

Transfert du microbiote de la truie vers les porcelets: supplémentation de la truie en composés antimicrobiens

OMAR FLISS¹, LUCA LO VERSO¹, ANTONY T. VINCENT¹, GUYLAINE TALBOT², FRÉDÉRIC GUAY¹

¹Département des sciences animales, Université Laval, Québec, QC, Canada

²Centre de recherche et de développement de Sherbrooke, AAC, Sherbrooke, QC, Canada

Courriel: Omar.Fliss.1@ulaval.ca

Mots clés : microbiote intestinal, séquençage 16S rRNA, modulation nutritionnelle, analyse différentielle.

Introduction : Le microbiote intestinal des truies subit des modifications dynamiques au cours de la gestation et de la lactation, reflétant des ajustements hormonaux, métaboliques et immunologiques liés à ces stades physiologiques (Zang et al. 2023). Cette communauté microbienne maternelle constitue la source principale de colonisation pour les porcelets dès la naissance, via le canal génital, le lait maternel et l'environnement immédiat. La transmission verticale des micro-organismes influence fortement la diversité, la stabilité et la fonctionnalité du microbiote néonatal, jouant un rôle clé dans l'établissement d'écosystèmes microbiens équilibrés et résilients. Les populations microbiennes initiales interviennent dans la maturation du système immunitaire, le développement et la fonctionnalité de la barrière intestinale, ainsi que dans la digestion et la production de métabolites bénéfiques, avec des conséquences directes sur la croissance, la santé et les performances zootechniques des porcelets.

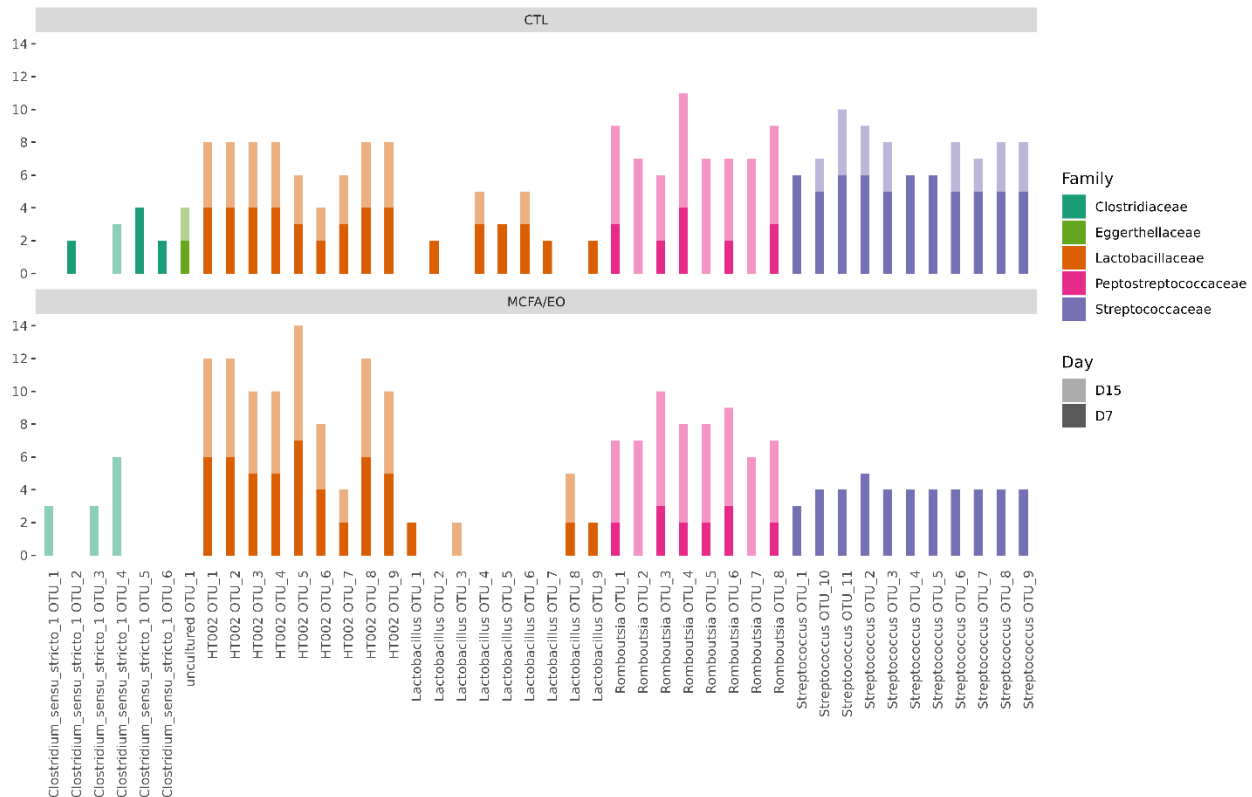
L'alimentation maternelle apparaît ainsi comme un levier stratégique pour moduler précocement la composition microbienne et améliorer la santé des porcelets (Tancredi et al. 2025). Des stratégies nutritionnelles ciblées, incluant l'ajout d'huiles essentielles et des acides gras à chaîne courte, pourraient de façon synergique renforcer le microbiote maternel. Les huiles essentielles exercent des effets antimicrobiens sélectifs, limitant la prolifération de bactéries pathogènes tout en favorisant les populations probiotiques, et possèdent des propriétés anti-inflammatoires qui contribuent à un environnement intestinal sain (Omonijo et al. 2018). Cette modulation du microbiote maternel pourrait promouvoir une colonisation néonatale plus stable et diversifiée, accélérer la maturation du système immunitaire, renforcer l'intégrité de la barrière intestinale et accroître la résilience des porcelets face aux stress environnementaux et aux infections. En combinant les huiles essentielles et les acides gras à chaîne courte, il est possible de concevoir une approche nutritionnelle intégrée, visant à améliorer durablement la santé intestinale, la croissance et les performances zootechniques des porcelets dès les premiers jours de vie.

Méthodologie : Une étude expérimentale a été menée afin d'évaluer l'effet d'un régime alimentaire maternel enrichi en acides gras à chaîne moyenne (MCFA) et en huiles essentielles (EO) sur la modulation du microbiote intestinal des porcelets. Deux groupes ont été comparés : un groupe contrôle (CTL) et un groupe supplémenté (MCFA/EO). Une approche moléculaire basée sur le séquençage du gène 16S rRNA a été utilisée pour caractériser la composition du microbiote intestinal des truies et des porcelets à différents temps d'échantillonnage. Les données de séquençage ont été traitées et analysées à l'aide de la plateforme bio-informatique QIIME2, permettant l'assignation taxonomique et l'analyse de la diversité microbienne. Les analyses statistiques différentielles ont été réalisées à l'aide de l'approche LinDA afin d'identifier les taxons significativement modulés par le traitement alimentaire (Zhou et al. 2022). Par ailleurs, la contribution des sources microbiennes maternelles à la colonisation du microbiote des porcelets a été estimée par l'algorithme FEAST (Fast Expectation-Maximization for microbial source tracking), permettant de quantifier la transmission verticale des OTUs (Operational Taxonomic Unit) (Shenhav et al. 2019).

Résultats : Les résultats montrent que la transmission verticale du microbiote est modulée de manière significative par le régime alimentaire des truies. Une variation temporelle de la fréquence des OTUs transmises a été observée au cours des premières semaines de vie des porcelets, révélant des différences nettes entre le groupe CTL et les truies recevant le régime enrichi en MCFA/EO. Plus spécifiquement, le régime enrichi semble favoriser la transmission sélective de certains groupes microbiens potentiellement bénéfiques, notamment des bactéries impliquées dans la

production d'acides gras à courte chaîne, dans la maturation immunitaire et dans le maintien de l'intégrité de la barrière intestinale (Figure 1). Ces modifications suggèrent que l'alimentation maternelle n'influence pas seulement la diversité globale du microbiote néonatal, mais aussi la composition fonctionnelle des populations transmises, orientant ainsi la structuration précoce de l'écosystème intestinal des porcelets.

Figure 1. Trajectoire des OTUs maternels vers le microbiote néonatal des porcelets (J7 et J15).



Cette modulation a des implications importantes pour le développement postnatal : un microbiote plus équilibré et enrichi en populations bénéfiques peut améliorer la digestion et renforcer la résistance aux pathogènes, contribuant à une croissance et une santé optimale. Ces observations soulignent que des interventions nutritionnelles ciblées chez la truie peuvent agir comme un levier stratégique pour façonner précocement le microbiote néonatal, offrant ainsi un potentiel pour optimiser les performances zootechniques et la résilience des porcelets face aux stress environnementaux ou aux infections.

Conclusions : Cette étude met en évidence le rôle clé de la nutrition maternelle dans la programmation du microbiome néonatal. L'utilisation de suppléments tels que les MCFA et les EO constitue une approche prometteuse pour orienter la colonisation microbienne précoce, améliorer la santé intestinale et optimiser les performances de croissance des porcelets. Ces stratégies pourraient contribuer à une production porcine plus durable et à une réduction de l'usage des antimicrobiens.

Références:

- Omonijo, F. A., L. Ni, J. Gong, Q. Wang, L. Lahaye and C. Yang (2018). "Essential oils as alternatives to antibiotics in swine production." *Animal Nutrition* 4(2): 126-136.
- Shenhav, L., M. Thompson, T. A. Joseph, L. Briscoe, O. Furman, D. Bogumil, I. Mizrahi, I. Pe'er and E. Halperin (2019). "FEAST: fast expectation-maximization for microbial source tracking." *Nature Methods* 16(7): 627-632.
- Tancredi, A., T. Matthijs, E. Cox, F. Van Immerseel and E. Goossens (2025). "From mother to piglet: the lasting influence of the maternal microbiome." *Animal Microbiome* 7(1): 52.
- Zang, X., W. Wang, S. Gu, T. Gu, H. Yang, E. Zheng, Z. Xu, S. Huang, Z. Li, G. Cai, L. Hong and Z. Wu (2023). "Interaction between Microbes and Host in Sow Vaginas in Early Pregnancy." *mSystems* 8(2): e0119222.

Zhou, H., K. He, J. Chen and X. Zhang (2022). "LinDA: linear models for differential abundance analysis of microbiome compositional data." Genome Biology **23**(1): 95.