



HAL
open science

Influence d'une alimentation avec une teneur accrue en fibres sur le microbiote intestinal du porc en croissance

Vanille Déru, Alban Bouquet, Olivier Zemb, Benoit Blanchet, Céline Carillier-Jacquin, Hélène Gilbert

► **To cite this version:**

Vanille Déru, Alban Bouquet, Olivier Zemb, Benoit Blanchet, Céline Carillier-Jacquin, et al.. Influence d'une alimentation avec une teneur accrue en fibres sur le microbiote intestinal du porc en croissance. 53. Journées de la Recherche Porcine, Feb 2021, En ligne, France. Ifip, Journées de la Recherche Porcine, 53, pp.251-252, 2021, 53èmes journées de la Recherche Porcine. hal-03155453

HAL Id: hal-03155453

<https://hal.science/hal-03155453>

Submitted on 8 Mar 2021

HAL is a multi-disciplinary open access archive for the deposit and dissemination of scientific research documents, whether they are published or not. The documents may come from teaching and research institutions in France or abroad, or from public or private research centers.

L'archive ouverte pluridisciplinaire **HAL**, est destinée au dépôt et à la diffusion de documents scientifiques de niveau recherche, publiés ou non, émanant des établissements d'enseignement et de recherche français ou étrangers, des laboratoires publics ou privés.

Influence d'une alimentation avec une teneur accrue en fibres sur le microbiote intestinal du porc en croissance

Vanille DÉRU (1,2), Alban BOUQUET (3), Olivier ZEMB (1), Benoît BLANCHET (4), Céline CARILLIER-JACQUIN (1),
Hélène GILBERT (1)

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

(2) France Génétique Porc, 35651 Le Rheu Cedex, France

(3) IFIP-Institut du Porc, 35651 Le Rheu Cedex, France

(4) UE3P, INRAE, Domaine de la Prise, 35590, Saint-Gilles, France

vanille.deru@inrae.fr

Avec la collaboration technique de Laurent DANTEC, Elise GAUTEUR, Gildas MARTIN, Delphine REY et Loïc UDIN à la station de phénotypage du Rheu pour l'élevage des animaux, la réalisation des prélèvements et l'enregistrement des performances, et de Marie-Léa DE ALMEIDA et Laurent CAUQUIL à l'INRAE de Toulouse pour les analyses biochimiques du microbiote intestinal.

Influence of a diet with increased fiber content on the intestinal microbiota of growing pigs

This study compared the fecal microbiota of growing pigs fed a conventional diet (CO) or a diet with increased fiber content (F). For each animal, fecal microbiota were collected at sixteen weeks of age to sequence the V3-V4 region of the 16S RNA gene. Microbiota composition data were available for 752 Large White pigs fed the F diet and 812 full-siblings fed the CO diet, with a total of 14,366 identified Operational Taxonomic Units (OTUs) and 231 genera. Pigs fed the F diet had higher microbial diversity than pigs fed the CO diet according to the Shannon diversity index ($P < 0.001$). The genera *Lactobacillus* and *Streptococcus*, which belong to the *Firmicutes* phylum, were predominantly represented in the CO diet. *Lactobacillus* and *Prevotella 9*, which belong to the *Firmicutes* and *Bacteroidetes* phyla, respectively, were the genera predominantly represented in pigs fed the F diet. Differences in microbiota composition between diets were confirmed by an Adonis test ($P < 0.001$). The genera *Ruminococcus 1*, *Lachnospira* and *Lachnoclostridium 12* discriminated most the individuals fed the two diets. Characterizing the diversity of the microbiota within and between the two diets is an important first step before assessing the role of gut microbiota on the variability in feed efficiency traits in various dietary contexts.

INTRODUCTION

Les performances et la santé des animaux sont influencés par la composition du microbiote intestinal (Fouhse *et al.*, 2016). Réciproquement, des facteurs extérieurs à l'animal, tels que la composition de l'aliment, peuvent aussi modifier la composition du microbiote. Pour réduire le coût alimentaire et la compétition avec les autres usages des terres agricoles, il est envisagé de nourrir les porcs avec des quantités plus élevées de coproduits issus des industries agroalimentaires. Cependant, ces ingrédients ont souvent des teneurs accrues en fibres. L'objectif de cette étude était d'identifier les différences de composition du microbiote intestinal chez des porcs en croissance nourris avec un régime conventionnel (CO) et avec un régime dont la teneur en fibres est accrue (F).

1. MATERIEL ET METHODES

1.1. Animaux et régimes alimentaires

Le jeu de données comprend 1564 porcs mâles entiers de race Large White élevés à la station de phénotypage INRAE- France Génétique Porc du Rheu (UE3P, INRAE, 2018. Unité

Expérimentale Physiologie et Phénotypage des Porcs, France, doi : 10.15454/1.557241481185847E12). Des couples de pleins-frères issus de 171 pères ont été testés. Tous les porcelets ont reçu la même alimentation de 3 à 9 semaines d'âge, puis un individu a été nourri avec un aliment CO et son frère avec un aliment F jusqu'à leur départ à l'abattoir (115kg). L'aliment CO correspondait à l'aliment habituel bi-phase distribué à la station. La formulation de l'aliment F incluait des fibres solubles et des fibres insolubles. Les deux régimes différaient par leur teneur en énergie nette : 9,6 MJ/kg pour le régime CO et 8,2 MJ/kg pour le régime F, et par leur teneur en fibres insolubles dans les détergents neutres, respectivement 13,9% et 24,0% pour le régime CO et F (Déru *et al.*, 2020).

1.2. Analyses de la composition du microbiote intestinal

1.2.1. Collecte des échantillons et analyses biochimiques

Pour chaque animal, la composition du microbiote intestinal a été décrite à partir d'un échantillon de fèces collecté à 16 semaines d'âge, par le séquençage des régions variables V3 et V4 du gène de l'ARN 16S. Le fichier final, obtenu à partir du package R *dada2*, contient le nombre de séquences observées pour chaque échantillon. La taxonomie microbienne a été prédite selon la base de données SILVA 132. Au total, 14 366

unités taxonomiques opérationnelles (OTUs) ont été identifiées, appartenant à 231 genres différents. Les données ont été raréfiées à un seuil de 10 000 séquences avec le package R *Phyloseq*.

1.2.2. Analyses statistiques

Toutes les analyses ont été réalisées à l'échelle du genre bactérien pour faciliter l'interprétation biologique. Les abondances ont été comparées entre régimes grâce à un test de Kruskal-Wallis sous R après transformation logarithmique.

Pour comparer la diversité des genres bactériens au sein et entre les échantillons, l'indice de diversité de Shannon ainsi que la matrice de dissimilarité de Bray-Curtis ont été calculés à partir des données de comptage des genres raréfiées en utilisant le package R *vegan*. Le package R *ape* a été utilisé pour tester l'effet du régime sur la matrice de distance de Bray-Curtis grâce à une analyse des variances par permutation (test ADONIS). Pour évaluer la capacité à discriminer les porcs nourris avec les deux régimes à l'aide des données de genres microbiens, une analyse discriminante en composantes principales (DAPC) a été réalisée avec le package R *adegenet*.

2. RESULTATS ET DISCUSSION

L'indice de Shannon était supérieur avec le régime F par rapport au régime CO (moyenne \pm écart-type : $3,14 \pm 0,23$ vs $3,06 \pm 0,26$, $P < 0,001$ pour le test de Kruskal-Wallis). La diversité microbienne était donc plus importante avec le régime F.

Sur les 231 genres bactériens présents chez les 1564 individus de l'étude, 130 avaient des abondances différentes entre régimes ($P < 0,05$). Les deux genres les plus abondants chez les animaux nourris avec le régime CO étaient *Lactobacillus* et *Streptococcus*. Dans le régime F, *Lactobacillus* et *Prevotella 9* étaient les genres les plus observés. Il n'y avait pas de différence d'abondances entre les régimes pour *Lactobacillus* et *Prevotella 9* ($P > 0,08$). En revanche, le genre *Streptococcus* était plus abondant chez les animaux nourris avec le régime CO ($P < 0,001$). Les genres observés dans les deux régimes sont cohérents avec ceux déjà observés dans la littérature chez des porcs de races et d'âges divers (Estellé *et al.*, 2016 ; Niu *et al.*, 2015). Le régime avait un effet significatif sur la matrice de distance de Bray-Curtis ($P < 0,001$), confirmant une différence de composition du microbiote intestinal en lien avec le régime.

La DAPC a permis d'identifier les genres qui discriminent le mieux le microbiote intestinal en fonction du régime alimentaire (Figure 1, $P < 0,001$). Les trois genres qui participaient le plus à la séparation des animaux nourris avec les deux régimes (Figure 1) sont *Ruminococcus 1*, *Lachnospira* et *Lachnoclostridium 12*, qui contribuent, respectivement, aux

composantes principales de la DAPC à hauteur de 6,68%, 6,52% et 6,14%. Ces trois genres avaient une abondance supérieure dans le régime F ($P < 0,001$). Dans la littérature, une plus forte abondance du genre *Ruminococcus 1* a été mise en évidence dans un régime avec une teneur accrue en blé plutôt qu'en maïs (Zhao *et al.*, 2018), ce qui est cohérent avec nos observations. En présence de coques de soja dans l'alimentation, les genres *Ruminococcus 1* et *Lachnoclostridium* sont plus abondants (Zhao *et al.*, 2019). Dans notre étude les régimes CO et F contiennent, respectivement, 0 et 8% de coques de soja, nos résultats semblent donc cohérents avec ceux trouvés dans la littérature.

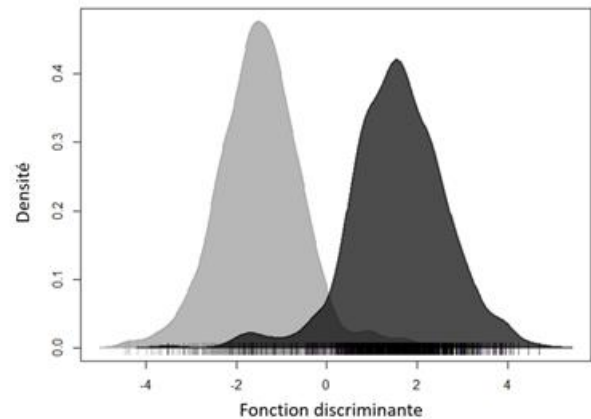


Figure 1 - Densité de la fonction discriminante basée sur les genres microbiens pour les animaux nourris avec un régime conventionnel (gris clair) et un régime dont la teneur est accrue en fibres (gris foncé)

3. CONCLUSION

Les porcs nourris avec un régime F ont une diversité microbienne plus importante et la composition du microbiote des individus est différente entre les deux régimes. La caractérisation du microbiote en fonction des régimes est une première étape pour évaluer son rôle dans la variabilité des caractères d'efficacité alimentaire dans un contexte de diversification des ressources alimentaires.

REMERCIEMENTS

Les entreprises de sélection Axiom et Nucléus ont fourni les animaux et co-financent la thèse de V Déru via France Génétique Porc. Ce projet a également été financé par l'ANR MicroFeed (ANR-16-CE20-0003) et par l'Union Européenne (Horizon 2020, contrat n°6333531 Feed-a-Gene).

REFERENCES BIBLIOGRAPHIQUES

- Déru V., Bouquet A., Hassenfratz C., Blanchet B., Carillier-Jacquín C., Gilbert H., 2020. Impact of a high-fibre diet on genetic parameters of production traits in growing pigs. *Animal*, 14, 2236-2245.
- Estellé J., Larzul C., Mach N., Levenez F., Ramayo-Caldas Y., Meurens F., Mercat M.J., Lemonnier G., Denis C., Billon Y. Oswald I., Dore J., Berri M., Le Page P., Rogel-Gaillard C., 2016. Microbiote intestinal chez le porc : paramètres génétiques de sa composition et liens avec des caractères immunitaires. *Journées Rech. Porcine*, 48, 267-272.
- Fouhse J.M., Zijlstra R.T., Willing B.P., 2016. The role of gut microbiota in the health and disease of pigs. *Animal Frontiers*, 6, 30-36.
- Niu Q., Li P., Hao S., Zhang Y., Kim S. W., Li H., Ma X., Gao S., He L., Wu W., Huang X., Hua J., Zhou B., Huang R., 2015. Dynamic distribution of the gut microbiota and the relationship with apparent crude fiber digestibility and growth stages in pigs. *Sci. Rep.*, 5, 9938.
- Zhao J.B., Huang C.F., Li E.K., Zhang G., Liu L., Liu P., Zhang S., 2018. Effect of wheat bran on apparent total tract digestibility, growth performance, fecal microbiota and their metabolites in growing pigs. *Anim. Feed Sci. Technol.*, 239, 14-26.
- Zhao J., Bai Y., Tao S., Zhang G., Wang J., Liu L., Zhang S., 2019. Fiber-Rich Foods Affected Gut Bacterial Community and Short-Chain Fatty Acids Production in Pig Model. *J. Funct. Foods*, 57, 266-274.