

# Les acides gras à chaîne moyenne améliorent l'efficacité alimentaire des porcelets sevrés mâles et femelles

Maartje DE VOS (1), Romain D'INCA (1), Silke DE SMET (1), Adelaide PANATTONI (2), Amanda HETTIARACHCHI (2), Sebastiaan THEUNS (2)

(1) Nutrition Sciences, Booiebos 5, 9031 Drongen, Belgique

(2) Pathosense BV, Pastoriestraat 10, 2500 Lier, Belgique

[m.d.devos@agrifirm.com](mailto:m.d.devos@agrifirm.com)

## Medium-chain fatty acids improve feed conversion ratio of both newly-weaned boars and gilts

Medium-chain fatty acids (MCFA) are known for their strong antibacterial mode of action and show, under field conditions, consistently positive effects on the technical performance and health of weaned pigs. The objective of this experiment was to investigate effects of feeding MCFA in a research setting and potential differences in these effects between boars and gilts. Effects of feeding MCFA on the faecal microbiome were also investigated. A total of 420 weaned piglets were randomly assigned to 2 treatment groups (control vs. MCFA) x 2 sexes, with 15 pens per combination. Individual piglet body weights (BW) were recorded on 3 days: d0, d9 and d35. Faecal samples were collected on 2 days (d9 and d35) and were subjected to long-read nanopore sequencing of the full-length 16S rRNA gene. Piglets that received MCFA had a significantly improved FCR (-2.1%;  $P = 0.04$ ) for both boars and gilts. The health status of the piglets was good. Overall, 2.4% and only 1.9% of piglets were treated with antibiotics in the control and MCFA groups, respectively. The mortality rate was low in the control and MCFA groups (1.6% and 0.8%, respectively). The dominant bacteria at the phylum level in all groups were Firmicutes, Bacteroidetes and Proteobacteria. No significant differences in *alpha* or *beta* diversity were observed between the groups, regardless of the day. These results demonstrate that feeding MCFA improves feed conversion ratio even on a farm with a high health status. For both boars and gilts, production costs can be reduced by feeding MCFA, an effect that cannot be explained only by changes in the faecal microbiome.

## INTRODUCTION

Les acides gras à chaîne moyenne (AGCM) sont des acides monocarboxyliques saturés et non ramifiés de 6 à 12 atomes de carbone, reconnus pour leur activité antibactérienne importante (Jackman *et al.*, 2020). Ils s'inscrivent ainsi dans une stratégie de réduction de l'usage des antibiotiques. En conditions terrain, les AGCM ont des effets positifs sur la performance et la santé des porcelets sevrés.

L'objectif de cette étude a été d'étudier l'effet des AGCM incorporés dans l'aliment de porcs mâles et femelles, dans un contexte contrôlé de station de recherche. Dans la mesure où Gardiner *et al.* (2020) ont montré un lien entre la composition du microbiote intestinal et l'efficacité alimentaire des porcs, l'effet des AGCM apportés par l'aliment sur le microbiote fécal a également été mesuré.

## 1. MATERIEL ET METHODES

### 1.1. Animaux et performances zootechniques

Un total de 420 porcelets sevrés à 28 jours d'âge de trois bandes successives (TN70 x Tempo) a été utilisé. Ils ont été affectés à deux traitements (contrôle ou AGCM) x 2 sexes (mâles entiers ou femelles). Chaque traitement a inclus 15 cases de 7 animaux du même sexe. Le groupe contrôle a reçu un aliment commercial à base de blé et d'orge (1<sup>er</sup> âge : 2520 kcal EN, 16%

de protéines et 1,05% SID Lys. ; 2<sup>ème</sup> âge : 2480 kcal EN, 17,3% de protéines et 1,13% SID Lys.) ne contenant aucun additif. Le groupe AGCM a reçu le même aliment contenant un mélange commercial d'AGCM (Aromabiotic® [Aromabi® sur le territoire français]) à 2 kg/T d'aliment de j0 (sevrage) à j9 puis à 1 kg/T de j9 à j35 (fin de l'étude). Les animaux ont été nourris *ad libitum*.

Des pesées individuelles ont été réalisées à j0, à j9 et à j35. La consommation moyenne journalière (CMJ), le gain moyen quotidien (GMQ) ainsi que l'indice de conversion (IC) ont été calculés par case. L'état sanitaire des animaux, les traitements médicaux et la mortalité ont été relevés quotidiennement.

### 1.2. Analyses du microbiote

À j9 et j35, des écouvillonnages rectaux ont été réalisés sur un porcelet par case, en bonne santé et avec un poids moyen pour sa case à j0. Chaque prélèvement a été obtenu par stimulation rectale à l'aide d'une tige cotonnée (PurFlock, Ultra Puritan).

L'ensemble des échantillons a été soumis à un séquençage complet de l'ARNr 16S par la technologie nanopore à lecture longue à l'aide d'un appareil GridION. Les abondances relatives des phyla, familles, genres et espèces bactériennes ont ensuite été déterminées pour les échantillons fécaux de chaque groupe. L'index de diversité de Shannon a été utilisé pour déterminer la diversité *alpha* et celui de dissimilarité de Bray-Curtis a été utilisé pour calculer la diversité *beta*.