



# Effet transgénérationnel d'une supplémentation en *Saccharomyces cerevisiae boulardii* CNCM I-1079 chez la truie : impact sur le microbiote fécal et les performances des porcelets en post-sevrage

Fernando BRAVO DE LAGUNA, Caroline ACHARD, David SAORNIL, Pierre LEBRETON, Eric CHEVAUX, Emmanuelle APPER, Mathieu CASTEX

Lallemand SAS, 19, rue des briquetiers, BP 59, 31702 Blagnac, France

[fbravodelaguna@lallemand.com](mailto:fbravodelaguna@lallemand.com)

## Transgenerational effect of *Saccharomyces cerevisiae boulardii* CNCM I-1079 applied to sows: impact on post-weaning piglet faecal microbiota and performance

Previous data have shown that the live yeast *Saccharomyces cerevisiae boulardii* CNCM I-1079 (Levucell SB; Lallemand SAS, France) applied to sows enhances weanling piglets' performance and influences sows' gut microbiota. The objective of this study was to confirm the effect of Levucell SB (SB) supplementation in the sow diet on piglet performance and gut microbiota after weaning. Thirty-five primiparous sows were divided into 2 experimental treatments according to body weight (BW) and backfat thickness: control (CTL; commercial diet) or SB (commercial diet + SB at  $1 \times 10^9$  Colony Forming Units (CFU)/kg from late gestation until the end of lactation). At weaning at 21 days of age, 120 piglets from each group were allocated into 20 pens (6 piglets/pen). Piglets were weighed on days 14 and 35, and feed intake was recorded for the entire period. Faecal samples were taken from 20 piglets per group at weaning and on days 6 and 20 post-weaning. Data were analysed using SPSS Statistics 26 (IBM) according to a general linear model in which treatment was the fixed effect. Initial BW was used as a covariate. Piglets from SB-fed sows were significantly heavier on day 14 ( $P < 0.05$ ) and tended to be heavier on day 35 ( $P < 0.1$ ) than piglets from CTL sows. Furthermore, piglets from SB-fed sows grew faster from days 0-14 ( $P < 0.05$ ) and overall ( $P < 0.05$ ), likely driven by a higher average daily feed intake overall ( $P < 0.05$ ). The sow diet influenced piglets' microbiota at all sampling times. In conclusion, feeding SB to lactating sows has a positive effect on the performance of progeny during the nursery period. The improvement in performance may be partially explained by changes in gut microbiota.

## INTRODUCTION

Les effets bénéfiques d'une supplémentation en levure vivante *Saccharomyces cerevisiae boulardii* CNCM I-1079 chez la truie ont été démontrés dans plusieurs études. Administré durant la gestation et/ou la lactation, *Sc. boulardii* (SB) améliore le niveau d'ingéré (Domingos *et al.*, 2021), augmente la concentration colostrale en IgG (Guillou *et al.*, 2012), et est associé à une moindre mortalité et une meilleure croissance des porcelets (Bravo de Laguna *et al.*, 2020). Les effets de SB sur la composition du microbiote intestinal des truies et des porcelets pourraient en partie expliquer les meilleures performances observées (Le Floch *et al.*, 2022). L'objectif de cette étude était de confirmer l'effet de la supplémentation en SB chez les truies sur les performances des porcelets en post-sevrage (jusqu'à 35 jours) et d'évaluer l'impact de cette supplémentation sur le microbiote intestinal des porcelets pendant les 20 jours qui suivent le sevrage.

## 1. MATÉRIEL ET MÉTHODES

Au 84<sup>ème</sup> jour de gestation, 35 truies primipares ont été équitablement allotées en deux groupes en prenant en compte leur poids et épaisseur de lard dorsal. Le groupe témoin (CTL) a reçu un aliment commercial pendant la fin de la gestation et toute la durée de la lactation, le groupe SB a reçu le même aliment supplémenté en SB à  $10^9$  UFC/kg (Levucell® SB, Lallemand SAS, France). Les truies sont entrées en maternité une semaine avant la date de mise bas et l'aliment gestation a été remplacé par l'aliment de lactation à partir de ce moment. Les porcelets issus de ces truies ont été sevrés à 21 jours d'âge. 120 mâles entiers par groupe expérimental défini par l'aliment reçu par leur mère ont été répartis dans 20 cases de six porcelets et suivis pendant 35 jours après sevrage. Les porcelets ont été pesés 14 et 35 jours après le sevrage. La quantité totale d'aliment ingéré a été calculée comme la différence entre les quantités d'aliment fournies et non consommées à la fin de l'essai.

Les données de performance des porcelets ont été analysées à l'aide du logiciel SPSS Statistics 26 (IBM). Un modèle linéaire général a été appliqué avec le régime de la mère comme effet fixe et le poids au sevrage comme covariable, avec la case comme unité expérimentale. Des échantillons fécaux ont été prélevés sur 20 porcelets par groupe. Deux mâles entiers par case ayant le poids le plus proche du poids moyen de la case ont été sélectionnés. Les mêmes porcelets ont été échantillonnés le jour du sevrage, puis 6 et 20 jours après sevrage. Les échantillons de fèces ont été conservés à  $-80^{\circ}\text{C}$  après prélèvement. L'analyse du microbiote de ces échantillons a été réalisée comme suit : l'ADN microbien a été extrait à l'aide du kit d'extraction Qiagen. Les amorces 343F (ACGGRAGGCAGCAG) et 783R (TACCAGGTATCTAATCCT) ont été utilisées afin d'amplifier les régions V3 et V4 du gène de l'ARNr 16S et le séquençage a été effectué sur un séquenceur MiSeq à l'aide du kit v3, selon les instructions du fabricant (Illumina Inc., San Diego, CA). Les analyses bioinformatiques ont été réalisées sur la plateforme GenoToul (Toulouse, France), à l'aide du pipeline FROGS (Escudié *et al.*, 2018). En bref, les séquences appariées de 250 pb ont été assemblées à l'aide du logiciel Flash et regroupées en unités taxonomiques opérationnelles (OTU) avec l'algorithme SWARM (Mahé *et al.*, 2014). Les séquences chimériques détectées avec l'algorithme UCHIME ont été éliminées (Edgar *et al.*, 2011). Les données ont été rarifiées afin d'éviter les biais dus aux différences de profondeur de séquençage. Les OTUs rares représentés par une seule séquence ont été éliminés. Afin d'évaluer l'effet de SB administré aux truies sur la composition du microbiote des porcelets, des analyses discriminantes (Partial Least Squares Discriminant Analysis, PLS-DA) ont été menées à l'aide du package MixOmics sur le logiciel R (Cao *et al.*, 2016). Le taux d'erreur calculé permet d'évaluer la robustesse de la PLS-DA.

## 2. RESULTATS

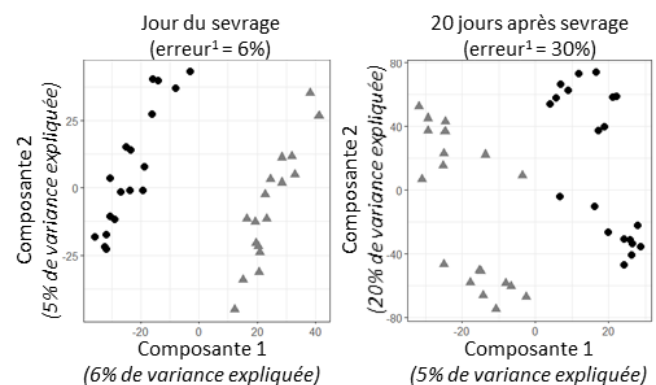
A 14 jours post-sevrage, les porcelets issus de truies du groupe SB étaient significativement plus lourds ( $P < 0,05$ ) que ceux du groupe CTL. Une tendance ( $P < 0,10$ ) de poids plus élevés dans le groupe SB était également observée à 35 jours après sevrage (Tableau 1). De plus, le gain moyen quotidien des porcelets du groupe SB était plus élevé sur la période de 0 à 14 jours ( $P < 0,05$ ), en lien avec une quantité d'aliment ingéré plus élevée sur l'ensemble de la période ( $P < 0,05$ ) (Tableau 1). Une supplémentation en SB chez les truies était associée à une modulation du microbiote fécal de leur porcelet jusqu'à 20 jours

après sevrage (erreur de 6%, 32% et 30% respectivement au sevrage, 6 jours et 20 jours après sevrage, Figure 1).

**Tableau 1** – Effet de la supplémentation en SB chez les truies sur les performances des porcelets selon les jours ou la période de post-sevrage<sup>1</sup>

	CTL	SB	ESM	P-value
Poids jour 0 (kg)	6,6	6,7	0,26	-
Poids jour 14 (kg)	9,2	9,7	0,14	0,03
Poids jour 35 (kg)	17,9	18,8	0,20	0,09
GMQ 0-14 (g/d)	185	219	7	0,03
GMQ 15-35 (g/d)	411	433	9	0,24
GMQ 0-35 (g/d)	314	347	7	0,04
CMJ 0-35 (g/d)	427	467	7	0,02
IC 0-35	1,363	1,348	0,02	0,55

<sup>1</sup> Abréviations : ESM : erreur standard de la moyenne ; GMQ : gain moyen quotidien ; CMJ : consommation moyenne journalière ; IC : indice de consommation. Modèle linéaire général avec le régime de la mère comme effet fixe et le poids au sevrage comme covariable



**Figure 1** – Effet de la supplémentation en SB chez les truies sur le microbiote fécal des porcelets

Visualisation des échantillons CTL (●) et SB (▲) projetés dans l'espace défini par les deux premières composantes de l'analyse discriminante (PLS-DA).

<sup>1</sup> erreur calculée avec la fonction perf du package MixOmic (option «loo»)

## CONCLUSION

La supplémentation de SB de l'aliment distribué aux truies durant la fin de gestation et pendant la lactation a un effet positif sur les performances de la descendance en post-sevrage. L'amélioration des performances pourrait s'expliquer en partie par une modulation du microbiote intestinal.

## RÉFÉRENCES BIBLIOGRAPHIQUES

- Bravo de Laguna F., Saornil D., Chevaux E., Carrion M.J., Lecal M., Vargas A., 2020. Effet de *Saccharomyces cerevisiae* var. *bouardii* CNMCI-1079 sur les performances de la truie pendant un cycle complet. Journées Rech. Porcine, 52, 191-192.
- Cao K.A.L., Costello M.E., Lakis V.A., Bartolo F., Chua X.-Y., Brazeilles R., Rondeau P., 2016. MixMC: a multivariate statistical framework to gain insight into microbial communities. Plos One, 11, e0160169.
- Domingos R.L., Silva B.A.N., Bravo de Laguna F., Araujo W.A.G., Gonçalves M.F., Rebordões F.I.G., Evangelista R.P., de Alkmim T.C.C., Miranda H.A.F., Cardoso H.M.C., Cardoso L.A., Habit S.R., da Motta S.A.B., 2021. *Saccharomyces cerevisiae* var. *Bouardii* CNMCI-1079 during late gestation and lactation improves voluntary feed intake, milk production and litter performance of mixed-parity sows in a tropical humid climate. Anim. Feed Sci. Technol., 272, 114785.
- Edgar R.C., Haas B.J., Clemente J.C., Quince C., Knight R., 2011. UCHIME improves sensitivity and speed of chimera detection. Bioinformatics, 27, 2194-2200.
- Escudié F., Auer L., Bernard M., Mariadassou M., Cauquil L., Vidal K., Maman S., Hernandez-Raquet G., Combes S., Pascal G., 2018. FROGS: find, rapidly, OTUs with galaxy solution. Bioinformatics, 34, 1287-1294.
- Guillou D., Chevaux E., Rosener E., Le Treut J., Le Dividich Y., 2012. Feeding live yeast *Saccharomyces cerevisiae bouardii* to sows increases immunoglobulin content in colostrum and milk. J. Anim. Sci., 90 (Suppl. S2), 112.
- Le Floc'h N., Achard C.S., Eugenio F.A., Apper E., Combes S., Quesnel H., 2022. Effect of live yeast supplementation in sow diet during gestation and lactation on sow and piglet fecal microbiota, health and performance. J. Anim. Sci., 100, 8.
- Mahé F., Rognes T., Quince C., de Vargas C., Dunthorn M., 2014. Swarm: robust and fast clustering method for amplicon-based studies. PeerJ, 2, 593.