

3. DISCUSSION

Ces travaux présentent les variations du microbiote des porcelets autour du sevrage dans 16 environnements commerciaux différents simultanément, permettant ainsi de valider la généralité des observations précédemment reportés dans la littérature (Pajarillo *et al.*, 2014 ; Mach *et al.*, 2015). Nous confirmons ainsi une augmentation de la diversité α après le sevrage, une diminution de l'abondance relative des familles *Enterobacteriaceae*, *Bacteroidaceae*, *Clostridiaceae*, *Christensenellaceae*, des genres *Bacteroides*, *Fusobacterium*, *Ruminococcus* et une augmentation des *Prevotellaceae*, *Veillonellaceae* et *Succinovibrionaceae*.

Il existe dans les populations humaines adultes un nombre limité de profils de microbiote digestif, présents dans toutes les zones géographiques, et appelés entérotypes (Arumugam *et al.*, 2011). Chez le porc, de façon comparable, deux entérotypes majoritaires ont été décrits : les jeunes porcelets appartiendraient au cluster caractérisé par *Ruminococcus* et *Treponema*, et évolueraient lentement vers l'entérotipe « *Prevotella* » du sevrage à la fin de l'engraissement (Mach *et al.*, 2015 ; Ramayo-Caldas *et al.*, 2016). Dans l'étude présente, nous avons pu identifier quatre entérotypes qui, de par leur composition, s'apparenteraient tous à des subdivisions de l'entérotipe « *Ruminococcus* et *Treponema* », et qui sembleraient être des étapes successives de maturation vers une flore capable de digérer les nutriments apportés par un régime basé sur des céréales (des entérotypes E1 et E2 vers E3 et E4, majoritaires après le sevrage). Ces quatre entérotypes, qui peuvent être différenciés par leurs abondances relatives des genres *Faecalibacterium*, *Lachnospira*, *Prevotella*, *Roseburia* et *Coproccoccus*, étaient ubiquitaires dans les 16 élevages étudiés. Les porcs ayant atteint l'entérotipe E4 une semaine après le sevrage présentaient un meilleur GMQr, ce que nous interprétons comme une meilleure adaptation au sevrage.

Le jeu de données met en effet en évidence une relation entre le microbiote et la croissance. Quel que soit l'élevage dans lequel ils étaient élevés, les porcs à GMQr élevé présentaient plus de *Prevotella*, *Coproccoccus* et *Lachnospira* que leurs voisins de case à GMQr bas.

Ce profil les rapproche de l'entérotipe E4. Une plus forte abondance de *Prevotella* a aussi été associée à un fort GMQ (Mach *et al.*, 2015). Ces bactéries sont capables de dégrader les polysaccharides complexes, améliorant ainsi la digestibilité des fibres et l'efficacité alimentaire de l'hôte (Le Sciellour *et al.*, 2018).

Même si la réponse au sevrage a été très comparable d'un élevage à l'autre, et si les entérotypes E1 à E4 s'observent dans tous les élevages, une forte variabilité liée au lieu de vie demeure, qui semble s'accroître entre j26 et j35. Elle trouve une partie de son explication dans la diversité d'usage des antibiotiques pendant les premiers jours suivant le sevrage, comme déjà décrit par d'autres (Holman, Chenier, 2014). De façon plus originale, notre étude suggère que le statut sanitaire de l'élevage joue un rôle significatif dans la genèse de variations de flore digestive d'un élevage de porc à l'autre. Cet effet résulte peut-être des différences d'environnement microbien associées à des statuts sanitaires d'élevage favorables ou dégradés, et de leur influence sur le niveau d'activation du système immunitaire des porcelets, alors en cours de maturation (Buchet *et al.*, 2018).

CONCLUSION

Cette étude a permis de confirmer la généralité de certaines variations du microbiote fécal des porcelets en réponse au sevrage, et de mettre en évidence l'existence de quatre entérotypes correspondant probablement à des étapes successives de maturation du microbiote. Il existe néanmoins de la diversité entre individus, et des associations entre la présence de certains genres bactériens et la robustesse des porcelets après le sevrage sont observées, sans qu'il soit possible de conclure à une relation causale entre les deux. Des variations microbiennes significatives existent aussi d'un élevage à l'autre. Elles résultent pour partie de la diversité des pratiques relatives à l'utilisation d'antibiotiques. Mais cette étude montre que le statut sanitaire global de l'élevage, évalué selon la présence de pathogènes dont le tropisme n'était pourtant pas nécessairement digestif, est également un facteur important dans la genèse de la diversité de la flore digestive.

REFERENCES BIBLIOGRAPHIQUES

- Arumugam M., Raes J., Pelletier E., Le Paslier D., Yamada T., Mende D.R., Fernandes G.R., Tap J., Bruls T., Batto J.M., Bertalan M., Borruel N., Casellas F., Fernandez L., Gautier L., Hansen T., Hattori M., Hayashi T., Kleerebezem M., Kurokawa K., Leclerc M., Levenez F., Manichanh C., Nielsen H.B., Nielsen T., Pons N., Poulain J., Qin J.J., Sicheritz-Ponten T., Tims S., Torrents D., Ugarte E., Zoetendal E.G., Wang J., Guarner F., Pedersen O., de Vos W.M., Brunak S., Dore J., Weissenbach J., Ehrlich S.D., Bork P., Meta H.I.T.C., 2011. Enterotypes of the human gut microbiome. *Nature*, 473, 174-180.
- Buchet A., Merlot E., Mormède P., Terenina E., Lieubeau B., Mignot G., Hervé J., Leblanc-Maridor M., Lacoste A., Sialelli J.N., Belloc C., 2018. Recherche de variables biologiques associées à la robustesse du porcelet au sevrage. 50èmes Journées Recherche Porcine, 201-206.
- Hémonic A., Poissonnet A., Chauvin C., Corrége I., 2019. Evolution des usages d'antibiotiques dans les élevages de porcs en France entre 2010 et 2016 au travers des panels INAPORC. 51èmes Journées Recherche Porcine, 277-282.
- Holman D.B., Chenier M.R., 2014. Temporal changes and the effect of subtherapeutic concentrations of antibiotics in the gut microbiota of swine. *FEMS Microbiol Ecol*, 90, 599-608.
- Le Sciellour M., Labussiere E., Zemb O., Renaudeau D., 2018. Effect of dietary fiber content on nutrient digestibility and fecal microbiota composition in growing-finishing pigs. *Plos One*, 13, e0206159.
- Mach N., Berri M., Estelle J., Levenez F., Lemonnier G., Denis C., Leplat J.J., Chevalerey C., Billon Y., Dore 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.
- Pajarillo E.A.B., Chae J.P., Balolong M.P., Kim H.B., Kang D.K., 2014. Assessment of fecal bacterial diversity among healthy piglets during the weaning transition. *J Gen Appl Microbiol*, 60, 140-146.
- R Core Team, 2019, R: A language and environment for statistical computing, Vienna, Austria.
- Ramayo-Caldas Y., Mach N., Lepage P., Levenez F., Denis C., Lemonnier G., Leplat J.J., Billon Y., Berri M., Dore J., Rogel-Gaillard C., Estelle J., 2016. Phylogenetic network analysis applied to pig gut microbiota identifies an ecosystem structure linked with growth traits. *Isme J*, 10, 2973-2977.