

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

Adresse e-mail de l'auteur correspondant : acorrigan@alltech.com



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.

Matériel et méthodes :

Animaux et design expérimental

- 40 truies multipares réparties par rang de portée en deux groupes: aliment témoin ou supplémenté en MRF (400 g/T) pendant la gestation et la lactation.
- Échantillons de matières fécales prélevés sur des truies à la mise bas (jour 0) et des porcelets à l'âge de 9 jours (n = 20/groupe ; 1 porcelet par truie, sexes équilibrés).
- Procédures conformes aux directives danoises en matière de soins et d'utilisation des animaux.

Séquençage métagénomique

- Plateforme : Illumina NovaSeq.
- 5 Go de lectures appariées de 150pb.
- Classification taxonomique : La base de données microNR (Novogene).

Analyse statistique

- Réalisées sous RStudio (packages : vegan, phyloseq et lme4).
- Alpha-diversité et l'abondance des agents pathogènes : test de Wilcoxon.
- Bêta-diversité : distance écologique de Bray–Curtis (avec /sans transformation de Hellinger), visualisées en PCoA.

- Variation de la bêta-diversité : PERMANOVA.
- Données d'abondance relative transformées en CLR pour tenir de la compositionnalité.
- Seuil de signification statistique : $P < 0.05$.

Resultats :

Alpha-diversité

Truies : La supplémentation en MRF chez les truies entraînait une alpha-diversité microbienne plus élevée ($P < 0.05$) par rapport au groupe témoin, **Porcelets :** Aucun effet n'a été observé chez les porcelets au jour 9 (Figure 1).

Bêta-diversité

Truies : Après transformation de Hellinger, la PCoA de Bray-Curtis a mis en évidence une composition microbienne différente entre le groupe MRF et le témoin ($P < 0.05$; Figure 2), suggérant une contribution accrue des taxons de moyenne et faible abondance ($P < 0.05$; Figure 2).

Porcelets : La PCoA de Bray-Curtis a également montré une différence significative dans la composition de la communauté bactérienne entre les groupes supplémentés en MRF et les groupes témoins ($P < 0.05$; Figure 2), indiquant que l'incorporation de MRF a influencé des taxons plus abondants chez les porcelets.

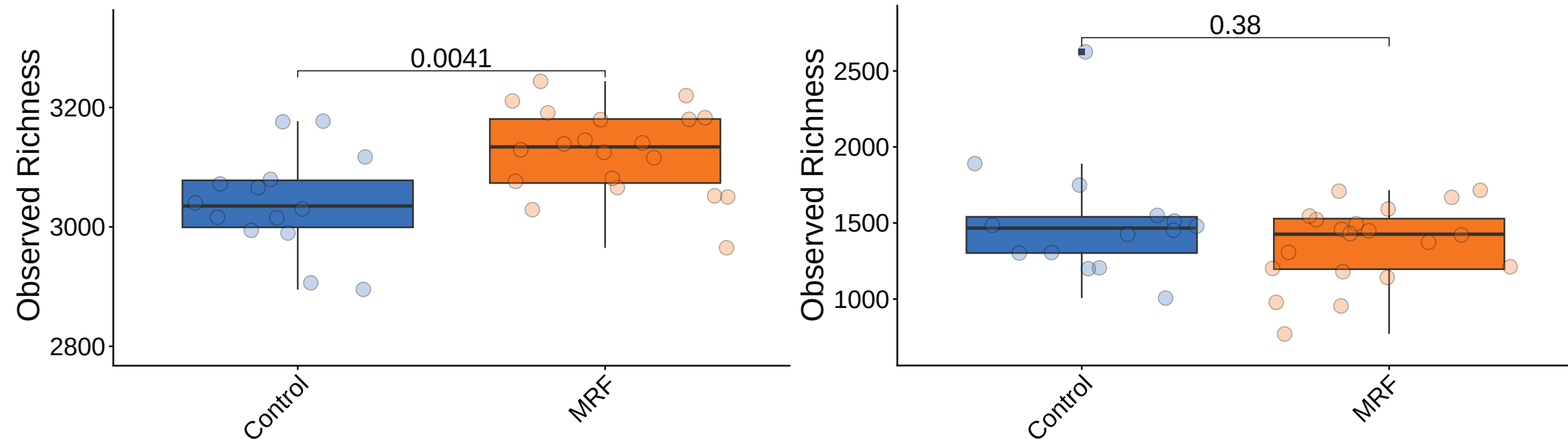


Figure 1 : Différences d'alpha-diversité chez les truies (gauche) et les porcelets (droite) selon la supplémentation en MRF pour les genres détectés

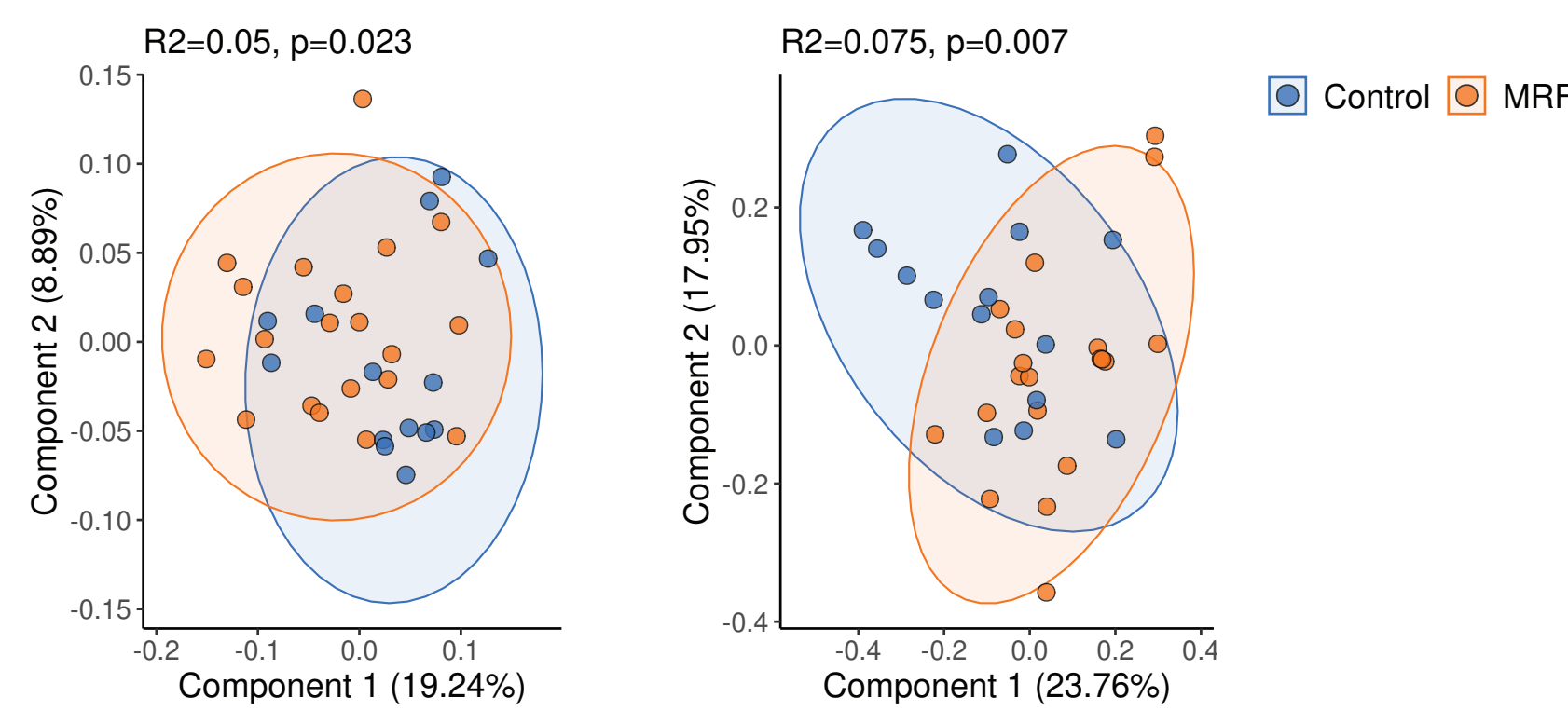


Figure 2 : Comparaisons de la bêta-diversité entre les truies (gauche) et les porcelets (gauche) selon le lot

Abondance du pathobionte

L'abondance relative de certains pathobiontes (taxons bactériens potentiellement pathogènes) était significativement plus faible ($P < 0.05$) chez les truies supplémentées en MRF au moment de la mise-bas, par rapport aux truies témoins.

	Median			Mean		SEM	
	Témoin	MRF	Valeur P	Témoin	MRF	Témoin	MRF
<i>Escherichia albertii</i>	-1,03	-2,56	0,01	-1,06	-2,33	0,401	0,292
<i>Escherichia coli</i>	-1,31	-2,15	< 0,001	-0,93	-2,08	0,294	0,161
<i>Escherichia marmotae</i>	2,12	0,51	0,04	-2,14	-7,88	2,519	2,391
<i>Enterococcus faecalis</i>	-0,51	-0,59	0,04	-0,46	-0,60	0,073	0,026
<i>Fusobacterium necrogenes</i>	3,27	2,90	< 0,001	3,58	2,91	0,314	0,058
<i>Klebsiella pneumoniae</i>	-0,61	-1,38	0,04	-0,66	-1,18	0,246	0,117
<i>Shigella flexneri</i>	-1,17	-2,47	0,05	-0,19	-0,93	0,278	0,158
<i>Proteus mirabilis</i>	-0,15	-1,12	0,01	-1,31	-2,32	0,363	0,254

Tableau 1 : Abondance des bactéries pathobiontes chez les truies à la mise bas recevant l'aliment témoin ou supplémenté en MRF

Conclusion :

La supplémentation des truies en MRF a montré plusieurs effets bénéfiques :

- Modulation du microbiome maternel : Augmentation de la diversité microbienne fécale et réduction des bactéries pathogènes potentielles chez les truies à la mise-bas.
- Impact sur la progéniture : Les porcelets issus de truies supplémentées présentaient des profils microbiens distincts, prouvant l'influence de l'alimentation maternelle.
- Ces résultats suggèrent que la supplémentation en MRF pourrait renforcer la résilience contre les agents pathogènes entériques, soutenir la santé porcine et la sécurité des aliments.

References

Szabó C, Kachungwa Lugata J, Ortega A : Gut Health and Influencing Factors in Pigs. Animals (Basel) 2023, 13
Anderson, M.J. (2001). A new method for non-parametric multivariate analysis of variance. Austral Ecology, 26: 32-46
Bray JR, Curtis JT. An ordination of the upland forest communities of southern Wisconsin. Ecol Monogr. 1957;27(4) : 325–49

