

Caractérisation de l'écologie microbienne de la chaîne de valeur de porcs élevés avec et sans antibiotiques en post-sevrage

Alex-An Gilbert

Maîtrise

Université Laval

Faculté des sciences de l'agriculture et de l'alimentation

Directrice : Linda Saucier

Co-directeur : Antony T. Vincent

Le sevrage est une période critique pour les porcelets, car le stress qu'il provoque les rend plus susceptibles aux infections. Pour cette raison, des antibiotiques sont souvent administrés en prévention via l'alimentation en pouponnière. Toutefois, le développement d'antibiorésistances dû à leur utilisation constitue un enjeu en santé publique et met de la pression sur l'industrie porcine pour réduire leur utilisation. Au début des années 2000, des pays, tels que le Danemark, ont effectué un retrait radical des antibiotiques donnés en prophylaxie provoquant l'augmentation de leur usage en curatif. Afin d'assurer une utilisation judicieuse des antibiotiques, une compréhension fine de l'évolution des microbiotes de la ferme à la table est essentielle. Les études actuelles portent principalement sur le microbiote intestinal de porcs selon divers stades de croissance, l'alimentation ou un traitement antibiotique. L'objectif de notre étude consistait à caractériser l'écologie microbienne de la chaîne de valeur pour des porcs élevés avec et sans antibiotique en post-sevrage. Notre hypothèse est que lorsqu'aucun autre antibiotique n'est administré après celui au sevrage, l'écologie microbienne des produits finis sera similaire à celle d'animaux n'en ayant pas reçu pendant cette période. Les animaux traités devraient toutefois accumuler de l'antibiorésistance dans une sous population de la microflore. Au total, 1020 porcelets sevrés ont été distribués en deux groupes expérimentaux égaux (contrôle et avec 660 g/t chlortétracycline pendant 21 jours) et suivis de la pouponnière à l'abattoir. En ferme, des échantillons de salive, de fèces, d'air et de moulées ont été prélevés. À l'abattoir, des longes réfrigérées et emballées sous vide ont été suivies dans le temps (0, 30, 78, 91 jours). Des analyses métataxonomiques par séquençage des amplicons du gène 16S ont été effectuées sur tous les échantillons. Le microbiote de la salive et des fèces des porcelets à l'entrée en pouponnière se différencie des autres temps de prélèvement par une faible diversité microbienne et par sa phylogénie. Le microbiote de la salive varie fortement selon le stade de croissance des porcs. Lors du traitement antibiotique, le groupe traité avait une moins grande diversité de microorganismes dans la salive que le groupe contrôle, le tout se rétablissant une semaine après la fin du traitement. Un effet comparable n'a toutefois pas été observé dans les échantillons de fèces, d'air et de moulée. Tous les microbiotes étaient similaires entre les groupes expérimentaux lors de la sortie vers l'abattoir. Les longes, à la sortie de la découpe, possédaient une écologie microbienne variée et similaire entre les groupes expérimentaux. La diversité microbienne a diminué avec l'entreposage des longes et la proportion de *Carnobacterium* est passée de moins de 1 % au jour 0, à plus de 98 % au jour 78, et ce pour les deux groupes expérimentaux. La présence de *Carnobacterium* est souhaitable en ce qui concerne la durée de vie et la salubrité de la viande. Plusieurs sont connues pour la production de bactériocines dont certaines sont actives contre *Listeria* et le traitement antimicrobien donné en post-sevrage n'a pas limité son établissement sur les longes.