

Comparaison de microbiote chez des porcelets de poids de naissance et de croissance contrastés

Marion GIRARD, Marco TRETOLA, Giuseppe BEE

Unité de recherche Porc, Agroscope, Tioleyre 4, 1725 Posieux, Suisse

marion.girard@agroscope.admin.ch

Avec la collaboration de Catherine DUCREST, Louise DUVAL, Tamara GOBET, Guy MAÏKOFF, Gion MICHEL, Paolo SILACCI

Comparison of microbiota in piglets with contrasting birthweight and growth

The postnatal period is a key stage in piglet development. This study, carried out on 28 piglets from 14 litters, sought to establish whether a link exists between piglet growth and microbiota from birth to two weeks post-weaning. By selecting two females per litter at 16 days of age (d16), two groups were distinguished: slow growing low-birthweight females (FL: 1.27 ± 0.25 kg and 177 ± 53 g/d) and fast growing high-birthweight females (ER: 1.76 ± 0.18 kg and 313 ± 68 g/d). Growth performances and diarrhoea were measured up to two weeks post-weaning (d39). Faecal microbiota and volatile fatty acid concentration were determined at d16 and d39. Throughout the trial, ER piglets had higher average daily gain than FL piglets overall. However, in the first week post-weaning, FL piglets lost 94 g/d less ($P < 0.05$) than ER piglets. In the second week post-weaning, average daily gain was similar for the two groups. In addition, ER piglets developed more diarrhoea ($P < 0.05$) than FL piglets. Compared to FL piglets, the proportions of acetate and propionate decreased ($P < 0.05$) and those of butyrate, isobutyrate and isovalerate increased ($P < 0.05$) in ER piglets at d16 but not at d39. Some differences in faecal microbiota were also observed between the two groups. On d16, the orders *Coriobacteriales* and *Burkholderiales* were represented more in ER and FL piglets, respectively. On d39, the families *Prevotellaceae*, *Enterococcaceae*, *Lactobacillaceae*, *Deferribacteraceae* were represented more in ER piglets, while the family *Alcaligenaceae* was represented more in FL piglets. This study shows that FL and ER piglets, although reared under similar conditions, have different microbiota.

INTRODUCTION

L'amélioration de la prolificité des truies a permis d'augmenter significativement le nombre de porcelets par portée. En contrepartie, le poids moyen de la portée a diminué et l'hétérogénéité intra- et inter-portée a augmenté car la proportion de porcelets légers a aussi augmenté (Quiniou *et al.*, 2002). Ces différences restent marquées au sevrage et jusqu'à l'abattage où les porcs nés légers pèsent en moyenne 10 kg de moins que ceux nés lourds (Le Cozler *et al.*, 2004). Le poids de sevrage étant fortement corrélé à la croissance pendant la période de lactation, il est important de mieux comprendre ce qui détermine la croissance chez le porcelet en lactation. L'importance de la colonisation précoce du tube digestif dans le développement futur du porcelet est maintenant bien reconnue mais peu d'études se sont concentrées sur l'effet de la croissance des porcelets en lactation sur l'établissement du microbiote intestinal (Morissette *et al.*, 2018 ; Gaukroger *et al.*, 2020). Cette étude a voulu comparer la population bactérienne intestinale, en lactation et à deux semaines après le sevrage, de porcelets légers à croissance lente par rapport à ceux lourds à croissance rapide.

1. MATERIEL ET METHODES

1.1. Dispositif expérimental et mesures expérimentales

L'essai a été réalisé, en deux répétitions, sur 28 porcelets femelles issus de 14 portées. Le rang de portée moyen des

truies était de 3,7 ($\pm 1,2$) et le nombre moyen de porcelets totaux, était de 15 ($\pm 2,6$) dont 13 ($\pm 2,8$) nés vivants. Dans les 24 à 48 premières heures de vie, les portées ont été standardisées à 12 (± 1) porcelets. Au sein de chaque portée, deux femelles ont été sélectionnées et conservées dans leur portée sur la base de leur poids de naissance et de leur croissance jusqu'à l'âge de 16 jours (J16) : les femelles de faible poids de naissance à croissance lente (FL : 1,27 \pm 0,25 kg et 177 \pm 53 g/j) et celles de poids de naissance élevé à croissance rapide (ER : 1,76 \pm 0,18 kg et 313 \pm 68 g/j). Afin d'éviter de potentielles différences de microbiote liées au sexe et à l'allotement, seules des femelles n'ayant pas été allotées ont été choisies dans cette étude. Les porcelets ont eu accès à un aliment de sevrage dès la semaine précédant le sevrage.

Durant l'essai, les porcelets ont été pesés à la naissance, à l'âge de 5 et 16 jours (J5 et J16), au sevrage (J25 \pm 1) puis à une et deux semaines post-sevrage (J32 et J39 \pm 1, respectivement). Jusqu'à la fin de l'essai, les portées ont été élevées dans la case de mise bas et n'ont pas été mélangées. À J16 et J39, des fèces ont été collectées afin de mesurer la concentration en acides gras volatils (AGV) et d'analyser la composition du microbiote. Dès le sevrage et jusqu'à J39, les diarrhées ont été surveillées quotidiennement.

1.2. Analyse du microbiote fécal

Après extraction de l'ADN génomique, les régions V3-V4 de l'ARN ribosomique 16S ont été amplifiées. Le séquençage a été réalisé avec le système Illumina MiSeq. La diversité alpha a été

estimée en utilisant différents indices (observés, Chao1, Simpson et Shannon). La diversité bêta a été calculée en utilisant les méthodes de distance UniFrac pondérées et non-pondérées sur la base des comptages d'abondance des OTU rares par échantillon.

1.3. Analyses statistiques

Les performances des porcelets et la concentration en AGV ont été analysées avec la procédure MIXED de SAS (version 9.4., SAS Inst. Inc., Cary, NC) et l'apparition de diarrhées avec la procédure GLIMMIX. Dues à une distribution non normale des résidus, les données des poids ont été préalablement transformées. L'unité expérimentale était le porcelet. Tous les modèles incluaient l'effet du groupe (FL et ER), du jour et leur interaction comme effets fixes et la truie comme effet aléatoire. Une structure de covariance autorégressive AR(1) a été choisie pour les données répétées avec un pas de temps identique et une structure spatiale SP(POW) pour celles avec un pas de temps différent entre les mesures. Les calculs de diversité alpha et bêta et l'analyse de raréfaction ont été effectués avec le logiciel R (version R 2.5.0, Boston, USA). Une analyse discriminante linéaire de la taille de l'effet (LefSE) a été effectuée pour déterminer les différences statistiques d'abondance des taxons entre les groupes. Les différences significatives sont définies avec une P-value < 0,05 et les tendances avec une P-value < 0,10.

2. RESULTATS ET DISCUSSION

2.1. Performances des porcelets en lactation et en début de post-sevrage

Jusqu'au sevrage, les porcelets ER ont eu une croissance supérieure aux porcelets FL (Tableau 1). Cependant, de J25 à J32, les porcelets FL ont perdu 94 g/j de moins ($P < 0,05$) que leurs congénères ER et de J32 à J39, la croissance entre les deux groupes a été similaire. Ceci est probablement dû au fait que les porcelets ER ont développé plus de diarrhées de post-sevrage ($P < 0,05$) comparativement aux porcelets FL (23 contre 13%, respectivement) de J32 à J39.

2.2. Profil de fermentation dans les fèces et microbiote fécal

Comparativement aux porcelets FL, les proportions de propionate ont diminué (interaction groupe \times jour : $P < 0,05$) et celles de butyrate, isobutyrate et isovalérate ont eu tendance à augmenter (interaction groupe \times jour : $P \leq 0,08$) chez les porcelets ER à J16 mais pas à J39. Pour un même jour (J16 et J39), la diversité des populations bactériennes fécales n'a pas

différé entre les deux groupes de porcelets. Ces résultats rejoignent une précédente étude dans laquelle la diversité bactérienne était similaire entre des porcelets à croissance lente et ceux à croissance rapide durant les deux premières semaines de lactation (Morissette *et al.*, 2018). Cependant, de légères différences ont aussi pu être mises en évidence au niveau des différents taxons entre les deux groupes. En effet, à J16, l'ordre des *Coriobacteriales* et celui des *Burkholderiales* étaient plus représentés chez les porcelets ER et FL respectivement. Dans cette étude, la présence des *Coriobacteriales* chez les porcelets ER a pu être bénéfique pour leur croissance. En effet, Wang *et al.* (2016) avaient établi un lien entre la croissance des porcelets en lactation et une augmentation du genre *Collinsella*, appartenant à l'ordre des *Coriobacteriales* après l'administration de probiotiques durant la première semaine de vie. À J39, les familles *Prevotellaceae*, *Enterococcaceae*, *Lactobacillaceae*, *Deferribacteraceae* étaient plus abondantes chez les porcelets ER alors que la famille *Alcaligenaceae* était plus représentée chez les porcelets FL. Une augmentation du genre *Prevotella*, appartenant à la famille des *Prevotellaceae* a été associée à de meilleures performances en post-sevrage jusqu'à l'âge de 70 jours (Mach *et al.*, 2015). Cet essai s'étant arrêté à J39, il n'a pas été possible de le vérifier ici. La présence de la famille des *Lactobacillaceae* a normalement un rôle bénéfique dans la santé intestinale des porcelets en favorisant la croissance de bactéries bénéfiques au détriment des bactéries pathogènes. Dans cette étude pourtant, les porcelets ER ont développé plus de diarrhées. L'origine des diarrhées étant multifactorielle, ces dernières pourraient être dues à une ingestion trop importante d'aliment et donc avoir une origine nutritionnelle et non infectieuse.

Tableau 1 - Gain moyen quotidien (en g/j) des porcelets légers à croissance lente (FL) et lourds à croissance rapide (ER) (ETM : erreur-type de la moyenne)

Périodes	FL	ER	ETM	P-value
naissance-sevrage	166	285	12,3	<0,001
sevrage-J32	-12	-106	22,9	0,01
J32-J39	217	212	36,6	0,93
naissance-J39	142	202	8,6	<0,001

CONCLUSION

Cette étude démontre que, malgré des conditions d'élevage similaires (même case et même alimentation), les porcelets FL et ER, ont un profil de fermentation et un microbiote différents dès la période de lactation, ce qui renforce l'importance d'intervenir très tôt afin d'homogénéiser la croissance des porcelets.

REFERENCES BIBLIOGRAPHIQUES

- Gaukroger C.H., Stewart C.J., Edwards S.A., Walshaw J., Adams I.P., Kyriazakis I., 2020. Changes in faecal microbiota profiles associated with performance and birthweight of piglets. *Front. Microbiol.*, 11, <https://doi.org/10.3389/fmicb.2020.00917>.
- Le Cozler Y., Pichodo X., Roy H., Guyomarc h C., Pellois H., Quiniou N., Louveau I., Lebreton B., Lefaucheur L., Gondret F., 2004. Influence du poids individuel et de la taille de la portée à la naissance sur la survie du porcelet, ses performances de croissance et d'abattage et la qualité de la viande. *Journées Rech. Porcine*, 36, 443-450.
- Mach N., Berri M., Estellé J., Levenez F., Lemonnier G., Denis C., Leplat J.J., Chevaleyre C., Billon Y., Doré J., Rogel-Gaillard C., Lepage P., 2015. Early-life establishment of the swine gut microbiome and impact on host phenotypes. *Environ. Microbiol. Rep.*, 7, 554-569.
- Morissette B., Talbot G., Beaulieu C., Lessard M., 2018. Growth performance of piglets during the first two weeks of lactation affects the development of the intestinal microbiota. *J. Anim. Physiol. An. N.*, 102, 525-532.
- Quiniou N., Dagorn J., Gaudré D., 2002. Variation of piglets' birth weight and consequences on subsequent performance. *Livest. Prod. Sci.*, 78, 63-70.
- Wang Y.B., Du W., Fu A.K., Zhang X.P., Huang Y., Lee K.H., Yu K., Li W.F., Li Y.L., 2016. Intestinal microbiota and oral administration of *Enterococcus faecium* associated with the growth performance of new-born piglets. *Benef. Microbes*, 7, 529-538.