



Effets des fractions riches en mannane sur le microbiome et l'histologie intestinale des porcs sevrés

Aoife CORRIGAN (1), Robert LEIGH (2), Brian O' NEILL (1), Fiona WALSH (2), Richard MURPHY (1)

(1) Alltech, Dunboyne, Co. Meath, Ireland

(2) Department of Biology, Maynooth University, Co. Kildare, Ireland

acorrigan@alltech.com

Effects of mannan rich fractions on the gut microbiome and histology of weaned pigs

This study investigated the effects of yeast mannan rich fraction (MRF) on piglet gut microbiome diversity and intestinal histology at weaning, providing valuable insights into its potential applications. Gestating sows and their resulting piglets were split into two cohorts receiving either a standard control diet or a standard diet with MRF (supplemented at 400 g/t in gestation and lactation and at 1 kg/t in piglet diets). Histological (ileum) and microbiome (ileum and cecum) analyses were conducted on intestinal tissues and contents collected from 14 piglets per treatment at 4 and 20 weeks of age. Microbiome analysis revealed significant differences between cohorts. Alpha diversity measures of Pieulou's J, Shannon's H and Simpson's D were significantly greater in the ileum, while Chao1 was significantly lower in the cecum at week 4 in the MRF supplemented cohort compared to the control. Beta diversity analysis indicated significant separation between cohorts at week 4 (cecum) and week 20 (ileum). At weeks 4 and 20, ileal villus height (VH) was significantly greater in the MRF compared to the control group. Crypt depth (CD) was not influenced at either week. Ileal VH:CD ratio and villus surface area was significantly greater at week 20 in the MRF cohort compared to the control. The observed modulation of the gut microbiome and beneficial differences in intestinal histology in the MRF-supplemented group suggests a potential role for MRF in promoting gut health in weaning piglets. These results provide valuable insights for optimising nutrition and management strategies during this critical period of piglet development.

INTRODUCTION

Le microbiome et l'histologie intestinale sont des déterminants essentiels de la santé gastro-intestinale et du bien-être général des porcs sevrés. Pendant le sevrage, les porcelets sont sujets aux infections entériques caractérisées par une dysbiose et une diarrhée post-sevrage. L'utilisation de facteurs de croissance antibiotiques (AGP) et d'oxyde de zinc à des doses pharmacologiques pour améliorer les performances et contrôler la diarrhée post-sevrage a longtemps été courante dans la production porcine. Depuis 2006, la législation européenne interdit l'utilisation des facteurs de croissance antibiotiques (AGP) dans la production animale et depuis 2022, l'utilisation de l'oxyde de zinc (> 150 mg/kg de zinc dans les aliments pour animaux) n'est plus autorisée. Par conséquent, il est important de développer des solutions nutritionnelles pour faciliter la transition du sevrage et améliorer la croissance des porcelets sevrés avec un faible apport en zinc tout en assurant le développement durable de l'industrie porcine (Canibe *et al.*, 2022). De nouvelles recherches suggèrent que les compléments alimentaires peuvent moduler la diversité du microbiome et l'histologie intestinale. Cette étude visait à étudier les effets des fractions riches en mannane (MRF) sur la diversité du microbiome intestinal et l'histologie intestinale des porcelets autour du sevrage. Les MRF sont des prébiotiques dérivés de la paroi cellulaire de *Saccharomyces cerevisiae*.

1. MATERIEL ET METHODES

1.1. Dispositif expérimental

L'essai a été réalisé au Royaume-Uni en vertu de la loi de 1986 sur les animaux (procédures scientifiques, ASPA). Les truies en gestation ont été divisées en deux cohortes, un groupe recevant une ration témoin standard et l'autre recevant une ration complémentée avec des MRF (Actigen® fourni par Alltech®) pendant toute la gestation et la lactation à raison de 400 g/t dans l'alimentation maternelle et de 1 kg/t dans l'alimentation des porcelets dès le sevrage. Au total, 96 porcelets (males et femelles) post-mise bas ont été divisés en deux groupes de traitement (48 par groupe) en fonction de la ration maternelle (mère : porcelet) et ont été adaptés à la portée et au sexe, ce qui a donné huit cases par traitement et six porcelets par case.

Quatorze porcelets (7 mâles et 7 femelles) sélectionnés de façon aléatoire ont été euthanasiés à la semaine 4 (sevrage) ainsi qu'à la semaine 20. Les tissus de l'iléon et du contenu intestinal de l'iléon et du caecum ont été prélevés aux semaines 4 et 20 pour l'évaluation histologique et l'analyse du microbiome.

1.2. Analyse du microbiome

L'ADN a été extrait du contenu iléal et cæcal et a été analysé par séquençage métagénomique à l'aide de la technologie Illumina. L'analyse de la diversité alpha (test U de Mann-Whitney) et bêta (PERMANOVA) a été utilisée pour rechercher les différences entre la composition du microbiote iléal et cæcal à la suite d'une complémentation alimentaire ($P < 0,005$).

1.3. Evaluation morphologique

Les tissus iléaux colorés à l'hématoxyline et à l'éosine ont été utilisés pour l'examen histologique des deux groupes de 14 porcelets euthanasiés. Quinze villosités bien caractérisées et orientées et les cryptes correspondantes ont été identifiées et mesurées avec une lame par échantillon. La moyenne a été utilisée pour mesurer la hauteur des villosités (VH), la profondeur de la crypte (CD), le rapport VH/CD et la surface des villosités (VSA) à l'aide du logiciel NanoZoomer Digital Pathology Image (NanoZoomer NDP®, 2018, Hamamatsu Photonics K.K). La signification statistique entre les groupes a été déterminée à l'aide du test t bilatéral de Student ($P < 0,05$).

2. RESULTATS

2.1. La diversité du microbiome était plus grande chez les porcs supplémentés en MRF

Les résultats préliminaires indiquent que la supplémentation en MRF a influencé de manière significative la composition du microbiome intestinal. L'analyse du microbiome du contenu iléal et caecal a révélé des différences significatives dans la diversité alpha et bêta entre les porcelets témoins et les porcelets supplémentés en MRF ($P < 0,005$). Les mesures de la diversité alpha de Chao 1, de la régularité J de Pielou, du H de Shannon et du D de Simpson étaient significativement plus importantes dans l'iléon chez les porcelets du groupe MRF (Figure 1 a-d) à la semaine 4, mais Chao1 était significativement plus faible dans le caecum à la semaine 4 (non présenté dans ce texte). Aucune différence significative n'a été observée à la semaine 20. L'analyse de la diversité bêta a montré une séparation significative des communautés bactériennes à la semaine 4 dans le caecum et à la semaine 20 dans l'iléon en utilisant PERMANOVA ($P < 0,005$, non présenté dans ce texte).

2.2 L'impact des MRF sur la morphologie intestinale des porcelets

La supplémentation en MRF avait un impact significatif sur certains paramètres histologiques iléaux (Tableau 1, $P < 0,05$). Dans l'iléon, à la semaine 4 et à la semaine 20, la VH était significativement plus élevée dans le groupe supplémenté en MRF par rapport au groupe témoin. La MC n'a pas été affectée à la semaine 4 ou à la semaine 20. Le rapport VH/CD de l'iléon était significativement plus élevé dans le groupe supplémenté en MRF à la semaine 20. Par rapport au groupe témoin, la VSA était significativement plus élevée à la semaine 20.

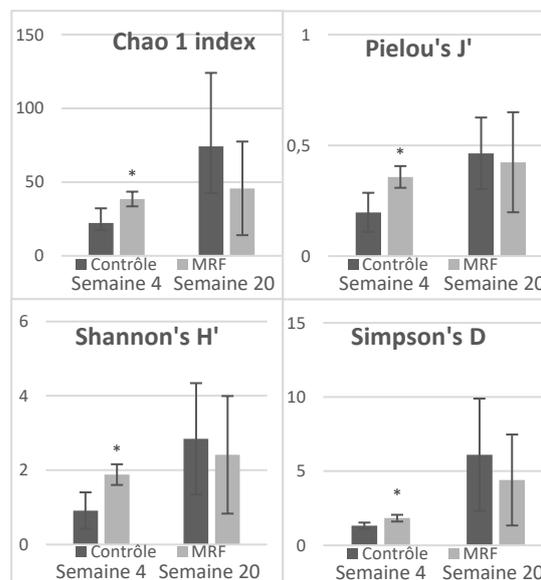


Figure 1 - Effet de la supplémentation en MRF sur la diversité alpha dans l'iléon chez les porcelets à la semaine 4 et à la semaine 20

La signification statistique (par âge) est indiquée par un * ($P \leq 0,05$), les barres d'erreur représentent \pm SD.

Tableau 1 - Effet de la supplémentation en MRF sur la morphométrie de la muqueuse intestinale de l'iléon des porcelets (n=14/stade) à l'âge de 4 et 20 semaines (moyenne \pm SEM)

| | CON | MRF |
|---|-----------------|------------------|
| Hauteur des villosités, VH (μm) | | |
| Semaine 4 | 294 \pm 18 | 389 \pm 11* |
| Semaine 20 | 314 \pm 16 | 381 \pm 3* |
| Profondeur des cryptes, CD (μm) | | |
| Semaine 4 | 130 \pm 9 | 143 \pm 7 |
| Semaine 20 | 139 \pm 5 | 117 \pm 6 |
| VH/CD | | |
| Semaine 4 | 2,47 \pm 0,11 | 3,38 \pm 0,14 |
| Semaine 20 | 2,62 \pm 0,16 | 3,77 \pm 0,14* |
| Surface des villosités, VSA (mm²) | | |
| Semaine 4 | 29 \pm 2 | 38 \pm 2 |
| Semaine 20 | 36 \pm 2 | 43 \pm 2* |

La signification statistique entre les groupes a été déterminée à l'aide du test t bilatéral de Student (* $P < 0,05$).

CONCLUSION

La modulation observée du microbiome intestinal et les différences dans l'histologie intestinale dans le groupe supplémenté en MRF suggèrent un rôle potentiel de MRF dans la promotion de la santé intestinale chez les porcelets sevrés.

REFERENCE BIBLIOGRAPHIQUE

- Canibe N., Hojberg O., Kongsted H., Vodolazska D., Lauridsen C., Nielsen T. S., Schonert A., 2022. Review on preventive measures to reduce post-weaning diarrhea in piglets. *Animals*, 12, 2.