

unités taxonomiques opérationnelles (OTUs) ont été identifiées, appartenant à 231 genres différents. Les données ont été raréfiées à un seuil de 10 000 séquences avec le package R *Phyloseq*.

1.2.2. Analyses statistiques

Toutes les analyses ont été réalisées à l'échelle du genre bactérien pour faciliter l'interprétation biologique. Les abondances ont été comparées entre régimes grâce à un test de Kruskal-Wallis sous R après transformation logarithmique.

Pour comparer la diversité des genres bactériens au sein et entre les échantillons, l'indice de diversité de Shannon ainsi que la matrice de dissimilarité de Bray-Curtis ont été calculés à partir des données de comptage des genres raréfiées en utilisant le package R *vegan*. Le package R *ape* a été utilisé pour tester l'effet du régime sur la matrice de distance de Bray-Curtis grâce à une analyse des variances par permutation (test ADONIS). Pour évaluer la capacité à discriminer les porcs nourris avec les deux régimes à l'aide des données de genres microbiens, une analyse discriminante en composantes principales (DAPC) a été réalisée avec le package R *ade4*.

2. RESULTATS ET DISCUSSION

L'indice de Shannon était supérieur avec le régime F par rapport au régime CO (moyenne \pm écart-type : $3,14 \pm 0,23$ vs $3,06 \pm 0,26$, $P < 0,001$ pour le test de Kruskal-Wallis). La diversité microbienne était donc plus importante avec le régime F.

Sur les 231 genres bactériens présents chez les 1564 individus de l'étude, 130 avaient des abondances différentes entre régimes ($P < 0,05$). Les deux genres les plus abondants chez les animaux nourris avec le régime CO étaient *Lactobacillus* et *Streptococcus*. Dans le régime F, *Lactobacillus* et *Prevotella 9* étaient les genres les plus observés. Il n'y avait pas de différence d'abondances entre les régimes pour *Lactobacillus* et *Prevotella 9* ($P > 0,08$). En revanche, le genre *Streptococcus* était plus abondant chez les animaux nourris avec le régime CO ($P < 0,001$). Les genres observés dans les deux régimes sont cohérents avec ceux déjà observés dans la littérature chez des porcs de races et d'âges divers (Estellé *et al.*, 2016 ; Niu *et al.*, 2015). Le régime avait un effet significatif sur la matrice de distance de Bray-Curtis ($P < 0,001$), confirmant une différence de composition du microbiote intestinal en lien avec le régime.

La DAPC a permis d'identifier les genres qui discriminent le mieux le microbiote intestinal en fonction du régime alimentaire (Figure 1, $P < 0,001$). Les trois genres qui participaient le plus à la séparation des animaux nourris avec les deux régimes (Figure 1) sont *Ruminococcus 1*, *Lachnospira* et *Lachnoclostridium 12*, qui contribuent, respectivement, aux

composantes principales de la DAPC à hauteur de 6,68%, 6,52% et 6,14%. Ces trois genres avaient une abondance supérieure dans le régime F ($P < 0,001$). Dans la littérature, une plus forte abondance du genre *Ruminococcus 1* a été mise en évidence dans un régime avec une teneur accrue en blé plutôt qu'en maïs (Zhao *et al.*, 2018), ce qui est cohérent avec nos observations. En présence de coques de soja dans l'alimentation, les genres *Ruminococcus 1* et *Lachnoclostridium* sont plus abondants (Zhao *et al.*, 2019). Dans notre étude les régimes CO et F contiennent, respectivement, 0 et 8% de coques de soja, nos résultats semblent donc cohérents avec ceux trouvés dans la littérature.

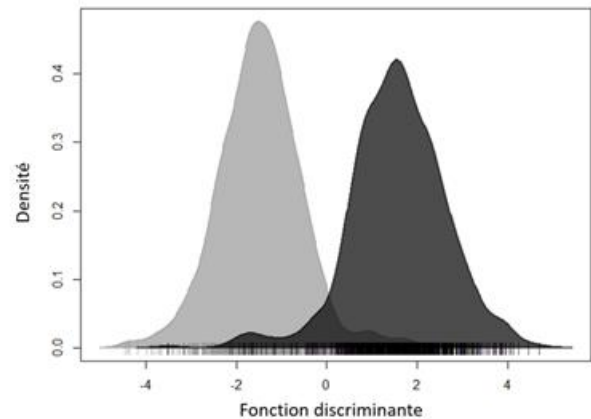


Figure 1 - Densité de la fonction discriminante basée sur les genres microbiens pour les animaux nourris avec un régime conventionnel (gris clair) et un régime dont la teneur est accrue en fibres (gris foncé)

3. CONCLUSION

Les porcs nourris avec un régime F ont une diversité microbienne plus importante et la composition du microbiote des individus est différente entre les deux régimes. La caractérisation du microbiote en fonction des régimes est une première étape pour évaluer son rôle dans la variabilité des caractères d'efficacité alimentaire dans un contexte de diversification des ressources alimentaires.

REMERCIEMENTS

Les entreprises de sélection Axiom et Nucléus ont fourni les animaux et co-financent la thèse de V Déru via France Génétique Porc. Ce projet a également été financé par l'ANR MicroFeed (ANR-16-CE20-0003) et par l'Union Européenne (Horizon 2020, contrat n°6333531 Feed-a-Gene).

REFERENCES BIBLIOGRAPHIQUES

- Déru V., Bouquet A., Hassenfratz C., Blanchet B., Carillier-Jacquín C., Gilbert H., 2020. Impact of a high-fibre diet on genetic parameters of production traits in growing pigs. *Animal*, 14, 2236-2245.
- Estellé J., Larzul C., Mach N., Levenez F., Ramayo-Caldas Y., Meurens F., Mercat M.J., Lemonnier G., Denis C., Billon Y. Oswald I., Dore J., Berri M., Le Page P., Rogel-Gaillard C., 2016. Microbiote intestinal chez le porc : paramètres génétiques de sa composition et liens avec des caractères immunitaires. *Journées Rech. Porcine*, 48, 267-272.
- Fouhse J.M., Zijlstra R.T., Willing B.P., 2016. The role of gut microbiota in the health and disease of pigs. *Animal Frontiers*, 6, 30-36.
- Niu Q., Li P., Hao S., Zhang Y., Kim S. W., Li H., Ma X., Gao S., He L., Wu W., Huang X., Hua J., Zhou B., Huang R., 2015. Dynamic distribution of the gut microbiota and the relationship with apparent crude fiber digestibility and growth stages in pigs. *Sci. Rep.*, 5, 9938.
- Zhao J.B., Huang C.F., Li E.K., Zhang G., Liu L., Liu P., Zhang S., 2018. Effect of wheat bran on apparent total tract digestibility, growth performance, fecal microbiota and their metabolites in growing pigs. *Anim. Feed Sci. Technol.*, 239, 14-26.
- Zhao J., Bai Y., Tao S., Zhang G., Wang J., Liu L., Zhang S., 2019. Fiber-Rich Foods Affected Gut Bacterial Community and Short-Chain Fatty Acids Production in Pig Model. *J. Funct. Foods*, 57, 266-274.