

Génétique, épigénétique, nutrigenomique, nutrigenétique...

Coup d'œil sur les recherches en cours aux 6^{es} Jeudis de la WPSA

Épigénétique, nutrigenomique, nutrigenétique : scientifiques et autres représentants des filières avicoles ont abordé leurs mécanismes au cours de l'édition 2014 des Jeudis de la WPSA le 27 mars. Mécanismes qui peuvent expliquer, du moins en partie, les interactions entre génétique et conditions d'élevage ainsi que leurs conséquences sur les performances.



▲ Les 6^{es} Jeudis de la WPSA ont eu lieu à l'Agrocampus de Rennes le 27 mars dernier.

Mireille Morisson, Inra Castanet-Tolosan (31)

Canard mulard : effets d'une carence en méthionine

Mireille Morisson est revenue sur les résultats préliminaires obtenus par Jean-Michel Brun (Inra) au sujet de la programmation nutritionnelle et de la construction du phénotype (les performances zootechniques) chez le canard mulard, cet hybride intergénérique de la cane commune et du canard de barbarie utilisé pour la production de foies gras.

Le résultat le plus frappant est l'interaction significative entre l'aliment maternel et le sexe du mulard sur le poids du foie gras. En effet, une carence maternelle en méthionine entraîne une augmentation du poids de foie de plus de 60 grammes chez les

mâles, et à l'inverse une réduction de 100 grammes chez les femelles. Concrètement, dans le cadre de l'IGP foie gras du Sud-Ouest par exemple (50 % de la production française), où seuls les mâles mulards sont utilisés pour la production de foie gras, « une restriction maternelle en méthionine permettrait de réduire la durée de gavage et les coûts inhérents ».

Les bases d'une mémoire cellulaire

En fait, lors du développement embryonnaire, des marques épigénétiques sont apposées de façon différenciée en fonction du



devenir cellulaire. « Un tel mécanisme conduit les gènes d'un même génome à s'exprimer différemment », explique la spécialiste. Une fois posées, ces marques constituent les bases d'une mémoire cellulaire et sont transmises aux cellules filles.

L'altération de l'environnement de l'embryon, en particulier la disponibilité ou non de certains nutriments (comme la méthionine), peut affecter ces marques épigénétiques et impacter durablement le métabolisme des tissus ainsi que le phénotype de l'animal.

Frédérique Pitel, Inra Toulouse (31) L'influence de l'épigénétique sur les phénotypes

L'information épigénétique complète la séquence d'ADN en la conservant intacte, pour modifier l'expression des gènes. Elle se transmet entre cellule mère et cellules filles, voire entre générations. Dotée d'un caractère réversible, elle peut être soumise aux variations de l'environnement.

Des plantes à l'homme, des études ont récemment révélé que l'information qui passe d'une génération à l'autre outre la séquence d'ADN, peut s'appuyer sur des marques épigénétiques.

D'un point de vue économique, les caractères les plus pertinents dans les productions animales présentent des variations phénotypiques continues dues à de nombreux facteurs génétiques et environnementaux.



Pour Frédérique Pitel, l'un des enjeux de l'agriculture aujourd'hui est de comprendre l'influence

des modifications épigénétiques sur l'expression des gènes en raison de facteurs environnementaux. « Les généticiens pourraient prendre en compte ces phénomènes pour étudier l'adaptation des animaux à des environnements changeants », explique-t-elle. « La contribution des effets épigénétiques aux variations phénotypiques est un domaine de recherche prometteur, non seulement pour la compréhension des mécanismes, mais également pour ses applications possibles dans les productions agricoles ».

Adapter le profil nutritionnel

En aviculture par exemple, les capacités d'adaptation des animaux aux changements climatiques et alimentaires doivent

nécessairement progresser étant donné l'évolution probable du climat dans un avenir plus ou moins proche. Là, les scientifiques pourraient probablement améliorer la conduite des élevages, voire l'efficacité de la sélection, s'ils comprenaient mieux les mécanismes épigénétiques qui gouvernent la réponse du génome aux environnements changeants.

Un exemple de retombée intéressante dans les filières avicoles est l'adaptation du profil de nutrition des reproducteurs : jusqu'alors ajusté pour produire le plus grand nombre d'œufs fertiles, il pourrait également être optimisé pour améliorer les performances des futurs poulets de chair, descendants de ces reproducteurs.

CreAMINO® est l'unique additif précurseur de la créatine :

- Des performances de croissance sécurisées
- Une amélioration de la production
- Une diminution du coût alimentaire.

CreAMINO®

www.creamino.com feed-additives@evonik.com

Evonik. Power to create.



Pascal Le Roy, Inra Rennes (35) Sur l'interaction génotype/environnement...

Comprendre le déterminisme génétique des caractères d'adaptation et de robustesse des volailles, c'est-à-dire la capacité des animaux à maintenir leur niveau de production lorsque les conditions d'élevage varient, est devenu une priorité pour les filières avicoles.

Si la génétique quantitative explique les performances des animaux en partant du principe que les effets du génotype se cumulent à ceux de l'environnement (température, humidité, type de logement, parasites, etc.), l'existence de certains effets comme des interactions entre gènes et environnement nécessite de modifier ce raisonnement.

« A l'échelle du génome, cette interaction peut globalement s'expliquer de trois façons », indique Pascal Le Roy, en précisant qu'elles ne sont ni uniques ni exclusives :



– Le modèle de surdominance suppose que l'hétérozygotie constitue un facteur d'adaptation, la sélection directionnelle aurait alors pour conséquence

défavorable de diminuer la robustesse en augmentant l'homozygotie moyenne.

– Le modèle de pléiotropie considère que l'expression des gènes varie en fonction de l'environnement, voire que certains gènes ne s'expriment que dans certaines conditions particulières. Ces phénomènes épigénétiques affecteraient alors directement la variabilité génétique de ces caractères, et devraient être pris en compte dans toute stratégie de sélection.

– Le modèle d'épistasie émet l'hypothèse qu'il existe des gènes qui régulent l'expression de ceux qui affectent les performances, et dont l'expression varie en fonction de l'environnement. « Là, c'est la variabilité résiduelle et non la variabilité génétique qui est affectée par ce phénomène en ricochet. Il faut alors effectuer une sélection ca-

nalisante, c'est-à-dire une sélection sur la dispersion plutôt que sur la moyenne des caractères », explique-t-elle.

Mieux gérer les interactions

Pour la spécialiste, l'évaluation de la valeur génétique des candidats est une étape clé de la sélection. « Jusque-là, les interactions génotype/environnement n'ont pas beaucoup été prises en compte en productions animales. Mais elles sont de mieux en mieux considérées du fait de l'évolution et de la variabilité grandissante des milieux ».

En permettant la déconnexion entre le phénotype et le génotype, la sélection génomique pourrait ainsi permettre de mieux comprendre et finalement mieux gérer ces interactions. ●

Michel Duclos, Inra Nouzilly (37) Entre nutriginétique et nutriginomique

Grâce au développement des nouvelles technologies en matière de génomique à haut débit, la nutriginomique, qui recherche les interactions entre la génétique et la nutrition, a pris un nouvel essor ces dernières années. Qu'il s'agisse de l'impact de la nutrition sur l'activité des gènes et ses conséquences sur l'expression des phénotypes, ou bien sur l'expression des déterminants génétiques de la variabilité des réponses individuelles à la nutrition : les recherches sont encore émergentes pour les animaux d'élevage, mais des travaux ont été réalisés ou sont actuellement en cours.

L'un de ces travaux a pour objectif d'identifier les déterminants génétiques de l'aptitude à la digestion. « Grâce au développement et à la caractérisation d'une population issue de croisement entre deux lignées expé-

riméntales de poulets bons ou mauvais digesteurs, des régions chromosomiques contrôlant ce caractère ont été récemment identifiées (Tran et al, 2014) », explique Michel Duclos (Inra).

Séquençage systématique des ARN

Étape suivante : identifier des polymorphismes de gènes candidats positionnels et rechercher d'autres gènes candidats fonctionnels. « Pour cela, il faudra étudier le transcriptome de différents segments du tube digestif prélevés sur des animaux extrêmes repérés dans la population croisée. La méthodologie retenue est basée sur une approche de séquençage systématique des ARN pour identifier des gènes candidats dont la régulation nutritionnelle sera ensuite étudiée ». Soutenu par le Gis Agenavi, le projet



a pour objectif d'identifier des gènes candidats et de les rassembler en réseaux d'interactions qui feraient remonter vers les gènes responsables de la

différence entre phénotypes. A terme, ces recherches permettraient d'avoir des marqueurs utilisables en sélection pour des caractères qui ne sont pas toujours très simples à intégrer, sinon dans un schéma de sélection, et de disposer de biomarqueurs pouvant être utilisés dans des stratégies d'élevage et/ou d'alimentation.

Et l'expert de rappeler que la nutriginétique pourrait permettre de prédire le potentiel d'adaptation des génotypes à tels ou tels aliments. « Parce qu'elle permet une meilleure compréhension des mécanismes par lesquels la nutrition agit sur l'activité des gènes, la nutriginomique devrait permettre de proposer de nouvelles stratégies nutritionnelles pour orienter les phénotypes ».

●
Sandra David