

Impact du seigle dans l'alimentation des truies gestantes sur leur microbiote et celui de leurs porcelets

Leila MAZROUA (1), Éléonore LEMIEUX (1, 2), Luca LO VERSO (1), Antony T. VINCENT (1, 2), Jamie AHLOY-DALLAIRE (1), Frédéric GUAY (1)

(1) Département des sciences animales, Université Laval, Québec, Qc, Canada, G1V 0A6

(2) Institut de Biologie Intégrative et des Systèmes, Université Laval, Québec, Qc, Canada, G1V 0A6

Frederic.quay@fsaa.ulaval.ca

Impacts of rye in the diet of gestating sows on their microbiota and that of their piglets

The objective of this project was to evaluate the impacts of adding rye to the gestation diet on the microbiota of sows and their piglets. For this project, 245 sows were divided into four treatments: 1) Control: maize, maize distillers dried grain, soybean meal (10% NDF); 2) Fibre: oat hulls and wheat middlings (20% NDF); 3) Rye30: 30% rye, wheat middlings, oat hulls (20% NDF); 4) Rye60: 60% rye, maize distillers dried grain, oat hulls (20% NDF). Treatments were assigned at breeding and applied during gestation and the first week of lactation. A blood sample was taken on day 110 of gestation to assess the concentration of volatile fatty acids. Seven days after parturition, faecal samples were taken from sows and their litter (three piglets/litter). Serum propionate and butyrate before parturition were highest for Rye60 ($P < 0.05$). Microbiota analysis of sows showed no effect of treatments on alpha diversity. However, piglet microbiota analysis revealed that the Control group had lower alpha diversity than the other treatments ($P < 0.05$). The Fibre, Rye30 and Rye60 treatments led to an increase in *Prevotellaceae*, *Muribaculaceae*, *Erysipelatoclostridiaceae* and *Selenomonadaceae* in sows, while in piglets, these same treatments increased *Prevotellaceae*, *Rikenellaceae* and *Butyricicoccaceae* ($P < 0.05$). In conclusion, adding 30% or 60% rye to the sow's diet during gestation and early lactation modified the microbiota of the sows and its establishment in piglets at the beginning of lactation.

INTRODUCTION

L'apport en fibres chez les truies gestantes est avantageux pour leur bien-être. Pendant la gestation, les fibres augmentent la satiété et réduisent les risques de constipation et de comportements stéréotypés dus à la faim et au stress (Jo et Kim, 2023). Diverses sources de fibres, comme le son de blé et la coque de soja, sont couramment utilisées. Le seigle est riche en fibres et en glucides et serait bien adapté pour les truies gestantes, pouvant remplacer les céréales conventionnelles (McGhee et Stein, 2021). De plus, le seigle pourrait favoriser la santé intestinale grâce à son contenu en fibres, favorisant la production d'acides gras volatiles (AGV) (Hankel *et al.*, 2022). Bien que les effets du seigle sur le microbiote aient été étudiés chez les porcelets et les porcs en croissance, l'impact sur le microbiote des truies gestantes et celui de leurs porcelets reste encore peu exploré.

1. MATÉRIEL ET MÉTHODES

1.1. Animaux et traitements alimentaires

Au total, 245 truies ont été utilisées dans cette étude. Quatre traitements ont été évalués : 1) régime témoin (TEM) : maïs, drêche de maïs séché (DDGS) et tourteau de soja à 10 % NDF et 10,46 MJ d'énergie nette (EN)/kg ; 2) régime à teneur accrue en fibres (FIB) : maïs, tourteau de soja, DDGS, remoulage de blé et coque d'avoine à 20 % NDF et 9,32 MJ/kg NE ; 3) régime de seigle à 30 %, 20 % NDF et 9,32 MJ/kg NE (S30) : maïs, DDGS, tourteau de soja, coque d'avoine et seigle hybride ; 4) régime

de seigle à 60 %, 20 % NDF et 9,32 MJ/kg NE (S60) : DDGS, tourteau de soja, coque d'avoine et seigle hybride. Les traitements alimentaires ont été distribués selon le rang de portée et l'état d'engraissement de la truie et appliqués de l'insémination jusqu'à la mise-bas en fournissant la même quantité quotidienne d'EN et de nutriments et pendant la première semaine de lactation.

1.2. Collecte des échantillons et analyses de laboratoire

Des échantillons de sang ont été prélevés sur 25 truies par traitement à 110 jours de gestation pour l'analyse d'AGV. Sept jours après la mise bas, des échantillons fécaux ont été prélevés sur 16 truies par traitement et leur portée (trois porcelets par portée) pour évaluer la composition du microbiote. L'extraction d'ADN a été réalisée à partir d'échantillons fécaux et les échantillons ont été séquencés sur un système MiSeq Illumina (plateforme d'analyse génomique de l'Université Laval, IBIS).

1.3. Analyses bio-informatique et statistique

L'analyse bio-informatique des séquences du gène 16S rRNA a été réalisée comme rapporté par Laforge *et al.* (2023). La diversité alpha a été calculée sur des données non normalisées. La richesse spécifique a été évaluée avec les indices Observed et Chao1 et l'uniformité a été évaluée avec les indices Shannon et Simpson. Un test ANOVA a été utilisé pour comparer l'abondance relative des différentes familles entre les différents traitements alimentaires (RStudio, version 4.3.3).