

Effets de probiotiques du genre *Bacillus* sur le profil en acides gras à chaîne ramifiée des matières grasses du lait chez la vache

Objectif du projet

Évaluer l'effet de la bactérie *Bacillus subtilis* sur la teneur des acides gras à chaîne ramifiée dans le lait de vaches Holstein.

Résumé

De nombreuses preuves scientifiques démontrent aujourd'hui, contrairement à la croyance populaire, que la consommation du gras laitier est associée à un risque plus faible de maladie cardiovasculaire (Elwood et al., 2008, Yamagishi et al., 2010), de syndrome métabolique (Chen et al., 2015) et en particulier de diabète (Yakoob et al., 2016). Cependant, étant donné le nombre élevé de différents types d'acides gras (AG) présents dans les matières grasses laitières (près de 400, Jensen, 2002), il est difficile d'identifier ceux qui pourraient expliquer ces résultats positifs pour la santé. Compte tenu des effets bénéfiques associés à ces acides gras laitiers, les efforts de recherche doivent se poursuivre afin d'identifier les stratégies d'alimentation de la vache qui maximisent les concentrations de ces acides gras aux vertus récemment mises en lumière. C'est dans ce contexte que ce projet vise à évaluer l'impact d'un supplément probiotique du genre *Bacillus* dans la ration des vaches sur la production ruminale d'acides gras à chaîne ramifiée (AGCR) et leur incorporation subséquente dans les matières grasses du lait. Pour ce faire, six vaches de la race Holstein ont reçu la ration régulière du troupeau. Les probiotiques (BioPlus 2B®) ont été offerts au taux de 200 g/j. Le probiotique a été inséré directement dans le rumen via la fistule afin d'assurer que la dose exacte du produit soit administrée à toutes les vaches. Des échantillons de lait, de fluide et de digesta ruminal ont été prélevés aux jours 0 et

14 de chaque période et sept jours après, afin d'évaluer la composition du lait et le pH ruminal. Pour l'analyse microbiologique, des échantillons de contenu ruminal ont été prélevés aux temps 0, 1, 2, 4 et 6. L'ADN microbien a été extrait à l'aide d'un kit QIAamp DNA Stool Mini adapté aux échantillons de contenu ruminal (Rico et al., 2015). La région V3-V4 du gène de l'ARN ribosomal 16S des bactéries a été amplifiée par PCR à l'aide des amorces F548 (5'-code à barres - GTGCCAGCMGCCGCGGTAA - 3') et R806 (5'-GGACTACHVGGGTWTCTAAT - 3'). Le programme Mothur v.1.40.5 a été utilisé pour traiter les séquences (Schloss et al., 2009). La base de données (Silva. bacteria) a été utilisée pour classer les séquences. Celles-ci ont été classées en cyanobactéries, mitochondries, eucaryotes ou archées ont été éliminées. Les résultats obtenus indiquent que la prise alimentaire et la production laitière étaient similaires entre les traitements ($p > 0,79$). La concentration d'urée du lait avait tendance à être plus élevée dans le lait des vaches ayant reçu le supplément probiotique (+18 % ; $p = 0,08$). Le lait corrigé pour le gras à 4 % et pour la teneur en énergie n'a pas varié entre les traitements. Des différences ont été observées pour les AGCR suite au traitement BioPlus (Figure 1-A), les AG anteiso : 15:0 (augmentation de 6 % ; $p = 0,04$), iso 14:0 (augmentation de 41 % ; $p = 0,08$) étant plus élevés pour le groupe BioPlus que pour le groupe témoin. Par contre, l'AG 15:0 a été diminué par le traitement BioPlus par rapport au témoin (Figure 1-B). Quant à

l'analyse du microbiote, 14 phyla ont été détectés (Figure 2). Parmi ceux-ci figuraient *Firmicutes*, *Bacteroidetes*, et *Proteobacteria*, en tant que phyla dominants, leurs proportions étant similaires pour les deux groupes. Il est important de noter que les bactéries du genre *Bacillus* représentaient 17 % des genres détectés dans le probiotique du traitement BioPlus. À la lumière de ces résultats, il est possible de conclure que le probiotique utilisé dans cette expérience a le potentiel de modifier le profil en acides gras du lait, résultant en une concentration accrue en AGCR. Couplé à d'autres

stratégies, l'ajout de probiotiques de genre *Bacillus* dans les rations de vaches laitières permettrait de produire un lait enrichi en AGCR.

Applications attendues

Développement d'approches pour augmenter la teneur du lait en acides gras à chaîne ramifiée.

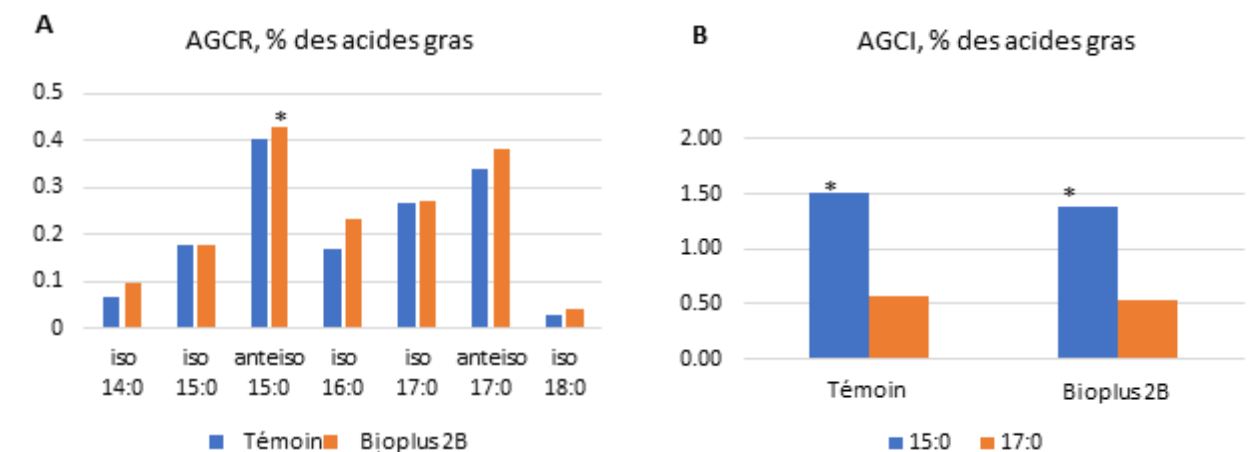


Figure 1. Effets des traitements sur le profil en acides gras du lait. AGCR = Acides gras à chaîne ramifiée (A). AGCI = Acides gras à chaîne impaire (B). * = différence statistiquement significative ($p < 0,05$), t = tendance ($p < 0,10$).

Analyse du microbiote

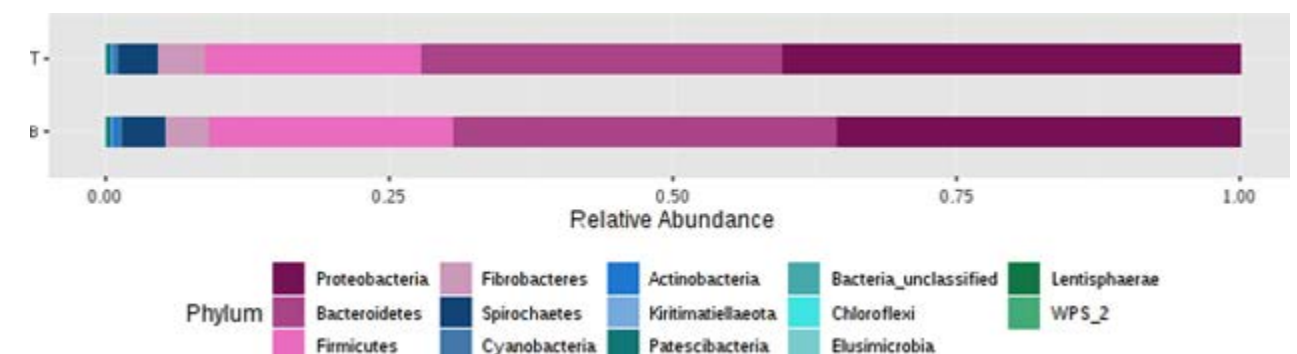


Figure 2. Abondance relative des différents phyla identifiés dans le rumen des vaches recevant Prolac (T) et BioPlus (B).

Responsable scientifique : Daniel E. Rico (CRSAD)

Collaborateurs : Jennifer Ronholm (McGill University), Rachel Gervais et Yvan Chouinard (Université Laval)

Étudiants au baccalauréat : Jérôme Lamontagne (Université Laval), Claudia Perdomo (Université de Colombie)

Partenaires financiers : MAPAQ, Université Laval, CRSAD