

Effet de l'acide benzoïque protégé sur le profil microbien fécal des porcelets sevrés comme alternative à l'oxyde de zinc

Roberto BAREA¹, Mireille HUARD¹, Marisol CASTILLO¹, Antonio PALOMO YAGÜE², Federico CORREA³, Paolo TREVISI³

¹ Novus Europe NV, Leuvensesteenweg 643 Box 15, 1930 Zaventem, Belgique

² Université Complutense de Madrid, Avda. Puerta de Hierro s/n., 28040 Madrid, Espagne

³ Department of Agricultural and Food Sciences, University of Bologna, 40127 Bologna, Italie

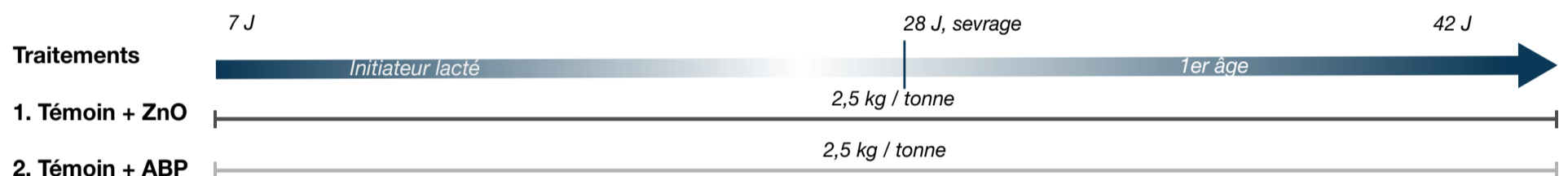
roberto.barea@novusint.com

Introduction

Les acides organiques ont de multiples effets bénéfiques sur les performances de croissance des porcs, bien que le facteur limitant de leur effet antibactérien soit la nécessité d'être libérés dans l'intestin. La technologie de protection dans une matrice de lipides hydrogénés, est utilisée pour augmenter la stabilité et contrôler la libération de composés actifs dans l'intestin des animaux (Bosi et al., 2007). L'objectif de ce travail était d'étudier l'effet d'un acide benzoïque protégé (ABP, PROVENIA™, Novus International, Inc., St. Charles, États-Unis) sur le profil microbien fécal des porcelets en remplacement du ZnO à dose pharmacologique.

Matériel et méthodes

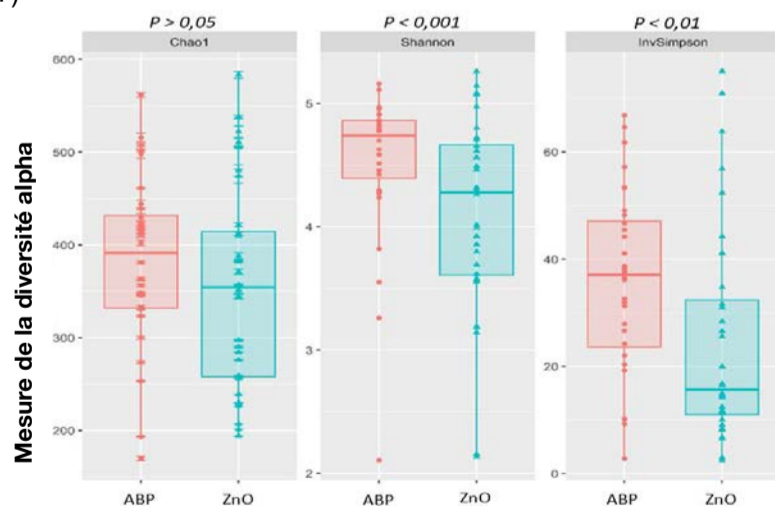
- N = 2.610 porcelets (4 élevages commerciaux) ont été distribués dans l'un des traitements suivants.



- 64 échantillons fécaux (16 blocs/élevage, 8 par traitement) pour l'analyse phylogénique du profil microbien par méthodes métagénomiques.
- Les régions V3-V4 du gène de l'ARNr 16S (460 pb) étaient amplifiées selon la méthode de Takahashi et al. (2014) et séquencées à l'aide de la plateforme Illumina MiSeq 300x2 pb (Illumina Inc., San Diego, États-Unis).
- Pour la diversité alpha, les indices de Chao1, Shannon et InvSimpson ont été calculés. Les différences de composition taxonomique ont été testées selon le test de Kruskal-Wallis et les valeurs P ont été ajustées à l'aide de la méthode du taux de fausses découvertes ou False Discovery Rate (FDR). Une probabilité de P ou FDR < 0,05 est considérée comme statistiquement significative.

Resultats et discussion

Diagramme en boîte de la diversité alpha - ABP a montré une diversité microbienne plus élevée pour les indices de Shannon et de Simpson. Une plus grande diversité est considérée comme le marqueur d'un microbiote plus équilibré, plus résilient et plus mature (Yang et al., 2017)



Abondance relative (%) des fèces - Une abondance accrue de *Fibrobacter* et de *Ruminococcus* a été positivement associée à l'efficacité alimentaire et à de meilleures performances de croissance, ainsi qu'à une amélioration de la fermentation des polysaccharides alimentaires et de la production d'acides gras à chaîne courte, qui sont connus pour exercer une action bénéfique pour l'hôte (Yang et al., 2017)

Taxa	ZnO	ABP	FDR ¹
<i>Ruminococcus</i>	2,04	4,34	0,02
<i>Solobacterium</i>	0,10	0,32	0,04
<i>Selenomonas</i>	0,15	0,44	0,01
<i>Fusicatenibacter</i>	0,02	0,07	0,01
<i>Oribacterium</i>	0,01	0,07	0,01
<i>Marvinbryantia</i>	0,01	0,05	0,04
<i>Catenisphaera</i>	0,02	0,06	0,03
<i>Fibrobacter</i>	0,01	0,05	0,04

¹FDR : False Discovery Rate ou taux de fausses découvertes.

Conclusion

La supplémentation en acide benzoïque protégé pourrait influencer positivement le profil microbien des porcelets sevrés par rapport à une dose pharmacologique de ZnO en augmentant la diversité alpha et la prolifération de taxons bactériens comme *Ruminococcus* et *Fibrobacter*, impliqués dans l'utilisation des fibres et l'efficacité alimentaire. Cette découverte associée à l'amélioration observée des performances de croissance et à la réduction de l'incidence de la diarrhée (Barea et al., 2020) fournit un excellent outil nutritionnel pour le remplacement du ZnO.

References bibliographiques

- Barea R., Castillo M., Morales J., Palomo-Yagüe A., 2020. Journées Rech. Porcine, 52, 170-171
- Bosi P., Sarli G., Casini L., De Filippi S., Trevisi P., Mazzoni M., Meriardi G., 2007. Anim. Feed Sci. Technol., 139, 170-185
- Takahashi S., Tomita J., Nishioka K., Hisada T., Nishijima M., 2014. PLoS One 9, e105592
- Yang H., Huang X., Fang S., He M., Zhao Y., Wu Z., Yang M., Zhang Z., Chen C., Huang L., 2017. Front. Microbiol., 8, 1555.