

**Ce que cache le cæcum du poulet: une étude métagénomique ciblée
sur *Campylobacter jejuni***

Résumé de l'affiche :

Campylobacter jejuni (*C. jejuni*) est l'un des principaux agents bactériens responsables de gastro-entérites humaines, avec près de 166 millions de cas recensés chaque année dans le monde selon l'OMS. Au Canada, il provoque environ 145 000 infections et plus de 500 hospitalisations annuelles, principalement liées à la consommation de viande de volaille. Le poulet de chair constitue un réservoir asymptomatique majeur et joue un rôle central dans la transmission à l'homme.

Si les mécanismes favorisant la colonisation intestinale du poulet par *C. jejuni* restent encore partiellement élucidés, les interactions avec le microbiote cæcal suscitent un intérêt croissant. Les études disponibles livrent toutefois des résultats contradictoires, reflétant la variabilité des microbiotes selon les conditions d'élevage, les souches bactériennes et les approches méthodologiques.

Cette étude vise à évaluer l'impact de *C. jejuni* sur la structure et la diversité du microbiote cæcal du poulet de chair, en combinant un séquençage ciblé du gène 16S rRNA et un pipeline bioinformatique standardisé. Les données analysées proviennent à la fois d'expérimentations menées au laboratoire CRSV et de publications scientifiques. Le traitement inclut le prétraitement des lectures, la classification taxonomique et le regroupement en OTUs avec Mothur (v1.48.3), suivis d'analyses de diversité alpha et bêta sous R.

Les résultats attendus devraient permettre d'identifier des interactions microbiennes clés, en particulier des taxons exerçant des effets antagonistes ou synergiques vis-à-vis de *C. jejuni*. Une telle compréhension pourrait ouvrir la voie à des stratégies de modulation du microbiote visant à réduire la colonisation intestinale en élevage, avec des retombées majeures pour la biosécurité avicole et la santé publique.