

Effets d'une xylanase bactérienne sur les acides gras à chaînes courtes et le microbiote de truies en fin de gestation

Sandrine DUFOURNY (1), Christelle BOUDRY (2), Sébastien GOFFLOT (1), Benjamin DUBOIS (1), José WAVREILLE (1)

(1) Centre wallon de Recherches agronomiques, Rue de Liroux 9, 5030 Gembloux, Belgique

(2) Belfeed NV, Industrialaan 25, 1702 Groot-Bijgaarden, Belgique

s.dufourny@cra.wallonie.be

Effects of a bacterial xylanase on the short-chain fatty acids and the microbiota of late gestating sows

Xylanase is used in sow diets to increase digestibility. Its action modifies the substrate of the colon, influencing the fermentation process. The objective of the study was to determine effects of a bacterial xylanase, included in sow diets from day 84-109 of gestation, on the short-chain and branched-chain fatty acid content and the microbiota of their faeces. A group of 24 sows was divided into two groups to balance parities, weights and backfat thicknesses. The groups were the control (CO, receiving a commercial gestation diet) and the supplemented (XYL, receiving the same diet plus 10 IU/kg of a bacterial xylanase). The results revealed a 6% increase in the mean content of short-chain fatty acids in the faeces of XYL sows and a significant increase in the content of branched-chain fatty acids (6.4 mmol/kg vs 5.1 mmol/kg for CO sows, $P = 0.04$). They also revealed an influence on the Firmicutes:Bacteroidota ratio of the microbiota (XYL: 2.0 vs CO: 1.8; $P = 0.02$). These results demonstrate the influence of xylanase on fermentation in the distal colon of sows, which highlights the utility of continuing research on the enzyme's influence on the intestinal wall.

INTRODUCTION

L'ajout d'une xylanase bactérienne dans l'alimentation de la truie permet une amélioration de la digestibilité de la ration et donc une meilleure valorisation de l'aliment (Boudry *et al.*, 2022). Par son action, cette enzyme modifie le substrat disponible pour les fermentations dans le côlon, ce qui pourrait aussi influencer des indicateurs liés à la santé intestinale de l'animal. L'objectif de cette étude visait à déterminer les effets de cette xylanase bactérienne, distribuée aux truies entre le 84^{ème} et le 109^{ème} jour de gestation, sur le contenu en acides gras à chaînes courtes, en acides gras ramifiés et sur le microbiote de leur fèces.

1. MATERIEL ET METHODES

1.1. Animaux, aliments et logement

Vingt-quatre truies Landrace ont été réparties du 84^{ème} au 109^{ème} jour de gestation entre deux groupes de manière à équilibrer les rangs de portée, les poids vifs, les épaisseurs de lard. Le groupe contrôle (CO) recevait un aliment de gestation commercial présenté sous forme de farine (Quartres, Deinze, Belgique), formulé à base d'orge (20,4%), maïs (17,3%), gluten feed de blé (12,6%), blé (12,1%), aliment de tournesol (8,4%), farine basse de blé (6,8%), tourteau de palmiste (6,5%), pulpes de betteraves séchées (6,1%), farine basse de riz (3,6%), son de blé (3,4%) avec des teneurs en cellulose brute de 9,5 %, en NDF de 28,0%, en ADF de 13,3 % et en ADL de 3,7%. Le groupe supplémenté (XYL) recevait le même aliment dans lequel étaient incorporées 10 IU/kg d'une enzyme bactérienne de type

xylanase (4a1606i, Belfeed NV, Groot-Bijgaarden, Belgique). L'hébergement des truies se faisait dans un local en groupe avec réfectoire individuel sur aire bétonnée. Les truies ont été pesées aux 84^{ème} et 109^{ème} jours de gestation. Au 108^{ème} jour de gestation, un échantillon de matière fécale a été collecté sur chaque truie et a été homogénéisé. Un premier sous-échantillon a immédiatement été plongé dans l'azote liquide pour conservation à -80°C avant analyse par séquençage haut-débit (microbiote). Un second a été stocké à -20°C avant analyse HPLC (acides gras à chaînes courtes, AGCC ; acides gras ramifiés, AGR). Le protocole d'essai a été approuvé par la Commission d'éthique ULiège (Belgique) sous le numéro de dossier 2310.

1.2. Analyses

Pour le microbiote, l'extraction d'ADN a été réalisée avec le kit ZymoBIOMICS DNA Microprep (Zymo Research, Irvine, Californie, USA) selon les instructions du fabricant et la qualité en a été contrôlée. Les bibliothèques ont été préparées (Quick 16S V3-V4 Zymobiomics, Zymo Research, Irvine, California, USA). Le séquençage a été réalisé avec l'Illumina Miseq (2*300 pb). L'analyse bioinformatique a été réalisée avec QIIME2 sur la base des variants de séquence d'amplicon. L'assignation taxonomique a été faite avec le plugin q2-feature-classifier, en parallèle de la base de données Greengenes 13_8. La détection des différences significatives d'abondance a été faite par ANCOM avec correction de biais (Lin et Peddada, 2020).

Pour les AGCC et AGR, après filtration, les extraits aqueux de fèces ont été injectés dans le système HPLC Alliance 2690TM (Waters, Milford, USA) équipé d'un détecteur à indice de réfraction (Waters 2414 RI Detector, Waters, Milford, USA). La