

Lien entre fermentations microbiennes *in vitro* et performances *in vivo* chez les porcs sélectionnés sur leur consommation résiduelle

Olivier ZEMB (1), Lauren JOUARON (1), Jordi ESTELLE (2), Anaïs CAZALS (2), Caroline ACHARD (3), Marion SCHIAVONE (3), Tiffany PAGE (1), Laurent CAUQUIL (1), Carole BANNELIER (1), Amir ALIAKBARI (1), Yvon BILLON (4), Yves FARIZON (1), Hélène GILBERT (1)

(1) GenPhySE, Université de Toulouse, INRAE, ENVT, 31326, Castanet-Tolosan, France

(2) GABI, INRA, AgroParisTech, Université Paris-Saclay, 78350 Jouy-en-Josas, France

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

(4) GenESI, INRAE, 17700 Surgères, France

Olivier.zemb@inrae.fr

Avec la collaboration des équipes du Magneraud et de Rouillé sur les élevages expérimentaux de GenESI

Lien entre fermentations microbiennes *in vitro* et performances *in vivo* chez les porcs sélectionnés sur leur consommation résiduelle

Cette étude a analysé les différences de microbiote intestinal entre des porcs de lignées efficaces, cad à la consommation moyenne journalière résiduelle faible (CMJR⁻) par rapport à des porcs non-efficaces (CMJR⁺). Le séquençage a montré un lien entre l'efficacité et certaines voies métaboliques, notamment pour la voie de la biosynthèse des acides aminés et la voie de synthèse de l'ARNt-aminoacyl chez les CMJR⁺ qui est associée à une production accrue de propionate. Cependant les analyses de profils de fermentation *in vitro* montrent que les porcs CMJR⁻, de la lignée plus efficace, produisent plus d'acétate (+15%) et de propionate (+56%) à partir des fibres insolubles (IF) récupérées après simulation de digestion par la partie haute du tube digestif. Le valérate est également plus fréquemment abondant chez les CMJR⁻ ($P < 0,01$). L'analyse par séquençage 16S des microbes responsables de la fermentation suggère que le propionate obtenu à partir de la fraction de l'aliment qui est indigestible par l'hôte est principalement produit par *Prevotella* et *Lactobacillus*. Cette production est fortement corrélée à l'épaisseur du lard dorsal chez les porcs de la lignée CMJR⁻ (Corrélation de Spearman = 0,8), tandis que chez les porcs CMJR⁺, une corrélation modérée existe entre la production de butyrate et l'indice de consommation (Corrélation de Spearman = 0,44). Ces résultats montrent que la production de propionate est corrélée au métabolisme adipeux, suggérant que l'activation du récepteur GPR43 par le propionate pourrait jouer un rôle physiologique dans les cellules adipeuses des porcs CMJR⁻. Ces observations mettent en évidence des différences fonctionnelles importantes entre les microbiotes des porcs CMJR⁺ et CMJR⁻ ainsi qu'une variabilité au sein des porcs génétiquement plus efficaces, qui pourrait être exploitée pour améliorer les performances.

Relation between *in vitro* microbial fermentations and *in vivo* performance in pigs selected for their residual feed intake

Bioinformatic analysis of microbiota revealed that certain metabolic pathways are associated with low- and high- residual feed intake (HRFI and LRFI), such as the amino-acid biosynthesis pathway and the tRNA-aminoacyl synthesis pathway. The latter is associated with increased propionate production. Yet, *in vitro* fermentation-profile analyses revealed that LRFI pigs, from the most efficient genetic line, produced more acetate (+15%) and propionate (+56%) from the insoluble fraction (IF) containing the insoluble dietary fibre recovered after simulation of upper gastrointestinal digestion. Valerate was also more frequently abundant in LRFI pigs ($P < 0.01$). 16S sequencing analysis of the microbes responsible for fermentation suggested that propionate obtained from the fraction of feed that is indigestible by the host is produced mainly by *Prevotella* and *Lactobacillus*. This production was strongly correlated with backfat thickness in LRFI pigs (Spearman's correlation = 0.80), while a moderate correlation existed between butyrate production and feed efficiency in HRFI pigs (Spearman's correlation = 0.44). These results revealed that propionate production is related to fat metabolism, suggesting that GPR43 receptor activation by propionate could play a physiological role in adipose cells in RFI- pigs. These observations highlight significant functional differences between the microbiota of HRFI and LRFI pigs, as well as variability within more efficient pigs that could be exploited to improve performance.