

Place des pâturages des bovins dans les flux microbiens laitiers

I. Verdier-Metz, F. Monsallier, M.-C. Montel

La gestion de la biodiversité microbienne des laits est un enjeu majeur pour le maintien des caractéristiques sensorielles et sanitaires des fromages. En élevage laitier, divers environnements représentent une source de biodiversité microbienne pour le lait. Mieux connaître ces flux permettra de mieux valoriser ces microflores environnementales et leurs potentiels.

RÉSUMÉ

Les sources d'ensemencement du lait sont multiples : l'eau, l'air, les litières et déjections des animaux, l'homme, les animaux, les équipements (de traite en particulier) et l'alimentation des animaux. Les prairies recèlent une diversité microbienne composée de bactéries (intervenant dans l'affinage des fromages), de levures et, dans une moindre mesure, de bactéries lactiques qui peuvent contribuer aux populations microbiennes de la surface des trayons des vaches. En raison de difficultés méthodologiques pour analyser les flux microbiens dans leur complexité, nos connaissances de ces microflores restent faibles. De nouvelles études cherchent à identifier les flux microbiens des pâturages au lait ; les méthodes récentes de biologie moléculaire sont nécessaires pour confirmer ces flux avec précision.

SUMMARY

Contribution of pastures grazed by cattle to dairy microbial fluxes

Handling the diversity of microbes found in milk is a major challenge in maintaining the sensory properties and safety standards of cheese. In dairy farming, a number of environmental factors contribute to developing the microbial diversity of milk (water, air, litter, animal faeces, milking equipment, animals, animal feed...). Gaining a better knowledge of these fluxes will help make the most of this environmental microflora and improve its potential. Grassland harbours a wide variety of microbes, which include bacteria — involved in the cheese maturation process, yeast and lactic bacteria, all of which compose the microbial population observed on the teats of cows. Recent studies have tried to identify the contribution of microbial fluxes from pastures, of which very little is known. Genetic analyses will be necessary in order to precisely identify these fluxes.

1. Les enjeux

Le fromage, produit vivant, est un écosystème microbien dont le fonctionnement conduit à l'élaboration de ses qualités sensorielle, nutritionnelle et sanitaire. Les populations microbiennes de ces communautés sont en perpétuelle évolution et constituent la clef de voûte pour l'élaboration des caractéristiques des fromages. Ces populations interagissent entre elles, ainsi qu'avec la composante biochimique du lait puis du fromage. Le sens et l'importance de ces interactions sont influencés par les facteurs environnementaux : température de stockage du lait, paramètres technologiques de fabrication, conditions environnementales d'affinage. La diversité de composition et de dynamique de ces communautés microbiennes

conduit à la production de molécules aromatiques et contribue à la diversité et à la richesse sensorielle des fromages, en particulier ceux au lait cru (DEMARIGNY *et al.*, 1997 ; BEUVIER et BUCHIN, 2004 ; CALLON *et al.*, 2005). Cette vie microbienne crée aussi une multitude de barrières, que ce soit *via* le pH ou la production de métabolites (acides organiques, H₂O₂, épuisement des substrats de croissance). Ces barrières sont particulièrement effectives pour limiter le développement de *Listeria monocytogenes* dans les fromages au lait cru, leur efficacité pouvant être accrue par les conditions environnementales d'affinage (CALLON *et al.*, 2011). La consommation de produits fermentés aux flores complexes pourrait aussi avoir un effet bénéfique pour améliorer les défenses immunitaires (MOREAU et VUITTON,

AUTEURS

INRA, UR545 Fromagères, 20, côte de Reyne, F-15000 Aurillac ; isabelle.verdier-metz@clermont.inra.fr

MOTS CLÉS : Biodiversité, foin, fourrage, micro-organisme, pâturage, prairie, qualité du lait, vache laitière.

KEY-WORDS : Biodiversity, dairy cow, forage, grassland, grazing, hay, microorganism, milk quality.

RÉFÉRENCE DE L'ARTICLE : Verdier-Metz I., Monsallier F., Montel M.-C. (2012) : "Place des pâturages des bovins dans les flux microbiens laitiers", *Fourrages*, 209, 53-58.

2002). Cependant, pour tirer profit de cette biodiversité microbienne, il convient de maîtriser les bactéries pathogènes pour l'animal et l'homme. **Préserver la biodiversité microbienne d'intérêt et éliminer les pathogènes sont deux objectifs qui ont longtemps semblé inconciliables.** C'est pourquoi, par sécurité et par manque de levier d'action, la stratégie de maîtrise des micro-organismes pathogènes s'est appuyée sur des mesures d'hygiène sans se soucier de l'effet des pratiques de production sur les populations microbiennes d'intérêt pour la fabrication fromagère. Ainsi, un lait de qualité est souvent synonyme d'un lait pauvre en populations microbiennes (paiement du lait à la qualité, application du paquet hygiène 852853-2004), ce que réfutent **les techniciens fromagers des productions au lait cru qui raisonnent en équilibre microbien.** Un **changement de stratégie**, plus respectueuse de cette diversité tout en imposant une hygiène rigoureuse pour éliminer les pathogènes, commence à émerger. Cela constitue un enjeu majeur pour les fromages au lait cru et nécessite de disposer de connaissances sur les flux microbiens entre les différents réservoirs de micro-organismes ou microflore (pâturages, fourrages, trayons, eaux, bouses). Ces sources sont plus ou moins interconnectées au niveau de la production de lait et dépendent souvent de l'activité humaine, qui toutefois ne peut en avoir une totale maîtrise. Les points névralgiques, tels que les pratiques de traite, qui entraînent une rupture de flux entre l'animal et le lait, méritent une attention particulière.

2. Mieux comprendre la complexité des flux microbiens

Cet article a pour objectif de souligner la complexité des flux microbiens inhérents à la multitude de systèmes imbriqués, réservoirs potentiels de micro-organismes pour l'inoculation des laits, ainsi que de préciser comment les systèmes de pâturage pourraient y contribuer. Ce travail s'est basé sur une analyse de la bibliographie scientifique existante qui a été confrontée aux résultats acquis dans le cadre du programme PRAIRIES AOP. Après avoir présenté l'approche méthodologique, nous en préciserons les limites en identifiant les verrous de connaissance actuels.

3. Difficultés méthodologiques pour l'étude des flux microbiens

Les communautés microbiennes des laits se caractérisent par **une grande diversité de populations de microbes** pouvant être classées en bactéries lactiques, en bactéries à Gram négative, en bactéries dites d'affinage (sous ce vocable sont regroupées des bactéries Gram positive, catalase positive pouvant se développer en cours d'affinage), en levures et en moisissures. Chaque groupe se décline en genres composés d'espèces qui se différencient encore en souches. Cette diversité qualitative et quantitative d'équilibres microbiens dans les laits est

aussi fonctionnelle puisque ces populations microbiennes ont des activités diverses. Les bactéries lactiques acidifient le fromage et sont capables, parfois en synergie avec d'autres bactéries, de produire des composés (acide lactique et autres acides organiques...) inhibiteurs des micro-organismes pathogènes. **Tous les groupes microbiens agissent en synergie pour produire des composés d'arômes** issus du catabolisme des acides gras ou des acides aminés : par exemple, les bactéries lactiques produisent des alcools et des aldéhydes, les bactéries d'affinage peuvent être impliquées dans la synthèse de composés soufrés et de cétones alors que les levures sont plutôt responsables de la production d'alcools et d'esters.

Pour établir les flux microbiens entre les divers systèmes sources de populations microbiennes, il convient d'identifier leurs communautés microbiennes. Celles-ci peuvent être identifiées au niveau de l'espèce par des méthodes basées sur la culture microbienne sur des milieux sélectifs, suivie de l'identification d'isolats microbiens par des méthodes phénotypiques et moléculaires (séquençage de l'ADN codant pour l'ARN16S ou 23S). Le choix des milieux est une étape clef pour cultiver le maximum d'individus de la communauté, mais il est parfois difficile pour certains écosystèmes (pâturage, trayons) moins étudiés que le lait ou les fromages. C'est pourquoi une approche moléculaire directe sans culture est de plus en plus développée. Le clonage - séquençage des ADN d'isolats microbiens a essentiellement été appliqué depuis plus d'une décennie (QUIGLEY et al., 2011). La métagénomique avec des séquençages à haut débit (pyro-séquençage) semble séduisante *a priori* mais n'en est encore qu'à ses balbutiements. Pour réellement traquer les flux microbiens d'un système à l'autre, il est **indispensable d'aller jusqu'au typage génomique des souches.** Les méthodes génomiques sont très performantes et facilement applicables sur un nombre limité de souches mais inappropriées pour un typage à haut débit sur un grand nombre de souches comme le nécessitent les études de flux microbiens. Ces verrous méthodologiques expliquent en partie le manque de connaissance sur les flux microbiens.

4. D'où viennent les micro-organismes du lait ?

Le lait synthétisé dans la glande mammaire d'animaux sains est théoriquement stérile (TOLLE, 1980). La contamination microbienne à l'intérieur de la mamelle des animaux sains est extrêmement faible et ne contribue pas à l'ensemencement du lait. Seules les infections mammaires cliniques ou subcliniques entraînent l'excrétion des populations microbiennes qui en sont responsables (staphylocoques coagulase positive, *Streptococcus agalactiae*... ; WAAGE et al., 1999). Les populations microbiennes de la surface des trayons des vaches laitières sont susceptibles d'entrer et de contaminer le canal du trayon et ainsi d'être responsables d'infections intramammaires.

L'essentiel de la littérature relative à la qualité microbiologique des laits se focalise sur les contaminations du lait par les micro-organismes pathogènes ou indésirables et ne considère que l'effet global de conduites d'animaux et de pratiques de traite sur les niveaux globaux de micro-organismes. Peu d'études décrivent les communautés microbiennes des écosystèmes environnementaux, réservoirs potentiels de micro-organismes d'intérêt technologique et leur possible transfert dans le lait. **Les populations microbiennes présentes dans l'alimentation des animaux, les litières, les bouses, l'air, les ambiances, l'eau, peuvent inoculer le lait directement ou indirectement** si elles colonisent le matériel de traite (par ex. la machine à traire..) et/ou le trayon des animaux, souvent considérés comme des sources de micro-organismes (Réseau Fromages de Terroirs, 2011).

5. Les fourrages, réservoir de la biodiversité des laits

Les **végétaux frais ou fermentés** (ensilage) pour l'alimentation animale hébergent des espèces microbiennes aussi détectées dans le lait. Les niveaux de bactéries lactiques dans la luzerne ou le maïs sont généralement faibles (10 ufc/g) mais leur nombre augmente après la fauche, après séchage sur pied ou après broyage et durant les 7 premiers jours d'ensilage (FENTON, 1987 ; CHUNJIAN *et al.*, 1992). *Lactobacillus plantarum* et *Pediococcus pentosaceus* dominant jusqu'à 7 jours d'ensilage puis *Lactobacillus homohiochii*, *Lactobacillus brevis* et *Lactobacillus gasseri* prévalent. La faucheuse serait une source de lactobacilles (FENTON, 1987). L'ensilage ne serait cependant pas une source majeure d'ensemencement du lait en *Lb. plantarum* et *Lb. brevis* (KAGKLI *et al.*, 2007). S'il est de mauvaise qualité (pH>4,5), il peut être contaminé par des bactéries indésirables telles que *Bacillus cereus*, *Clostridium* ou *Listeria* (KALAC, 2011) qui entraînent une contamination du lait.

D'après COOREVITS *et al.* (2008), les laits d'exploitations belges en agriculture biologique, où les animaux reçoivent des rations plus riches en herbe que dans les systèmes conventionnels, auraient des niveaux plus faibles en micro-organismes thermotolérants et plus forts en *Bacillus cereus*. Cet effet de l'alimentation est difficile à dissocier de celui du logement des animaux (intérieur - extérieur) ou de leur propreté (ELLIS *et al.*, 2007). **Durant la période de pâturage**, la contamination élevée des sols avec des spores de *Bacillus* entraîne une plus grande fréquence de contamination des laits et à des niveaux 10 fois plus élevés qu'en période hivernale durant laquelle les spores proviennent de l'ensilage et des autres aliments.

De nombreux genres bactériens d'intérêt ou indésirables identifiés dans le lait (*Acinetobacter*, *Bacillus*, *Lactobacillus*, *Pantoea*, *Propionibacterium*, *Pseudomonas*, *Staphylococcus* et *Streptococcus*) constituent la communauté microbienne des **foins** (VACHEYROU *et al.*, 2011).

Lors d'une étude sur le lien entre les **moisissures présentes dans l'alimentation des animaux** (foin, ensilage) et les maladies respiratoires des fermiers, REBOUX *et*

al. (2006) ont inventorié les espèces de moisissures des foins, ensilages et « farines » dans des fermes françaises et finlandaises. *Absidia corymbifera*, *Eurotium* spp. et *Wallemia sebi* prévalent dans les foins et ont également été identifiées dans le lait (VACHEYROU *et al.*, 2011) ; cependant l'intérêt technologique de ces moisissures et leurs risques potentiels ne sont pas cernés.

Dans des **prairies pâturées de Normandie**, les niveaux des populations microbiennes varient fortement d'un pâturage à l'autre (DENIS *et al.*, 2004). Ainsi, les niveaux de bactéries corynéformes, *Arthrobacter* et *Corynebacterium* varient entre 3 et 5 log ufc/g (logarithme d'unités formant colonie par gramme) d'herbe fraîche, les levures entre 3 et 6 log ufc/g. Les bactéries lactiques (*Lactococcus lactis* ssp. *lactis*, *Enterococcus*, *Leuconostoc*) sont souvent minoritaires (<4 log ufc/g). Les bactéries Gram négative (*Pseudomonas*, entérobactéries) sont majoritaires et peuvent atteindre 6 log ufc/g d'herbe fraîche). **Dans une exploitation donnée, la charge en bactéries des pâturages n'a pu être corrélée à celle du lait des animaux** y pâturant. Les lactobacilles n'étaient pas détectés dans les prairies de Normandie de cette étude (DENIS *et al.*, 2004) mais ils peuvent être présents dans la luzerne et l'herbe (CHUNJIAN *et al.*, 1992). Les souches de *Lc. lactis* ssp. *lactis* isolées de lait n'auraient pas pour origine les prairies car leurs profils génomiques diffèrent de ceux des souches isolées d'herbe (DENIS *et al.*, 2004). Des études plus approfondies seraient nécessaires pour **déterminer si les souches appartenant au groupe des bactéries d'affinage** (*Arthrobacter*, *Corynebacterium*), fréquentes dans les prairies, **sont similaires à celles du lait**.

Dans une étude comparant la flore microbienne des laits de tank en pâturage tournant, en pâturage traditionnel en continu et en zéro pâturage (fourrage conservé et apport de concentrés), GOLDBERG *et al.* (1992) ont montré que **les niveaux de population microbienne**, et entre autres ceux des streptocoques (dont *S. agalactiae* responsable de certaines mammites), **étaient plus bas dans les laits issus d'animaux au pâturage tournant que ceux des animaux confinés à l'intérieur**. En revanche, ELMOSLEMANY *et al.* (2010) rapportent que **des niveaux de microflore aérobie et de coliformes des laits sont plus faibles en hiver qu'en été mais d'autres facteurs que l'alimentation en seraient la cause**. D'autre part, **le genre *Lactobacillus* est la population microbienne dominante des laits d'animaux nourris à l'herbe** soit par distribution à l'auge en bâtiment, soit par pâturage. La **mise à l'herbe**, cependant, pourrait entraîner l'enrichissement du lait en staphylocoques à coagulase négative (HAGI *et al.*, 2010).

6. Le pâturage, source potentielle d'ensemencement des trayons

La composition de la communauté microbienne de la surface des trayons des animaux résulte du transfert de micro-organismes du foin (VACHEYROU *et al.*, 2011), des déjections animales (GELSOMINO *et al.*, 2001 ; KAGKLI *et al.*,

Phylum	Nom (genre ou espèce)	Nombre d'espèces		Phylum	Nom (genre ou espèce)	Nombre d'espèces	
		Pâturage	Foin			Pâturage	Foin
Actinobacteria				Firmicutes (suite)			
	<i>Aeromicrobium</i> sp.	1			<i>Butyrivibrio</i> sp.	1	
	<i>Arcanobacterium pyogenes</i>		1		<i>Clostridium</i> *	4	2
	<i>Arthrobacter</i> *	2			<i>Coprococcus catus</i>	1	1
	<i>Brachybacterium</i> *		1		<i>Enterococcus</i> *		2
	<i>Clavibacter michiganensis</i>	1			<i>Eubacterium</i>	1	1
	<i>Corynebacterium</i> *	2	5		<i>Facklamia</i> *		2
	<i>Curtobacterium</i>	1	1		<i>Holdemania filiformis</i>	1	
	<i>Dietzia cinnamea</i>		1		<i>Leuconostoc mesenteroides</i> *		1
	<i>Eggerthella hongkongensis</i>	1			<i>Paenibacillus</i> sp.	1	
	<i>Enterorhabdus caecimuris</i>	1			<i>Selenomonas ruminantium</i>	1	
	<i>Janibacter melonis</i>	1			<i>Sharpea azabuensis</i>		1
	<i>Knoellia subterranea</i>	1			<i>Solobacterium</i>	1	1
	<i>Leucobacter</i> *		2		<i>Staphylococcus</i> *	7	2
	<i>Marmoricola</i>	1			<i>Streptococcus bovis</i> *		1
	<i>Microbacterium</i> *	1	2		<i>Streptococcus equinus</i>		1
	<i>Nocardioides</i>	1			<i>Syntrophococcus sucromutans</i>	1	
	<i>Olsenella</i>	1	1		<i>Turicibacter sanguinis</i> *	1	1
	<i>Plantibacter agrosticola</i>	1			<i>Firmicutes non cultivées</i>	7	
	<i>Propioniferax</i> sp.		1	Proteobacteria			
	<i>Rothia</i> sp.*		1		<i>Bosea</i> sp.	1	
	<i>Sanguibacter soli</i>	1			<i>Enterobacter</i> *	3	
	<i>Terrabacter terrae</i>	1			<i>Escherichia coli</i> *	1	1
	<i>Tetrasphaera elongata</i>	1			<i>Methylobacterium</i> sp.	1	1
	<i>Actinobacteria non cultivées</i>		2		<i>Ochrobactrum</i>	1	
Bacteroidetes					<i>Pantoea</i> *	2	2
	<i>Parabacteroides merdae</i>	1			<i>Paracoccus</i> sp.	1	
	<i>Porphyromonas levii</i>	1			<i>Rahnella aquatilis</i> *	1	
	<i>Bacteroides non cultivées</i>	4	1		<i>Rhizobium</i> sp.		1
Firmicutes					<i>Serratia</i> sp.*	1	
	<i>Aerococcus</i> *	1	2		<i>Proteobacteria non cultivées</i>	3	
	<i>Aerosphaera taetra</i> *		1	Total		72	43
	<i>Bacillus</i> *	4					

TABLEAU 1 : **Espèces microbiennes identifiées à la surface des trayons d'animaux au pâturage ou alimentés au foin** (adapté de VERDIER-METZ et al., 2012).

TABLE 1 : **Microbial species identified on the teats of grazing or hay-fed dairy cattle** (after VERDIER-METZ et al., 2012).

2007) ou des litières (ZDANOWICZ et al., 2004). Ainsi par exemple, les niveaux des populations microbiennes de la surface des trayons seraient plus élevés lorsque les animaux reposent sur des litières à base de paille que sur celles à base de sciure (RENDOS et al., 1975 ; JOANDEL, 2007). Cependant, le pâturage pourrait également contribuer à la constitution de cette communauté microbienne. En effet, de nombreuses espèces microbiennes sont présentes et à la surface du trayon et dans l'herbe (VERDIER-METZ et al., 2012). Les travaux de VERDIER-METZ et al. (2012) menés dans le cadre de l'étude PRAIRIES AOC Massif Central ont mis en évidence le **rôle des prairies dans la composition microbienne de la peau des trayons**. Dans cette étude, les communautés microbiennes de la surface des trayons de vaches laitières conduites sur un pâturage à haute diversité floristique ont été comparées à celles d'animaux confinés en bâtiment. Les niveaux des groupes microbiens de la surface des trayons des vaches laitières au pâturage (bactéries Gram négative, levures, moisissures, bactéries d'affinage comme *Staphylococcus* ou d'autres, bactéries lactiques) étaient 100 fois plus faibles que ceux des vaches laitières confinées en bâtiment. Cependant, **le pâturage pourrait être une source de biodiversité microbienne** car le nombre d'espèces microbiennes identifiées de la surface

des trayons (VERDIER-METZ et al., 2012) des animaux au pâturage (tableau 1) est supérieur à celui des animaux maintenus à l'intérieur (72 contre 43). La surface des trayons des animaux au pâturage présente un plus grand nombre d'espèces de *Bacillus*, *Clostridium*, *Staphylococcus* et *Enterobacter* et surtout de bactéries non cultivables que celle des animaux confinés en bâtiment et alimentés au foin pour laquelle *Corynebacterium* est le genre le plus représenté avec 5 espèces différentes. Par ailleurs, la communauté microbienne de la surface des trayons des animaux conduits au pâturage comprend des espèces rarement identifiées dans le lait comme par exemple *Clavibacter michiganensis*, *Arthrobacter gandavensis* ou encore *Coprococcus catus*. Leur devenir dans les fromages et leur rôle dans l'élaboration des caractéristiques sensorielles n'ont jamais été étudiés.

7. Le trayon, source d'ensemencement du lait

Le trayon pourrait donc jouer un rôle de vecteur de populations microbiennes entre les environnements liés aux fourrages et aux pâturages et le lait (figure 1). Les mêmes espèces bactériennes appartenant au groupe des

bactéries lactiques et aux genres *Staphylococcus*, *Corynebacterium*, *Kocuria*, *Acinetobacter*, *Pantoea*, *Pseudomonas* ont été identifiées sur la peau des trayons (VERDIER-METZ *et al.*, 2012) et dans le lait (VACHEYROU *et al.*, 2011). Cependant, **ce flux microbien peut être perturbé par les pratiques de traite**. Le nettoyage des trayons des bovins avant la traite réduirait le niveau microbien global sur les trayons mais aurait peu d'incidence sur le niveau de coliformes (MURPHY et BOOR, 2000). Une hygiène de traite très rigoureuse (pré-lavage, essuyage, post-trempe) semble conduire à des niveaux de populations microbiennes plus faibles et à une moindre diversité tant sur la surface des trayons (MONSALLIER *et al.*, 2011) que dans le lait (VERDIER-METZ *et al.*, 2009).

8. Autres sources d'ensemencement du lait

Les populations microbiennes de la peau des trayons ne sont pas la seule source de micro-organismes pour le lait. Les micro-organismes du lait peuvent également provenir directement des environnements : **de l'air des bâtiments, de la salle de traite, des poussières ambiantes ou des équipements**. Mais seul un tiers de la diversité bactérienne de ces environnements a été identifié dans le lait (VACHEYROU *et al.*, 2011). La machine à traire est un réservoir important de microflore car **des « biofilms » microbiens se forment à la surface des matériaux des équipements de traite** (CARPENTIER et CERF, 1993). Ces « biofilms » semblent être majoritairement composés de micro-organismes d'intérêt technologique comme les bactéries acidifiantes, les microcoques et les corynébactéries (LAITHIER *et al.*, 2004 ; BOUTON *et al.*, 2007). Les populations microbiennes de ces biofilms pourraient ensuite être relarguées dans le lait lors de son passage dans la machine à traire comme l'atteste la similitude des profils génomiques de souches de lactobacilles isolées de machine à traire et de lait (BOUTON

et al., 2007). L'origine de ces populations n'est pas encore élucidée. Leur présence dans les environnements (eau, air, litière, fourrage...) reste encore à déterminer. En effet, certaines populations microbiennes en faible pourcentage dans l'ensemble de la communauté sont difficiles à dénombrer sur milieu non sélectif ou à quantifier par méthodes moléculaires. Les outils de la métagénomique devraient apporter une autre image de la composition de la communauté microbienne. L'hypothèse selon laquelle ces populations microbiennes pourraient se multiplier ou former des biofilms lorsque l'environnement leur devient favorable (au niveau des manchons trayeurs, des tuyauteries de la machine à traire) doit être vérifiée.

Conclusion

La **connaissance des flux microbiens des environnements jusqu'au lait est un enjeu** pour la maîtrise des qualités microbiologiques des laits crus et des fromages qui en sont issus. Elle est encore **insuffisante pour hiérarchiser l'importance des environnements dans la constitution des équilibres microbiens du lait**. L'acquisition de données s'est longtemps heurtée à des verrous méthodologiques qui sont en passe d'être levés grâce au développement du séquençage à haut débit des génomes de ces communautés microbiennes.

Les études systémiques récentes montrent que les sources d'ensemencement du lait sont multiples. Les prairies constitueraient une source potentielle de micro-organismes puisque le pâturage des animaux est susceptible de modifier favorablement la composition de la communauté microbienne de la surface des trayons, source d'ensemencement du lait. Elles exprimeront d'autant mieux leur potentiel microbien que les pratiques de traite respecteront la biodiversité des populations microbiennes d'intérêt tout en éliminant les bactéries pathogènes. **Il restera alors à explorer comment la**

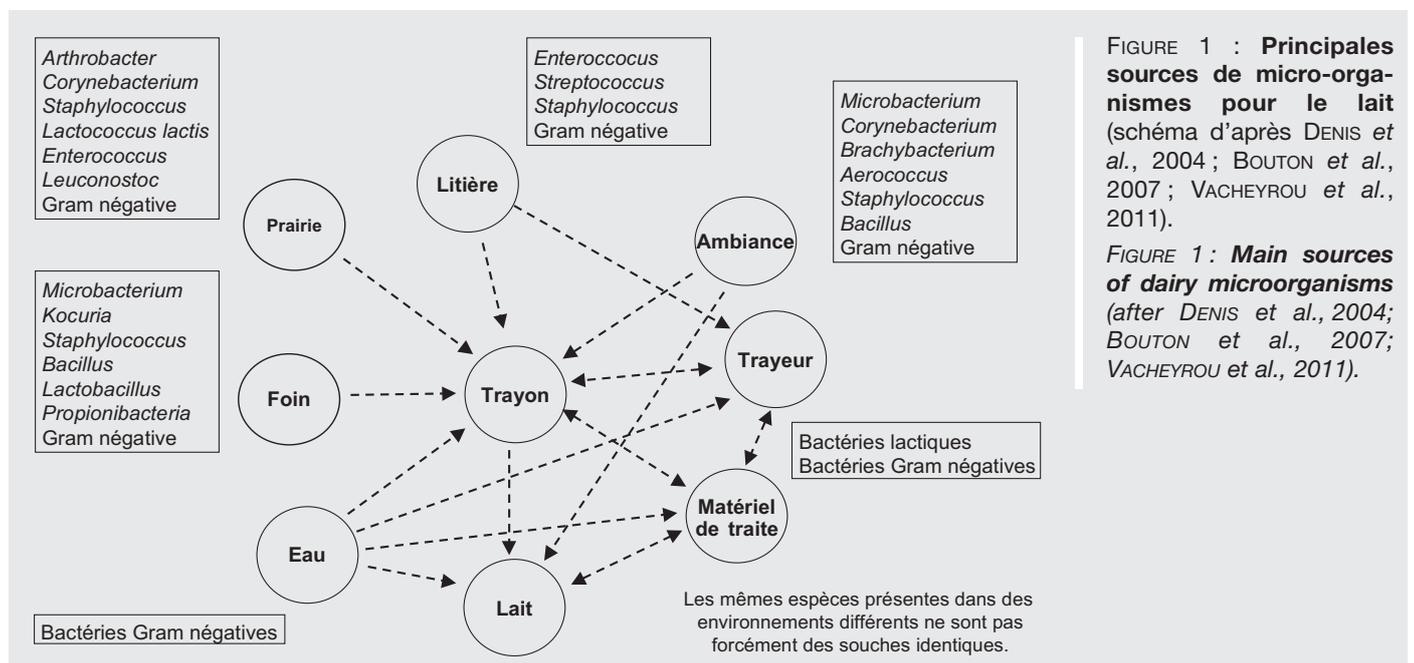


FIGURE 1 : Principales sources de micro-organismes pour le lait (schéma d'après DENIS *et al.*, 2004 ; BOUTON *et al.*, 2007 ; VACHEYROU *et al.*, 2011).

FIGURE 1 : Main sources of dairy microorganisms (after DENIS *et al.*, 2004 ; BOUTON *et al.*, 2007 ; VACHEYROU *et al.*, 2011).

composante microbienne des laits issus d'animaux au pâturage interagit avec les caractéristiques physico-chimiques dans l'élaboration de la qualité des fromages.

Accepté pour publication,
le 10 février 2012.

RÉFÉRENCES BIBLIOGRAPHIQUES

- BEUVIER E., BUCHIN S. (2004) : *Raw milk cheeses in Cheese: chemistry, physics and microbiology*, 3rd ed., volume 1 - General Aspects, Elsevier Ltd.
- BOUTON Y., GUYOT P., VACHEYROU M., NORMAND A.C., PIARROUX R., BEUVIER E. (2007) : "Etude des flux bactériens dans les étables de production laitière de Franche-Comté: exemple des lactobacilles hétérofermentaires facultatifs", 15^e colloque du Club des Bactéries Lactiques, Rennes, 13-15 novembre.
- CALLON C., BERDAGUE J.L., DUFOUR E., MONTEL M.C. (2005): "The effect of raw milk microbial flora on the sensory characteristics of Salers - type cheeses", *J. Dairy Sci.*, 88, 3840-3850.
- CALLON C., SAUBUSSE M., DIDIENNE R., BUCHIN S., MONTEL M.C. (2011) : "Simplification of a complex microbial antilisteria consortium to evaluate the contribution of its flora in uncooked pressed cheese", *Int. J. Food Microbiology*, 145, 379-389.
- CARPENTIER B., CERF O. (1993) : "Biofilms and their consequences, with particular reference to hygiene in the food industry", *J. Applied Bacteriology*, 75, 499-511.
- CHUNJIAN L., BOLSEN K.K., BRENT B.E., FUNG D.Y.C. (1992) : "Epiphytic lactic acid bacteria succession during the pre-ensiling and siling periods of alfalfa and maize", *J. Dairy Bacteriology*, 73, 375-387.
- COOREVITS A., DE JONGHE V., VANDROEMME J., REEKMANS R., HEYRMAN J., MESSENS W., DE VOS P., HEYNDRIKX M. (2008) : "Comparative analysis of the diversity of aerobic spore-forming bacteria in raw milk from organic and conventional dairy farms", *Systematic and Applied Microbiology*, 31, 126-140.
- DEMARIGNY Y., BEUVIER E., BUCHIN S., POCHET S., GRAPPIN R. (1997) : "Influence of raw milk microflora on the characteristics of Swiss-type cheese. II. Biochemical and sensory characteristics", *Lait*, 77, 151-167.
- DENIS C., DESMASURES N., LOHÉAC C., GUEGUEN M. (2004) : *Etude du lien entre la nature de la flore prairiale et les caractéristiques des laits crus normands. Influence de cette diversité sur la qualité des produits laitiers*, rapport d'étude, Adria Normandie.
- ELLIS K.A., INNOCENT G.T., MIHM M., CRIPPS P., MCLEAN W.G., HOWARD C.V., GROVE-WHITE D. (2007): "Dairy cow cleanliness and milk quality on organic and conventional farms in the UK", *J. Dairy Research*, 74, 302-310.
- ELMOSLEMANY A.M., KEEFE G.P., DOHOO I.R., WICHTEL J.J., STRYHN H., DINGWELL R.T. (2010) : "The association between bulk tank milk analysis for raw milk quality and on-farm management practices", *Preventive Veterinary Medicine*, 95, 32-40.
- FENTON M.P. (1987) : "An investigation into the sources of lactic acid bacteria in grass silage", *J. Applied Microbiology*, 62, 181-188.
- GELSOMINO R., VANCANNEYT M., CONDON S., SWINGS J., COGAN T.M. (2001) : "Enterococcal diversity in the environment of an Irish Cheddar-type cheesemaking factory", *Int. J. Food Microbiology*, 71, 177-188.
- GOLDBERG J.J., WILDMAN E.E., PANKEY J.W., KUNKEL J.R., HOWARD D.B., MURPHY B.M. (1992) : "The influence of intensively managed rotational grazing, traditional continuous grazing, and confinement housing on bulk tank milk quality and udder health", *J. Dairy Science*, 75, 96-104.
- HAGI T., KOBAYASHI M., NOMURA M. (2010) : "Molecular-based analysis of changes in indigenous milk microflora during the grazing period", *Bioscience, Biotechnology and Biochemistry*, 74, 484-487.
- JOANDEL E. (2007) : *Facteurs de variabilité des flores microbiennes en surface des trayons des vaches laitières*, Rapport de stage, ENITAC, 58 pages.
- KAGKLI D.M., VANCANNEYT M., HILL C., VANDAMME P., COGAN T.M. (2007) : "Enterococcus and Lactobacillus contamination of raw milk in a farm dairy environment", *Int. J. Food Microbiology*, 114, 243-251.
- KALAC P. (2011): "The effects of silage feeding on some sensory and health attributes of cow's milk: a review", *Food Chemistry*, 125, 307-317.
- LAITHIER C., CHATELIN Y.M., TORMO H., LEFRILEUX Y. (2004) : "Les biofilms dans les exploitations fabriquant des fromages de chèvre à coagulation lactique: localisation, nature et rôle sur la qualité des produits", 10^e Rencontres Recherches Ruminants, INRA, Paris, 112.
- MONSALLIER F., VERDIER-METZ I., AGABRIEL C., MARTIN B., MONTEL M.C. (2011) : "Leviers et facteurs de variation des niveaux des flores microbiennes sur les trayons des vaches laitières", *Journée de restitution des travaux de l'UMT Trefl*, 7 juin 2011, Aurillac, www.pole-fromager-aoc.mc.org/
- MOREAU M.C., VUITTON D.A. (2002) : *Le fromage et les bénéfices du vivant en matière de santé: améliorations des défenses immunitaires*, Congrilaire, Paris.
- MURPHY S.C., BOOR K.J. (2000) : "Trouble-shooting sources and causes of high bacteria counts in raw milk", *Dairy, Food and Environmental Sanitation*, 20, 606-611.
- QUIGLEY L., O'SULLIVAN O., BERESFORD T.P., ROSS R.P., FITZGERALD F., COTTER P.D. (2011) : "Molecular approaches to analysing the microbial composition of raw milk and raw milk cheese", *Int. J. Food Microbiology*, 150, 81-94.
- REBOUX G., REIMAN M., ROUSSEL S., TAATOLA K., MILLION L., DALPHIN J.C., PIARROUX R. (2006) : "Impact of agricultural practices on microbiology of hay, silage and flour on finnish and French farms", *Annals of Agricultural and Environmental Medicine*, 13, 267-273.
- RENDOS J.J., EBERHART R.J., KESLER E.H. (1975) : "Microbial populations of teat of dairy cows and bedding material", *J. Dairy Science*, 58, 1492-1500.
- Réseau Fromages de Terroirs (2011) : *Microflore du lait cru - vers une meilleure connaissance des écosystèmes microbiens du lait et de leurs facteurs de variation*, ouvrage collectif coordonné par Cécile Laithier, éd. RMT Fromages de Terroirs, 130 p.
- TOLLE A. (1980) : "The microflora of the udder", *Int. Dairy Federation*, 120, 4.
- VACHEYROU M., NORMAND A.C., GUYOT P., CASSAGNE C., PIARROUX R., BOUTON Y. (2011) : "Cultivable microbial communities in raw cow milk and potential transfers from stables of sixteen French farms", *Int. J. Food Microbiology*, 146, 253-262.
- VERDIER-METZ I., MICHEL V., DELBÈS C., MONTEL M.C. (2009) : "Do milking practices influence the bacterial diversity of raw milk?", *Food Microbiology*, 26, 305-310.
- VERDIER-METZ I., GAGNE G., BORNES S., MONSALLIER F., VEISSEIRE P., DELBÈS -PAUS C., MONTEL M.C. (2012) : "Cow teat skin, a potential source of diverse microbial populations for cheese production", *Applied and Environmental Microbiology*, 78, 326-333 .
- WAAGE S., MØRK T., RØROS A., AASLAND D., HUNSHAMAR A., ØDEGAARD S.A. (1999): "Bacteria associated with clinical mastitis in dairy heifers", *J. Dairy Science*, 82, 712-719.
- ZDANOWICZ M., SHELFORD J.A., TUCKER C.B., WEARY D.M., VON KEYSERLINGK M.A.G. (2004) : "Bacterial populations on teat ends of dairy cows housed in free stalls and bedded with either sand or sawdust", *J. Dairy Science*, 87, 1694-1701.