

Fromages et laits AOP : une analyse de grande ampleur révèle leur diversité microbienne

COMMUNIQUÉ DE PRESSE - En France, 46 fromages bénéficient de l'AOP, qui atteste de l'origine géographique des produits. La richesse des terroirs français donne un goût unique aux fromages AOP et jouerait un rôle dans la diversité microbienne de ces derniers. C'est ce qu'a montré une équipe de chercheurs d'INRAE, du CEA, du CNAOL et du CNIEL en analysant les bactéries, les levures et les moisissures présentes dans plus de 2 000 échantillons de fromages français labellisés AOP et dans 400 laits associés. Les résultats, publiés le 6 août dans la revue ISME Communications, associent de manière inédite les données microbiennes avec les modes de production.

Publié le 06 août 2024

L'appellation d'origine protégée (AOP) garantit au consommateur l'origine du produit. En France, 51 produits laitiers, comprenant des fromages, beurres et crèmes, bénéficient de ce label européen grâce à un savoir-faire reconnu et au respect d'un cahier des charges spécifique (zone de production, étapes de production, alimentation des animaux, etc.).

Les bactéries, levures et moisissures présentes dans le lait et celles introduites durant la fermentation permettent de donner le goût, la texture au fromage et de participer à la formation de sa croûte, et contribuent à augmenter la richesse du microbiote intestinal des consommateurs de ce produit fermenté.

Une équipe de recherche, composée de chercheurs d'INRAE, du CEA, du Conseil national des appellations d'origine laitières (CNAOL) et du Centre national interprofessionnel de l'économie laitière (CNIEL), a étudié pour la première fois la diversité microbienne des fromages AOP et des laits associés à l'échelle du territoire français. Dans le cadre du projet MetaPDOcheese (voir encadré plus bas), grâce à la forte mobilisation des acteurs des filières AOP, les chercheurs ont analysé des échantillons collectés auprès de 386 producteurs fermiers et fromageries répartis dans toute la France, tout en recueillant des informations détaillées sur les modes de production.

Cette étude a conduit à l'analyse des 44 variétés de fromages affinés AOP, qui appartiennent à 7 familles de fromages (à pâtes persillées, à pâtes pressées cuites, etc.), ce qui la rend assez représentative de l'ensemble des fromages consommés dans le monde. Au final, plus de 2 000 échantillons de fromages français portant le label AOP et les 400 laits associés ont été séquencés au CEA par des chercheurs du Genoscope¹.

L'analyse des données de séquençage a permis de détecter une grande diversité d'espèces microbiennes dans les fromages avec 820 espèces bactériennes et 333 espèces de moisissures/levures, et dans les laits avec 1 230 espèces bactériennes et 1 367 espèces de moisissures/levures. De plus, une part importante des espèces identifiées dans les fromages pourrait provenir des laits. En effet, près de 42 % des espèces de bactéries et 64 % des espèces de moisissures/levures identifiées dans les fromages ont également été identifiées dans les laits.

En croisant ces données avec les informations recueillies sur les pratiques de production, les chercheurs ont montré que le facteur AOP (qui englobe aussi bien la zone géographique, la topographie de la région ou encore les facteurs humains) a un impact sur la diversité microbienne retrouvée dans les fromages et les laits. Cela démontre la contribution du savoir-faire régional à l'élaboration du microbiote fromager.

Ainsi, cette étude peut servir de référence sur la diversité microbienne en relation avec les pratiques de production des fromages AOP, notamment dans le contexte du changement climatique.

¹ Département de l'Institut de Biologie François Jacob du CEA spécialisé en génomique environnementale, le Genoscope développe des méthodes bioinformatiques, des projets de génomiques et métagénomiques pour l'exploration de la biodiversité. Également Centre National de Séquençage, le Genoscope ouvre sa plateforme de séquençage à la communauté scientifique notamment via France Génomique.

Le projet MetaPDOcheese, lauréat des grands projets de séquençage de France Génomique 2017 et porté par INRAE (unités SAYFOOD et UMR), est le fruit d'une réflexion collective des membres du groupe « écosystèmes microbiens » du réseau mixte technique (RMT) Fromages de terroir. Ses objectifs sont d'aider les acteurs des filières AOP à s'approprier les outils omiques et répondre aux questions écologiques autour des communautés microbiennes des fromages et du lait. Il a comme finalités d'identifier des leviers (paramètres technologiques, pratiques d'ensemencement...) favorisant la diversité microbienne des écosystèmes fromagers et leur maintien pour que ces filières puissent imaginer des pistes pour un mode de gestion in situ des ressources microbiennes.

RÉFÉRENCE

Irlinger F., Mariadassou M., Dugat-Bony E. et al. (2024). A comprehensive, large-scale analysis of 'terroir' cheese and milk microbiota reveals profiles strongly shaped by both geographical and human factors. ISME Communications, DOI : <https://doi.org/10.1093/ismeco/ycae095>

FROMAGE DIVERSITÉ MICROBIENNE INFLUENCE DU TERROIR LABEL MODE DE PRODUCTION

 SERVICE MÉDIAS ET OPINION INRAE 

 GUILHEM BOYER – CEA 

CONTACTS SCIENTIFIQUES

 FRANÇOISE IRLINGER 
UNITÉ MIXTE DE RECHERCHE SAYFOOD (INRAE, AGROPARISTECH, UNIVERSITÉ PARIS-SACLAY)

 CÉLINE DELBÈS 
UNITÉ MIXTE DE RECHERCHE SUR LE FROMAGE (INRAE, UNIVERSITÉ CLERMONT AUVERGNE, VETAGRO SUP)

LES CENTRES

Clermont-Auvergne-Rhône-Alpes

Île-de-France - Versailles-Saclay

LE DÉPARTEMENT

MICA

Siège : 147 rue de l'Université 75338 Paris Cedex 07 – tél. : +33(0)1 42 75 90 00

Copyright - ©INRAE 2020 - 2024