

CONTEXTE

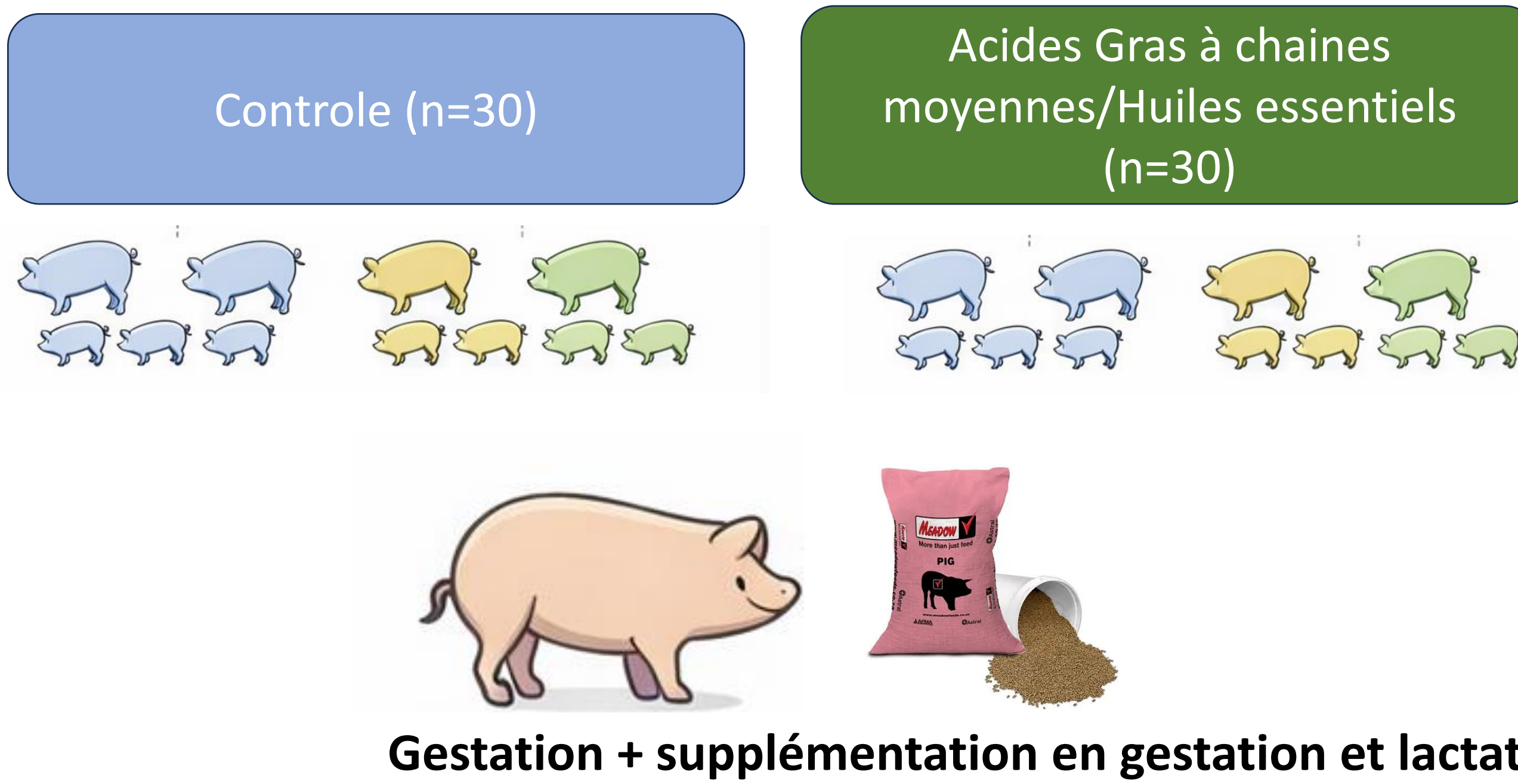
- Le microbiote des truies évolue durant la gestation et la mise-bas et peut être modulé par l'alimentation.
- Cette modulation influence la transmission verticale du microbiote vers les porcelets à la naissance.
- La colonisation microbienne précoce joue un rôle clé dans la maturation immunitaire, le développement intestinal et les performances de croissance.
- Ainsi, l'alimentation maternelle représente un levier stratégique pour orienter précocement le microbiote et la santé des porcelets.

IMPACT DE LA RECHERCHE POUR LE SECTEUR PORCIN

- Augmentation la rentabilité des élevages par plus de porcelets sevrés et une meilleure croissance.
- Amélioration de la durabilité des élevages grâce à des pratiques de gestion du microbiote plus responsables et respectueuses de l'écosystème.

APPROCHE DE RECHERCHE

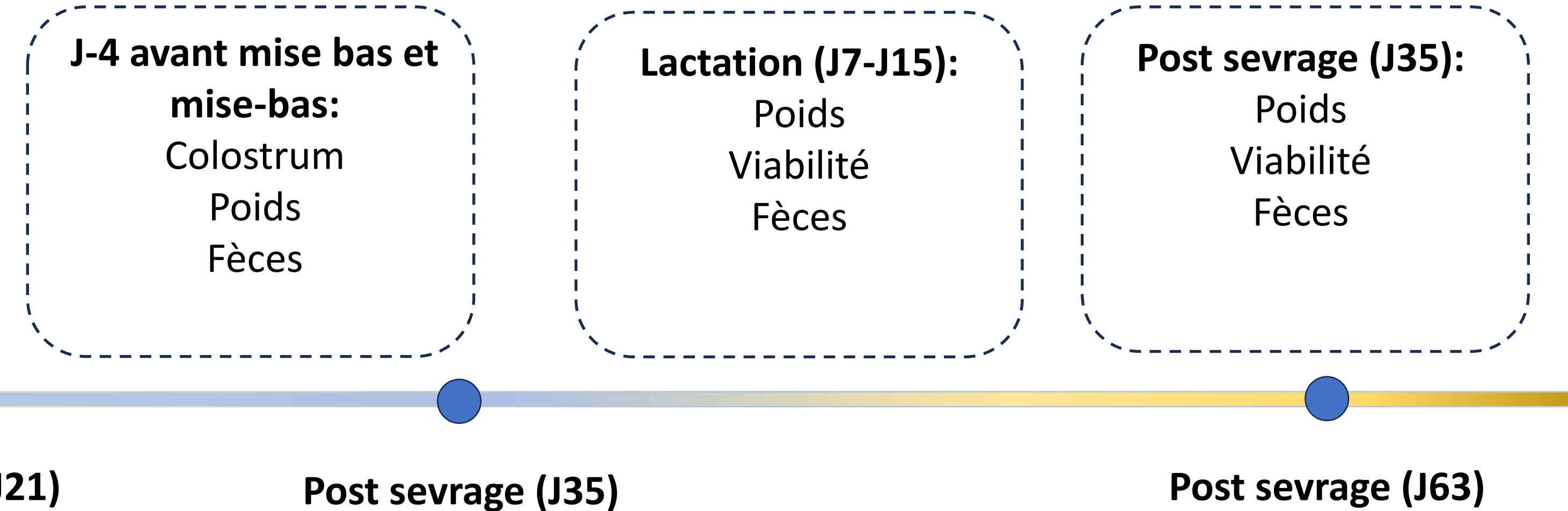
A. Organisation des portées et traitement



B. Déroulement de l'étude

Acides Gras à chaînes moyennes/Huiles essentiels (MCFA/EO) : Le groupe MCFA/EO comprend l'acide caproïque (C6:0, acide hexanoïque), l'acide caprylique (C8:0, acide octanoïque), l'acide caprique (C10:0, acide décanoïque) et l'acide laurique (C12:0, acide dodécanoïque), Huile essentielle (carvacrol/thymol, α -pinène et cinnamaldéhyde).

Échantillonnage



RÉSULTS

Fig. 1. α -diversité chez les porcelets et les truies au fil du temps selon deux traitements: indice OTUs observé et l'indice de Shannon.

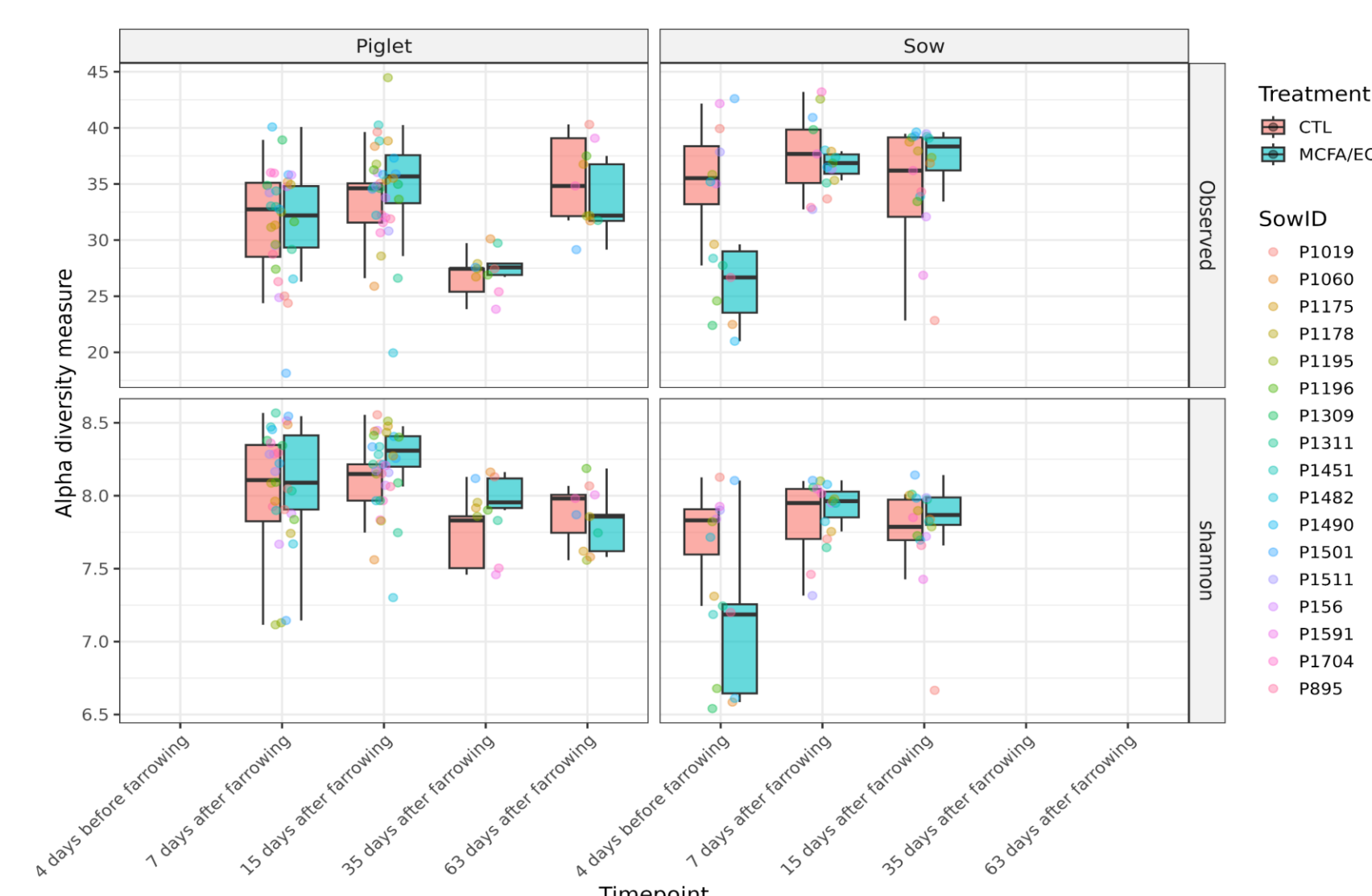


Tableau 1. Analyse ANOVA du jour selon les porcelets et truies et les traitements.

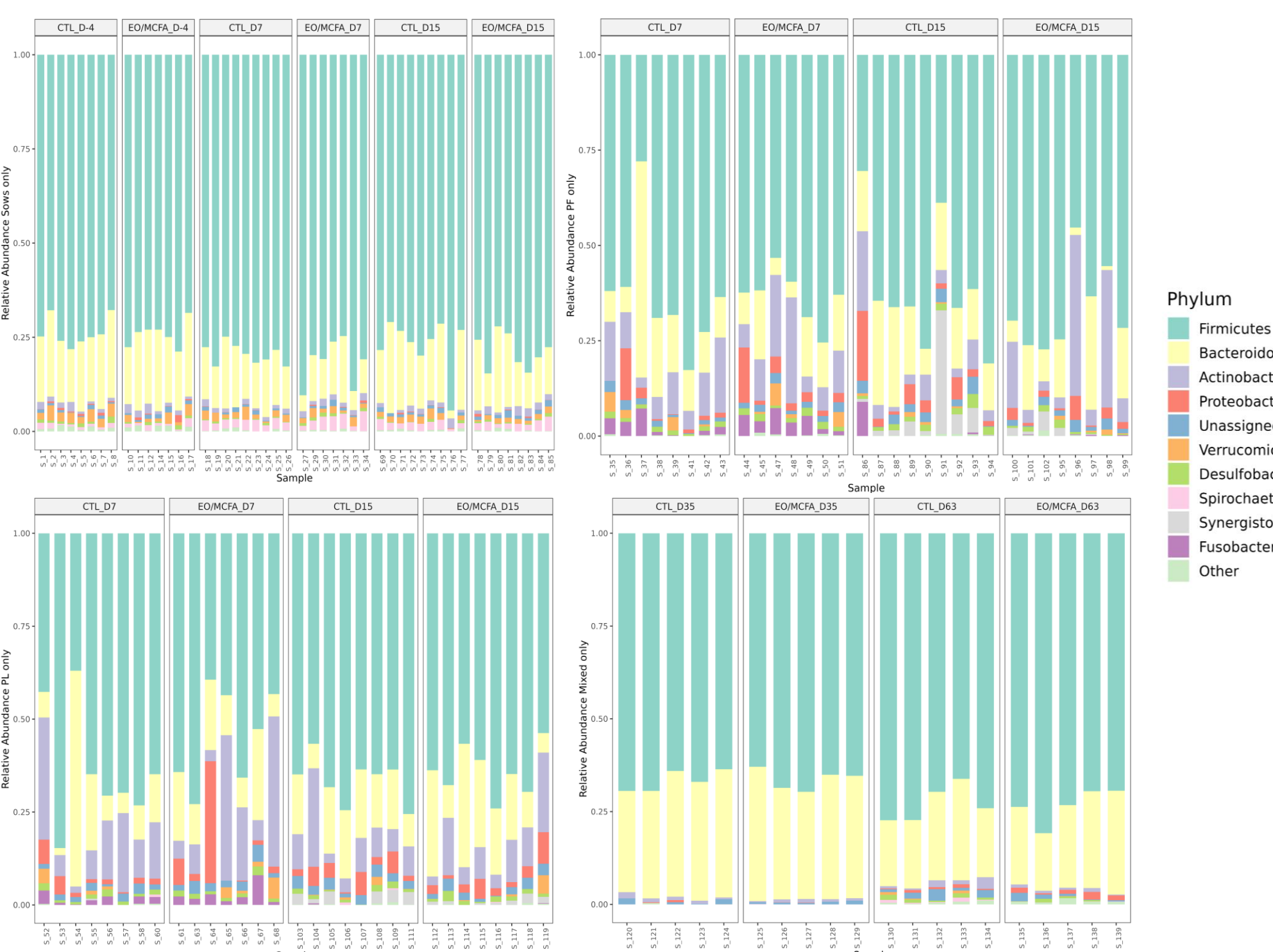
Dataset	Fixed effect	Random effect	Mean	p-value
Piglets $\times$ CTL treatment	Day	<u>SowID</u>	0.17758	0.2229
Piglets $\times$ MCFA/EO treatment	Day	<u>SowID</u>	0.25049	0.04609*
Piglets	Day	<u>SowID</u>	0.37526	0.01844*
Sows	Day	<u>SowID</u>	1.0191	0.003918**
Sows $\times$ CTL treatment	Day	<u>SowID</u>	0.10975	0.523
Sows $\times$ MCFA/EO treatment	Day	<u>SowID</u>	1.4412	0.000347***

Significance levels was determined as follows: $p < 0.05^*$, $p < 0.01^{**}$, and $p < 0.001^{***}$.

- Ces résultats indiquent que la diversité alpha est influencée par le temps et par des dynamiques temporelles dépendantes du traitement.

- Une variation longitudinale a été principalement observée dans le groupe MCFA/EO, tant chez les porcelets que chez les truies, tandis que le groupe CTL s'est caractérisé par une stabilité temporelle.

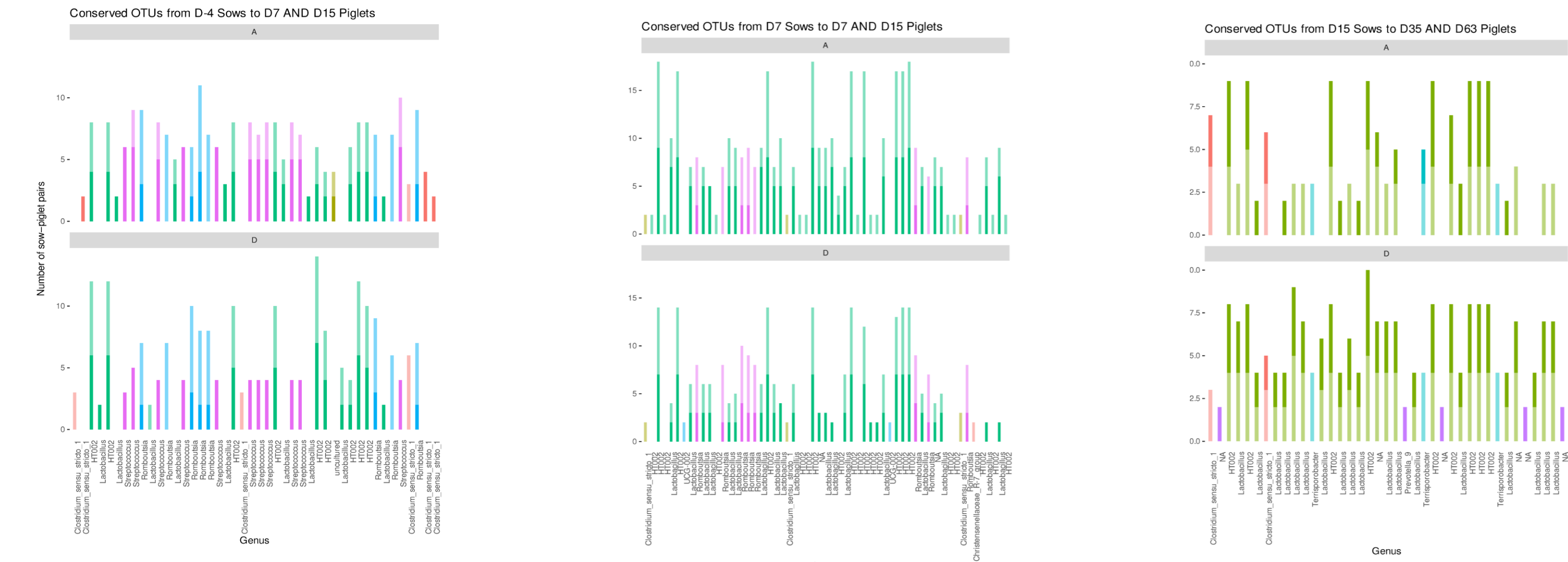
Fig. 2. Abondance microbienne au niveau des phylums dans les différents groupes expérimentaux et à différents intervalles de temps. Les graphiques à barres illustrent l'abondance relative des phylums bactériens dominants.



- Le régime MCFA/EO est associé à des taux de *Firmicutes* significativement plus élevés, en particulier aux premiers stades (jours 7 et 15 de lactation) chez les porcelets, tandis que le régime CTL favorise des proportions relativement plus élevées de *Bacteroidota* et d'*Actinobacteriota*.

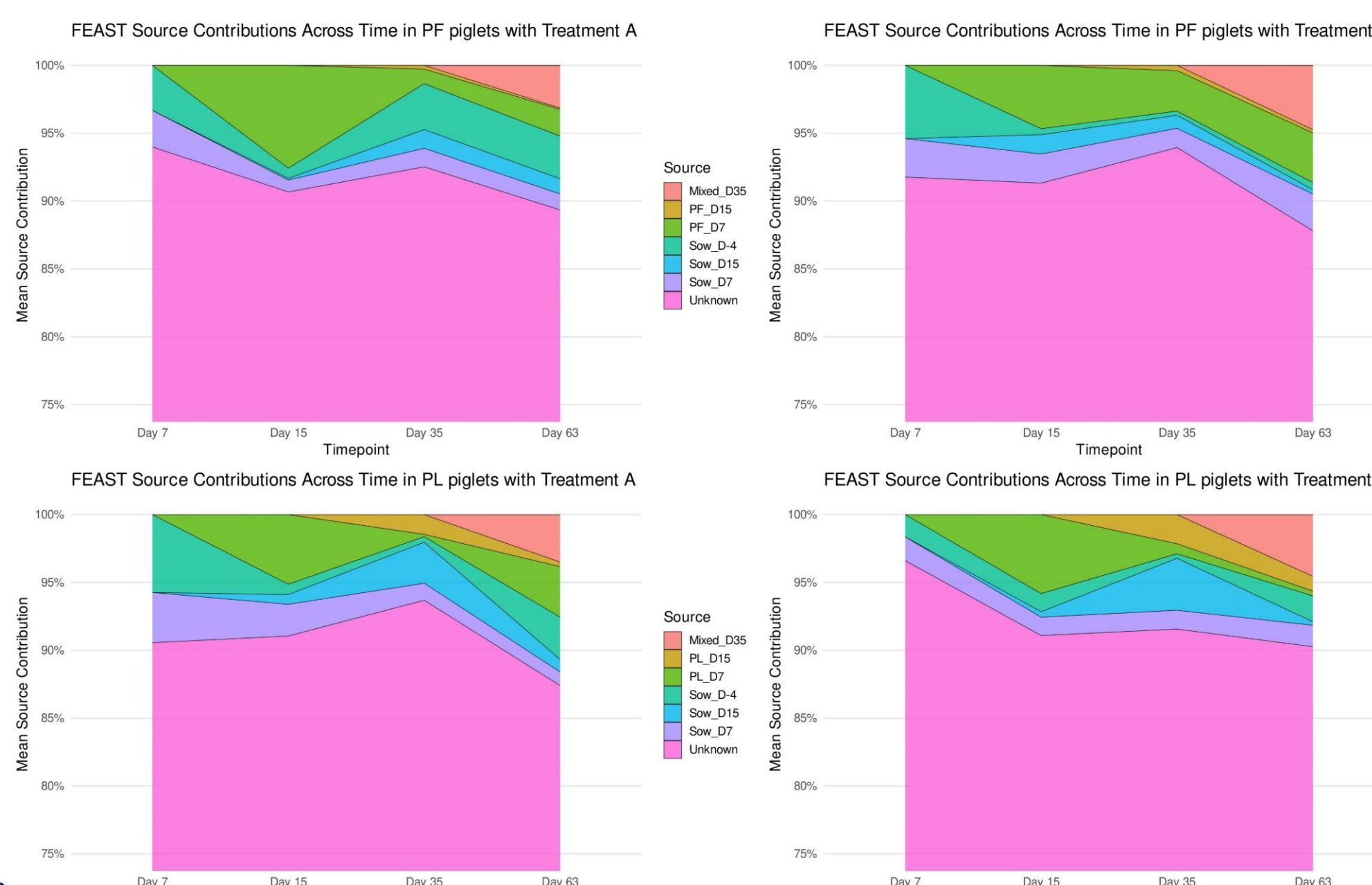
- L'effet du régime alimentaire semble être plus marqué chez les porcelets que chez les truies adultes, ce qui suggère une interaction possible entre la maturation du microbiote intestinal et la modulation nutritionnelle

Fig 3. Fréquence des OTU transmises verticalement des truies aux porcelets au fil du temps et en fonction du traitement.

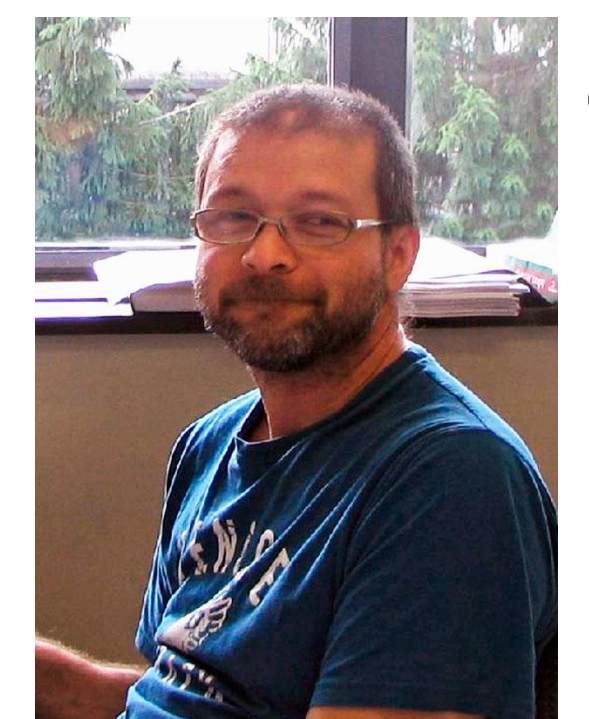


- Les OTU transférées précocement sont dominées par des anaérobies fermentaires (*Lachnospiraceae* et *Clostridiaceae*) ainsi que par des bactéries lactiques (*Lactobacillaceae*), tandis que leur maintien à long terme est principalement assuré par une population relativement stable comprenant des *Lactobacillaceae* et des *Peptostreptococcaceae*.
- Le traitement CTL a systématiquement favorisé un nombre plus élevé d'OTU transférées et une persistance accrue au fil du temps (augmentation de 20 à 40 % selon le stade).
- Le traitement MCFA/EO a été associé à un déclin plus rapide de la diversité maternelle et à une diversification environnementale plus précoce.
- Le traitement module non seulement l'ampleur initiale de la transmission microbienne verticale, mais affecte également la stabilité écologique et la dynamique concurrentielle du développement de la communauté microbienne.

Fig. 4. L'analyse FEAST mettant en évidence les contributions estimées des différentes sources à la composition du microbiote des porcelets au fil du temps.



- Si des sources environnementales inconnues restent les principaux contributeurs au microbiote intestinal des porcelets, les régimes alimentaires utilisés semblent influencer l'importance relative des réservoirs microbiens d'origine maternelle et de l'hôte.
- Le MCFA/EO a été associé à une augmentation modérée des apports microbiens d'origine maternelle et à une plus grande persistance dans le temps du microbiote précoce des porcelets.
- Le MCFA/EO pourrait potentiellement moduler la dynamique de transmission microbienne ainsi que la constitution du microbiome au début de la vie.



Guay, Frédéric Ph.D.

