un outil supplémentaire pour fixer adéquatement la date limite de consommation.