

Cyrille Ngassam, Pascal Leroy, Bernard Taminiau et Georges Daube

1. Service de biostatistique, bioinformatique, économie et sélection animale. Département des productions animales, FMV, ULG.
2. Laboratoire des denrées alimentaires d'origines animales, Département des Sciences des Denrées alimentaires, FMV, ULG.

## Introduction

Le processus de sevrage est probablement l'évènement le plus marquant dans la vie des porcelets pouvant conduire à des graves conséquences sur le plan clinique. Les variations du niveau d'alimentation pendant la période de sevrage peuvent affecter la composition de la flore intestinale. Une analyse métagénomique de la flore pendant la période de sevrage est donc essentielle à la compréhension du processus de colonisation des bactéries du tractus gastro-intestinal.

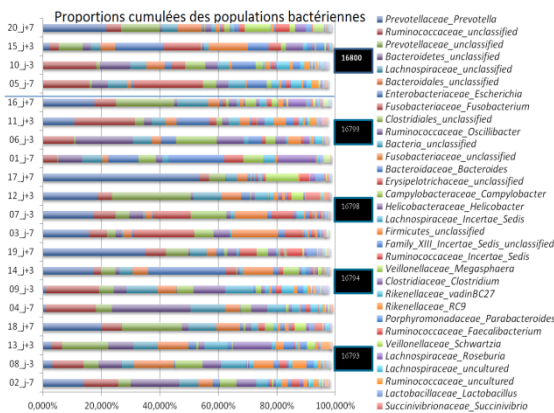
## Schéma général des analyses

- Au total, 20 échantillons de matière fécale ont été prélevés chez 5 porcelets: 4 échantillons par porcelet respectivement à J-7 et J-3 avant le sevrage puis à J+3 et J+7 après le sevrage.
- Stabilisation et Extraction des ADN génomiques des bactéries présentes dans les échantillons.
- Génération des bibliothèques et un pyroséquençage ciblant la région V1-V3 de l'ARNr 16S. (appareil Roche GS-Junior).
- Les séquences ont été soumises à une analyse bioinformatique impliquant le package MOTHUR pour aboutir à une assignation taxonomique la plus précise, suivi de BLAST pour l'identification à l'espèce.

## Objectifs

- Evaluation qualitative des bactéries de la flore intestinale des porcelets pendant la période autour du sevrage.
- Mieux comprendre la colonisation du tractus intestinal des porcelets sevrés par des germes pathogènes afin de les prémunir contre l'apparition de certaines maladies favorisées le sevrage.

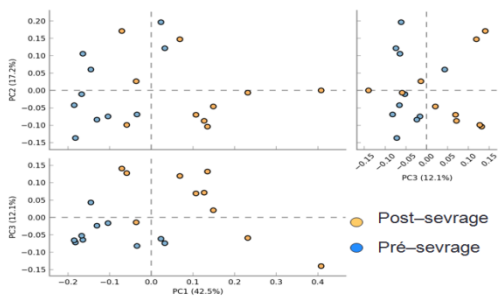
## Résultats



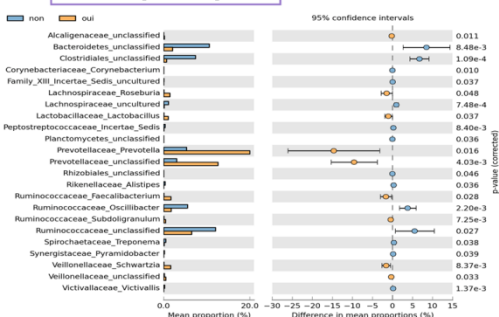
Les graphes expriment les proportions cumulées des populations bactériennes dans l'échantillon. L'identité taxonomique est par défaut «genre espèce» ou «genre sp.». Si l'identification ne peut attribuer un genre, la mention «unclassified» est indiquée. L'analyse des populations bactériennes identifiées dans les échantillons montre certaines modifications au sein de celle-ci selon que l'on passe du pré-sevrage au post-sevrage.

- Avant le sevrage (J-7 et J-3), on a noté pour la plupart des porcelets, des populations bactériennes dominées par *Fusobacterium* spp, des *Bacteroidetes* et parfois des *Ruminococcaceae*. Après le sevrage (J+3 et J+7), les populations bactériennes chez la plupart des porcelets ont été dominées par *Escherichia* sp. et *Prevotella* sp.
- L'analyse en composante principale (STAMP), nous a permis de constater que la composante sevrage influençait dans une certaine mesure (environ 17, 2 %) la population bactérienne.
- Il a été aussi constaté que certains groupes bactériens tels que *Bacteroidetes*, *Clostridiales*, *Ruminococcaceae* et *Oscillibacter* sp. montrent une population qui diminue avec le sevrage dans des proportions comprises entre 5 et 15 %. Tandis que d'autres, telles que *Prevotella* et *Prevotellaceae* sont augmentés après le sevrage dans une proportion variante entre 5 et 25 %.
- Il a été noté que la composante jour (J-7, J-3, J+3 et J+7) influence aussi la population bactérienne tandis que la composante porcelet n'a pas d'influence sur celle-ci.

Analyse en composante principale - Sevrage



Extended bar plot - Sevrage ou non



## Conclusion

- L'analyse métagénomique a permis d'établir la biodiversité de la microflore intestinale des porcelets et d'évaluer les modifications qu'elle subit au sevrage.
- Le sevrage entraîne d'importantes fluctuations de la population totale des bactéries de la flore intestinale dès les premiers jours suivi d'une reprise de l'équilibre quelques jours après.
- Le stress et la colonisation par certaines bactéries tels que *Escherichia* sp., pourront entraîner des diarrhées persistantes et des cas de mortalités importantes (si dues à *Escherichia coli* toxigènes).