

# Influence d'une alimentation avec une teneur accrue en fibres sur le microbiote intestinal du porc en croissance

Vanille DÉRU (1,2), Alban BOUQUET (3), Olivier ZEMB (1), Benoît BLANCHET (4), Céline CARILLIER-JACQUIN (1), Hélène GILBERT (1)

(1) GenPhySE, Université de Toulouse, INRAE, ENVT, 31326, Castanet Tolosan, France; (2) France Génétique Porc, 35651 Le Rheu Cedex, France; (3) IFIP-Institut du Porc, 35651 Le Rheu Cedex, France; (4) UE3P, INRAE, Domaine de la Prise, 35590, Saint-Gilles, France.

## Contexte et objectif

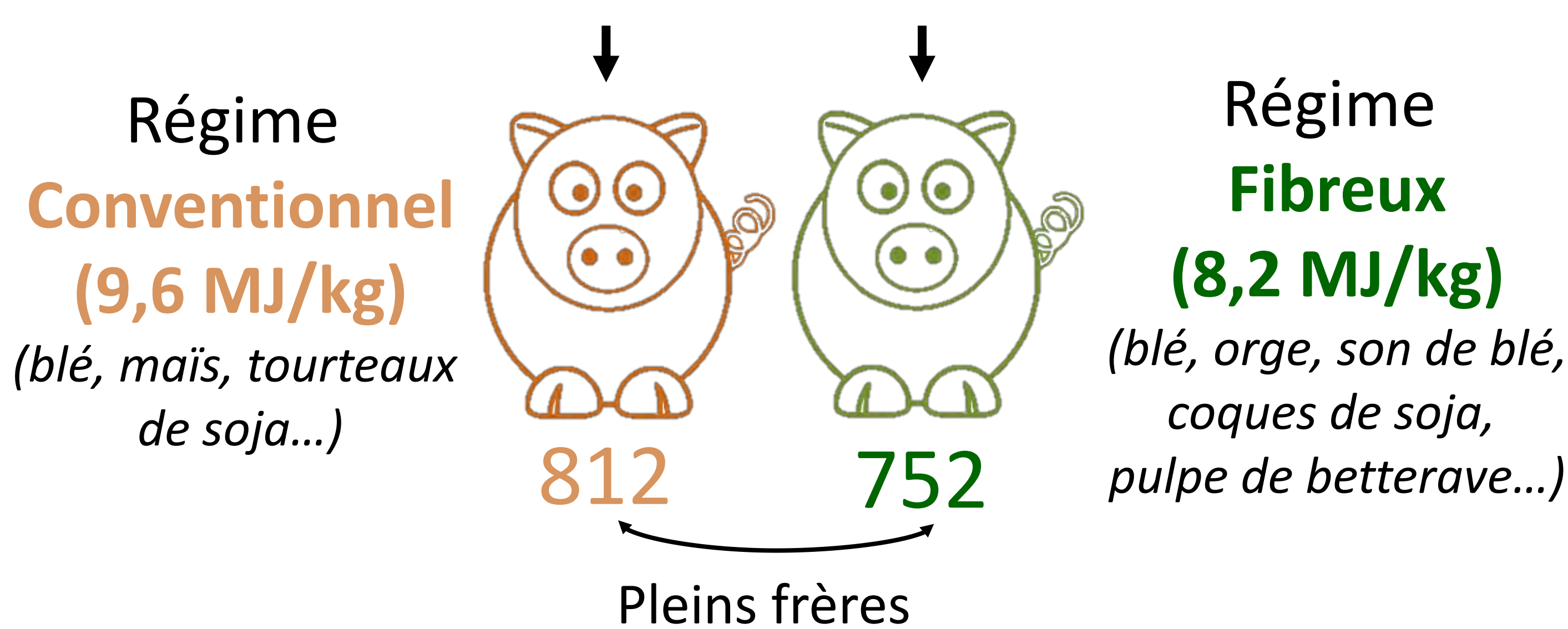
- Pour réduire le coût alimentaire : nourrir les porcs avec des coproduits des industries agroalimentaires (teneur accrue en fibres)

La composition du **microbiote intestinal** est-elle différente selon que les porcs sont nourris avec un régime **conventionnel** ou **fibreux**?

## Matériel et Méthodes

- Population et régimes alimentaires :

1564 porcs mâles Large White lignée femelle issus de 171 pères, testés à la station du Rheu



- Obtention des données :

- 1- Collecte des fèces à 16 semaines d'âge
- 2- Séquençage des régions V3-V4 de l'ARN16S
- 3- Fichier avec nombre de séquences observées par échantillon obtenu à partir du package R *dada2*
- 4- Raréfaction à un seuil de 10 000 séquences<sup>1</sup>

Données : 1564 porcs et 231 genres bactériens

- Diversité intra individu :

- 1- Comparaison<sup>2</sup> indice de Shannon<sup>3</sup> entre régimes

- Diversité entre individus:

- 1- Abondances des genres comparées entre régimes après transformation logarithmique<sup>2</sup>
- 2- Evaluation de la capacité à discriminer les porcs selon le régime alimentaire : analyse discriminante en composantes principales (DAPC)<sup>4</sup>

<sup>1</sup>Package R *Phyloseq*; <sup>2</sup>test *Kruskal Wallis* sous R; <sup>3</sup>package R *vegan*; <sup>4</sup>package R *adegenet*

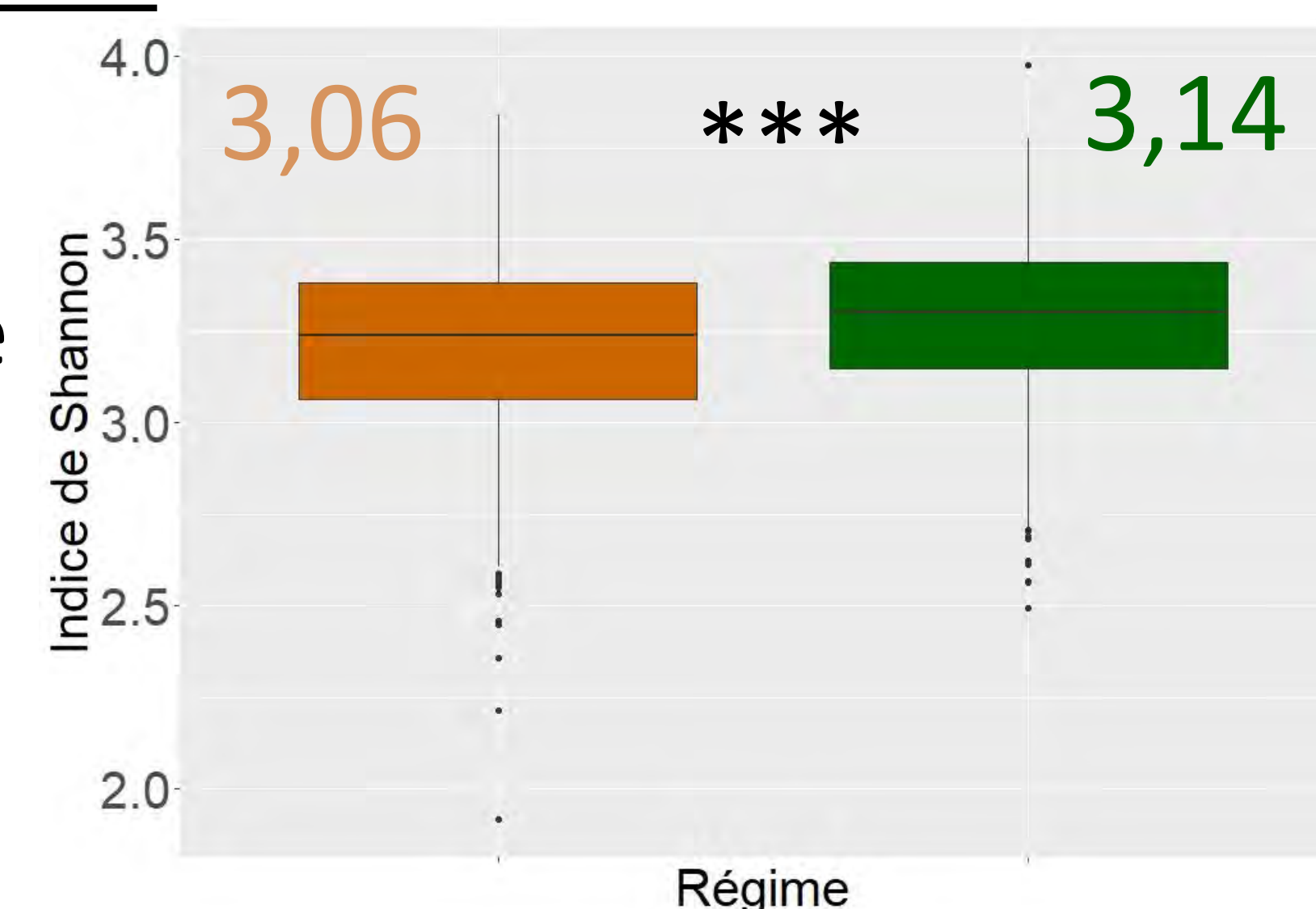
## Conclusion

- Différence de composition du microbiote entre porcs nourris avec un régime **conventionnel** et avec un régime **fibreux**
- Diversité microbienne plus élevée pour les porcs nourris avec un régime **fibreux**

## Résultats

- Diversité intra individu :

L'indice de Shannon est supérieur dans le régime **fibreux** par rapport au régime **conventionnel**.



- Diversité entre individus :

→ 130 genres sur 231 ont des abondances significativement différentes entre les deux régimes ( $P < 0,05$ ).

→ Genres les plus observés dans les deux régimes :

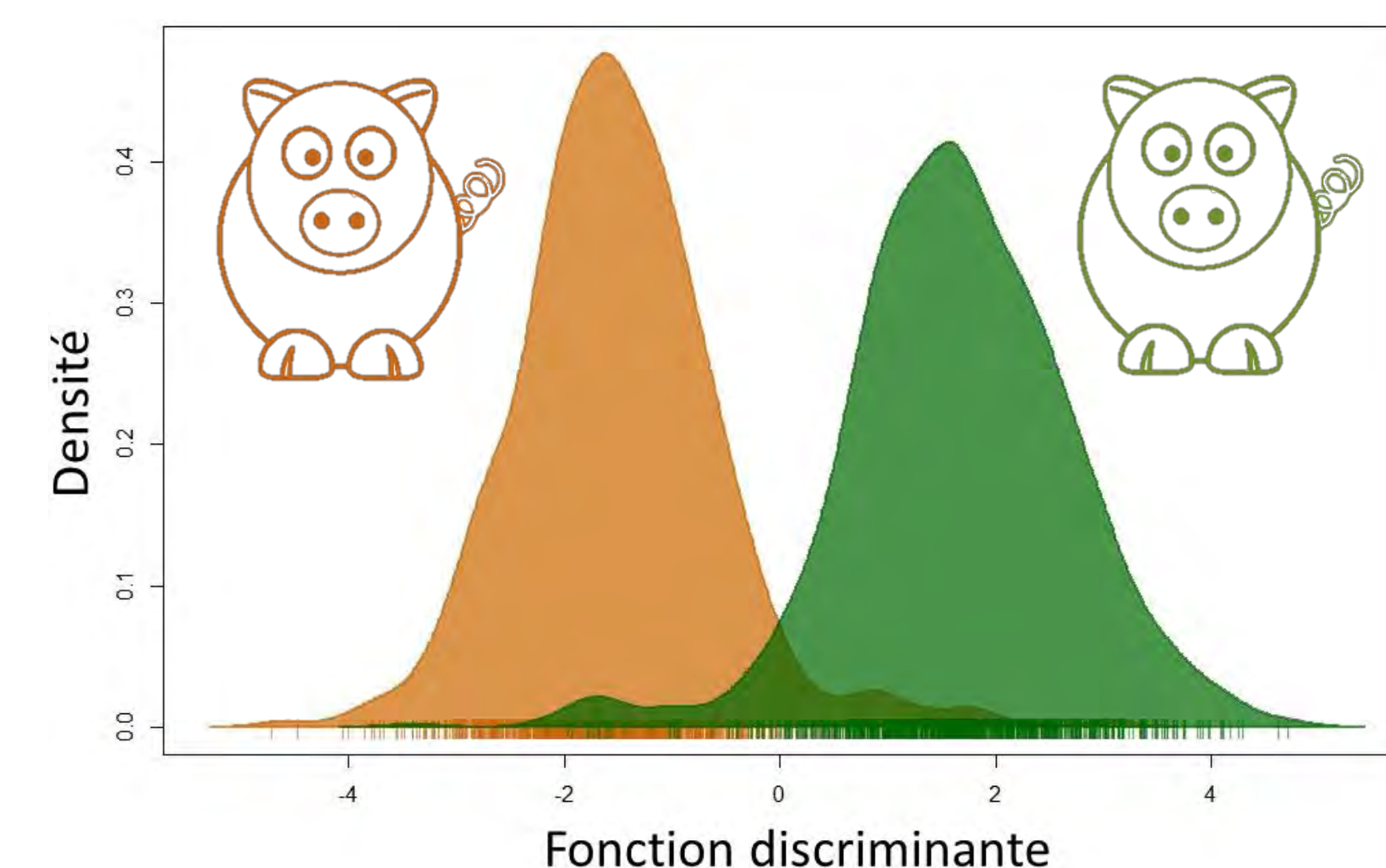
Régime **conventionnel**  
*Lactobacillus*  
*Streptococcus*\*\*\*

Régime **fibreux**  
*Lactobacillus*  
*Prevotella* 9

\*\*\* : *Streptococcus* était plus abondant chez les animaux nourris avec le régime **conventionnel** ( $P < 0,001$ )

→ Différence significative de composition du microbiote entre les deux régimes ( $P < 0,001$ ):

*Ruminococcus* 1,  
*Lachnospira* et  
*Lachnoclostridium*  
12 participent le plus à la séparation des deux régimes, et contribuent



respectivement aux composantes principales de la DAPC à 6,68%, 6,52% et 6,14%.

