

Une alimentation supplémentée avec des fractions riches en mannane altère la diversité et la composition du microbiome intestinal chez les truies et les porcelets

Aoife CORRIGAN (1), Stephen STOCKDALE (2), Hazel ROONEY (1), Per LAUSTEN (3), Morten HANSEN (3), Jules TAYLOR-PICKARD (4) et Richard MURPHY (1)

(1) Centre européen de biosciences Alltech, Dunboyne, comté de Meath, Irlande

(2) BioFigR, Ballyvoloon, Cork, Irlande

(3) Alltech Denmark, Skomagervej 5B, 7100 Vejle, Danemark

(4) Alltech (UK) Ltd., Stamford, Royaume-Uni

acorrigan@alltech.com

A diet supplemented with mannan-rich fraction alters the diversity and composition of the gut microbiome in sows and piglets

This study investigated the effects of maternal dietary mannan-rich fraction (MRF) supplementation on sow and piglet faecal microbiota diversity and composition. Forty sows were assigned to either a standard control (n = 20) or MRF (n = 20) supplemented diet (400 g/T) during gestation and lactation on a commercial pig farm. Fresh faecal samples were collected from sows at farrowing (day 0) and from piglets at day 9 for metagenomic sequencing. Alpha-diversity (observed species) and beta-diversity differences (Bray-Curtis PCoA) were analysed, and bacterial relative abundances were assessed. Sequencing analysis revealed that sows fed MRF exhibited higher alpha-diversity at farrowing than control groups did, and there was no effect on piglets at day 9 ($P < 0.05$). Beta-diversity analysis showed significant differences between MRF and control groups in both sows and piglets ($P < 0.05$). Additionally, populations of bacterial pathobionts (species of *Escherichia*, *Shigella*, *Proteus*, *Enterococcus* and *Klebsiella*) were significantly lower in supplemented sows at farrowing ($P < 0.05$). In conclusion, maternal MRF supplementation supported a healthier gut environment in both sows and piglets reflected by enriched faecal microbial diversity and lower bacterial pathobionts, indicators of improved microbial stability, reduced dysbiosis, and better intestinal resilience. These findings highlight the potential of maternal dietary interventions to improve microbiome resilience and lower enteric pathogens, offering an innovative strategy for improving pig health in commercial production systems.

INTRODUCTION

La production porcine moderne fait face à des défis importants dont certains liés à des déséquilibres microbiens intestinaux et d'agents pathogènes entériques, qui affectent négativement la santé des truies et des porcelets, ainsi que les performances de croissance (Szabó *et al.*, 2023). Des stratégies nutritionnelles telles que l'ajout de fractions riches en mannane (Mannan Rich Fraction ou MRF) aux aliments des truies ont été proposées pour moduler le microbiome, améliorer la santé intestinale et la productivité. La contribution maternelle à l'établissement du microbiome au début de la vie chez les porcelets reste sous-explorée. Pour combler cette lacune, cette étude vise à déterminer, en s'appuyant sur des méthodes de séquençage métagénomique, si la supplémentation alimentaire en MRF chez les truies peut influencer la diversité microbienne intestinale chez les truies et leurs porcelets.

1. MATERIEL ET MÉTHODES

1.1. Plan expérimental

Quarante truies multipares d'une exploitation commerciale ont été groupées par rang de portée et réparties au hasard entre

deux lots, correspondant à l'apport d'un aliment témoin ou supplémenté en MRF (400 g/T) pendant la gestation et pendant la lactation. Des échantillons de matières fécales ont été prélevés sur des truies à la mise bas (jour 0) et des porcelets à l'âge de 9 jours pour le séquençage métagénomique (n = 20 pour chaque groupe, 1 porcelet par truie, groupé aléatoirement avec une répartition égale des sexes). Toutes les procédures étaient conformes aux directives nationales danoises en matière de soins et d'utilisation des animaux.

1.2. Séquençage métagénomique et analyse statistique

Le séquençage a été effectué sur la plate-forme Illumina NovaSeq, produisant 5Go de lectures appariées de 150pb. La classification taxonomique a été réalisée à l'aide de la base de données microNR (Novogene), et des analyses de diversité ont été effectuées dans RStudio avec les packages vegan, phyloseq et lme4. L'alpha-diversité et l'abondance des agents pathogènes ont été évaluées à l'aide du test de Wilcoxon. Les différences de bêta-diversité ont été calculées à l'aide de la métrique de distance écologique de Bray-Curtis, avec et sans transformation de Hellinger, et visualisées par une analyse en coordonnées principales (PCoA) (Bray *et al.*, 1957). La variation