

Approche multivariée de la relation entre santé intestinale du porcelet et microbiote digestif

Cléo OMPHALIUS et Samy JULLIAND

Lab To Field – 26 boulevard du Docteur Petitjean, 21000 Dijon, France

cleo.omphalius@lab-to-field.com

Multivariate approach to relationships between intestinal health in piglets and digestive microbiota

The health of piglets can be influenced by their digestive microbiota, most of which is inherited from the sow. Multivariate analysis (correlations and principal component analyses) was used to determine relationships between a sow's faecal microbiota, its piglets' small intestine and colon microbiota, and its piglets' gut health. Eight sows were included in the study. At weaning (D28), sow faeces were collected to analyse the bacterial community structure (16S RNA sequencing). From each litter, one piglet was selected at D28 and followed until the end of post-weaning (D63). On D63, plasma concentrations of lipopolysaccharides, a marker of colonic barrier permeability, were measured. After euthanasia, jejunum and colon contents were collected to analyse the bacterial community structure and putative functions (PICRUSt), and mucosal fragments from the duodenum, jejunum, ileum and colon were collected for histological analysis. The morphology of the mucosa were related to the structure of the microbial communities in the digestive contents. The presence of pathogenic taxa in a sows' faeces was positively correlated with their presence in piglets' digestive contents. Finally, the more diverse the microbiota of the sow, the lower the mortality rate during the maternity phase and the larger the number of weaned piglets. These relationships between digestive microbiota and piglet health suggest that the transfer of beneficial bacterial communities must be promoted. Adapting the diet of sows and their litters could be one way of doing so.

INTRODUCTION

Les communautés microbiennes présentes dans le côlon ont des fonctions nutritionnelles, neurologiques et immunitaires clés chez la truie (Patil *et al.*, 2020). Le microbiote intestinal des porcelets, largement hérité de leur mère (Liu *et al.*, 2023), peut influencer leur santé et leur performance (Fouhse *et al.*, 2016). Cette étude avait pour objectif de développer les connaissances sur la relation entre microbiote et santé intestinale chez le porcelet, et entre microbiote et performance chez la truie en utilisant des méthodes classiques de métagénomique. Elle a également été conduite afin de compléter les connaissances sur la transmission du microbiote de la truie au porcelet.

1. MATERIEL ET METHODES

1.1. Cohorte et prélèvements

Huit truies d'une même bande, conduites de façon similaire, ont été suivies durant toute la phase de lactation. Pour chacune des portées, un porcelet sain mâle de poids médian a été sélectionné au sevrage (J28) et suivi jusqu'à la fin du post-sevrage (J63). A J28, des fèces des truies ont été collectées par fouille rectale. A J63, une prise de sang a été réalisée pour chaque porcelet. Après euthanasie des porcelets, les contenus luminaux dans le jéjunum et le côlon ont été prélevés et des échantillons de muqueuses ont été collectés au niveau du duodénum, du jéjunum, de l'iléon et du côlon (projet autorisé sous le numéro #37608).

1.2. Traitement des échantillons et analyses

L'ADN total a été extrait des échantillons digestifs (Yu et Morrison, 2004). Les amplicons ont été séquencés par

Illumina MiSeq à la plateforme GenoToul (INRAE, Toulouse, France). Les analyses bioinformatiques ont été réalisées à l'aide du pipeline FROGS (Escudie *et al.*, 2018), séparément pour chaque segment digestif chez les truies et les porcelets. Les ASVs ont été alignés sur la base de données 16S silva138.1 à l'aide de BLAST et associés au rang taxonomique le plus élevé possible. Des tables d'abondance ont été construites et la richesse et des indices de diversité α ont été calculés. Les données ont été normalisées pour calculer l'abondance relative de chaque taxon bactérien. Les fonctions métaboliques putatives du métagénome ont été définies par l'outil PICRUSt2 (Douglas *et al.*, 2020) associées à la base KEGG. Les concentrations plasmatiques en lipopolysaccharides (LPS), ont été dosées par HPLC/MS² (de Barros *et al.*, 2015). Les échantillons de muqueuses ont été placés dans une solution de formol pendant 24h avant d'être inclus en paraffine (coloration à l'hématoxyline-éosine). Les lames ont été observées au microscope optique. La hauteur des villosités et la profondeur des cryptes ont été mesurées (10 mesures par segment). Des corrélations ont été établies à l'aide du logiciel R (v2023.06.2). Seules les corrélations dont le coefficient de corrélation (cc) était supérieur à 0,60 et dont la p-value était supérieure à 0,05 sont présentées. Elles ont été représentées par des ACP (R).

2. RESULTATS ET DISCUSSION

2.1. Relation microbiote – muqueuses dans l'intestin grêle

La taille des villosités au niveau duodénal, jéjunal et iléal, reflète l'absorption dans l'intestin grêle. Ce marqueur n'était pas corrélé significativement à la diversité et la structure du microbiote luminal. Toutefois, il était numériquement corrélé à des taxons potentiellement pathogènes dans l'intestin grêle des