Nutrigénétique et nutrigénomique : définitions et exemples chez les oiseaux

Michel J. Duclos
INRA UR83 Unité de recherches Avicoles
37380 NOUZILLY FRANCE



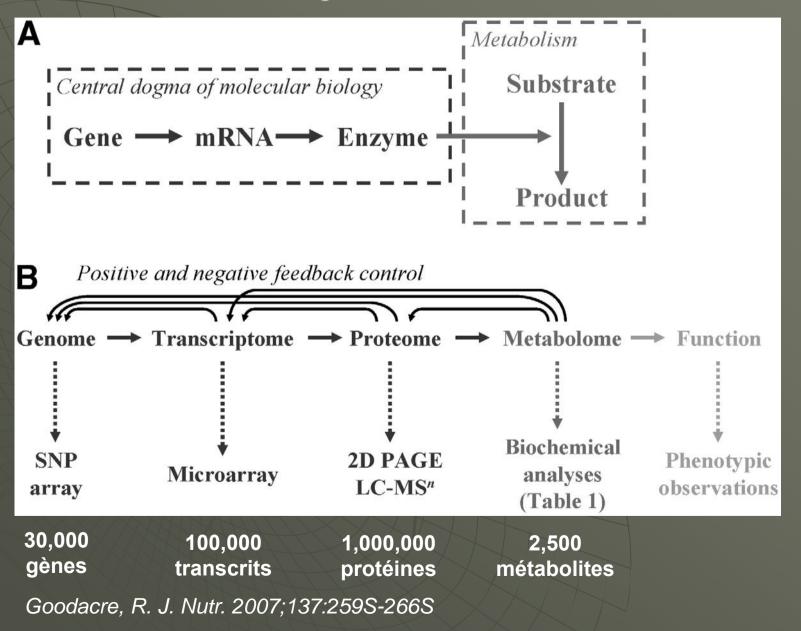
Definition "nutrigénomique"

- étude de l'impact de la nutrition sur l'activité des gènes
- "génomique" implique une approche globale de l'activité des gènes ou de leurs produits

Definition "nutrigénétique"

Etude des déterminants génétiques (polymorphismes de séquence de certains gènes) de la variabilité des réponses individuelles à la nutrition

Outils et objets de recherche



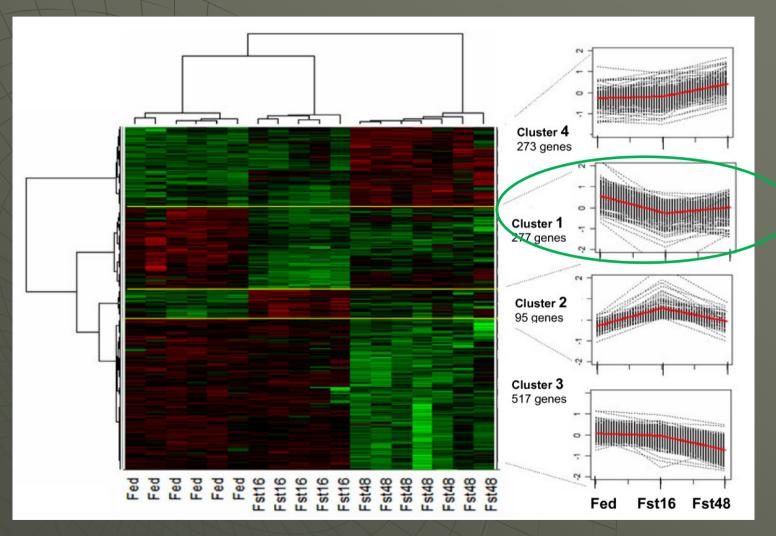
Génomique fonctionnelle: Etude des profils d'expression

- Méthodologies de mesure
 - Hybridation sur microarrays
 - séquençage d'ARN (RNA seq)
 - qRT-PCR
- Schéma expérimentaux
- Interprétation

Expression génique hépatique durant le jeûne chez le poulet de chair

A			pvalue	
		0.0001	0.001	0.01
Number of gene-oligo differentially expressed between Fed and the two fasting states		921	1825	3532
and the two lasting states	Absolute (fold change) >= 2	38%	19%	11%
	Absolute (fold change) >= 1.4	95%	80%	58%
Number of gene-oligo with an absolute expression modulation >=1.4		873	1463	2062
	Fst16-Fed	128	223	391
	Fst48-Fed	668	1089	1421
	Fst16-Fed and Fst48-Fed	77	151	250
Number of gene-oligo with an identified human ortholog whose HUGO symbol was available		509	836	1162
B Fst16 – Fed: 385 genes	190 195 777	Fst48 - 972 ge		•

Profils d'expression hépatique durant le jeûne chez le poulet de chair



Two-way Hierarchical Cluster Analysis (HCA) of the gene selection.

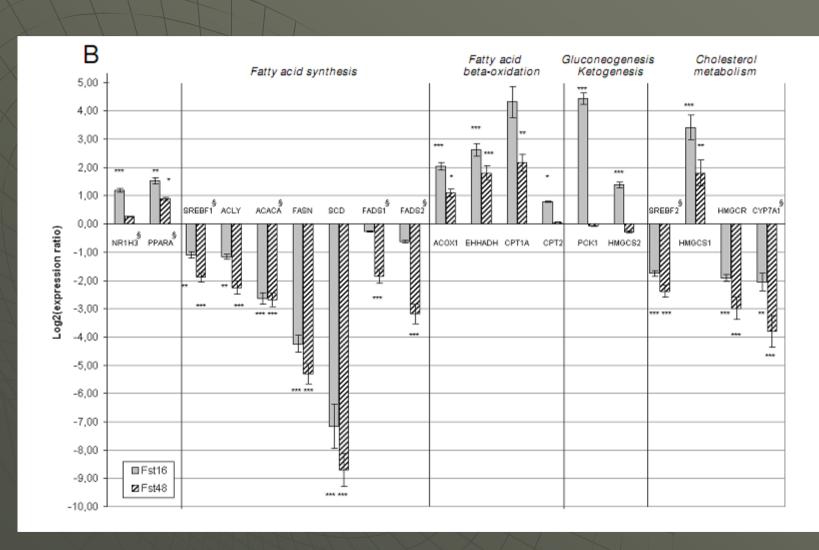
On the right, for each cluster, the curves of the expression of all the genes corresponding to the three nutritional states (the mean curve is in red).

Analyse d'un cluster d'expression hépatique durant le jeûne chez le poulet

Table 1: Annotation of gene clusters using Gene Ontology (GO), KEGG and Ingenuity databases

	Biological process GO terms	KEGG pathways ²	Ingenuity pathways 3
Cluster I	Lipid metabolism SLC27A4 -LYPLA2-ENPP6-DGAT2L4-CYP5 IAI-FASN- SULT4AI-CPNE7-ANGPTL3-ACACA-LSS-ACLY-PBX I- PIGH-PLCLI-PRKAG3-PRKAA2-SCD -SBF2-PLA2GI2B- MTMR3-PITPNM I P = 5.E-04	Fatty acid biosynthesis ACLY-FASN-ACACA-SCD	Fatty Acid Biosynthesis FASN-ACACA-MCCC2 P = 5.E-04
277 genes	Lipid biosynthesis DGAT2L4-CYP51A1-FASN-ACACA-LSS-ACLY-PBX1- PIGH-PRKAG3-PRKAA2-SCD P = 2.E-03 Fatty acid biosynthesis FASN-ACACA-PRKAG3-PRKAA2-SCD P = 6.E-03 Regulation of action potential KCNMB2-SBF2-EIF2B4 P = 7.E-03		

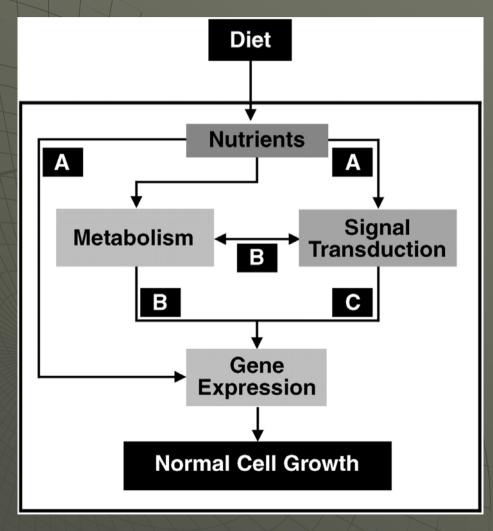
Vérification par qRT-PCR



Genomique fonctionnelle: Perspectives fondamentales et appliquées

- Fondamental : comprendre le mécanisme de régulation des gènes par les nutriments
- Appliqué:
 - Identifier des marqueurs de l'effet des nutriments, des additifs alimentaires ou de l'efficacité digestive

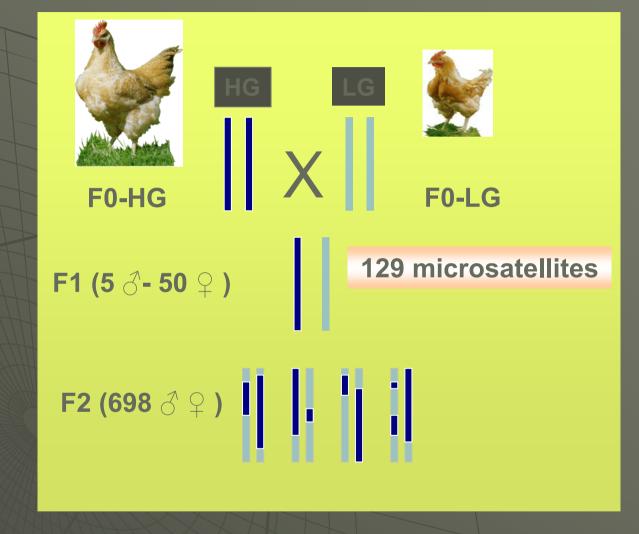
Activité des nutriments sur la cellule



Kaput, J. et al. Physiol. Genomics 16: 166-177 2004

Génomique positionnelle et nutrigénétique

De la recherche de QTL à la nutrigénétique

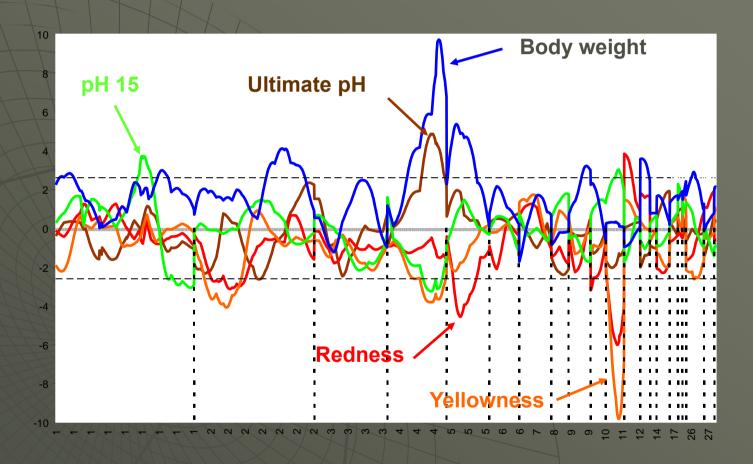


Large différences entre extrêmes F2 : Poids vif : 697 g à 1666 g ;

pHu: 5.5 à 6.4; jaune: 8.1 - 17.6

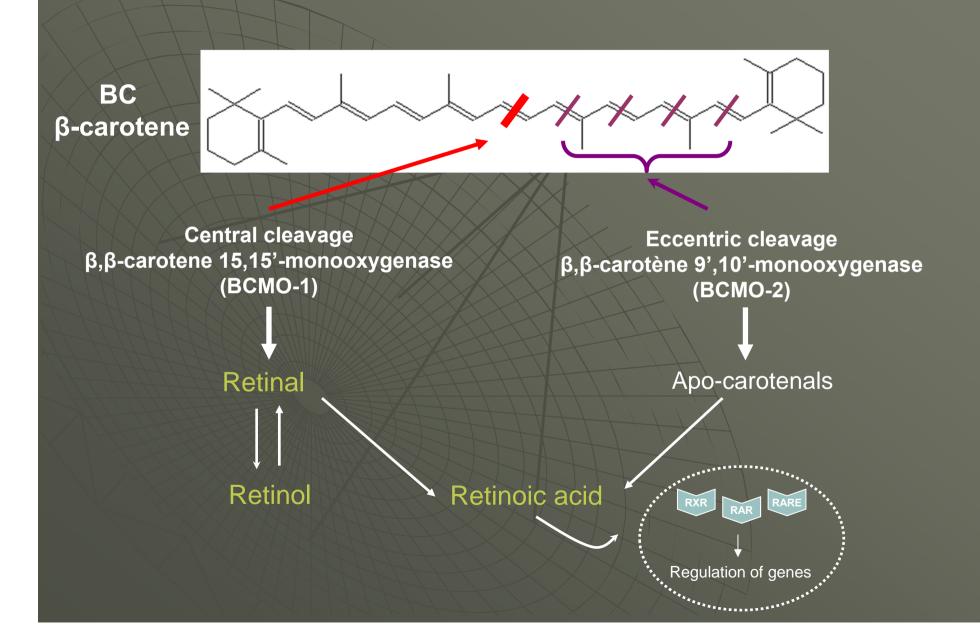
Détection de QTL (HG X LG)

(BMC Genomics, 2007)



t test profile for the QTL effects along the genome

BCMO-1: candidat fonctionnel

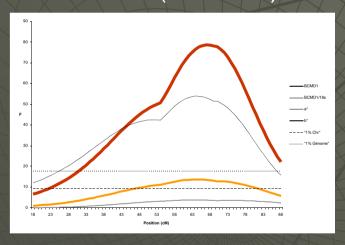


Expression BCMO-1

Génomique fonctionnelle



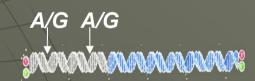
e-QTL (BCMO-1)



Séquençage



Double-mutation dans le promoteur du gene BCMO-1

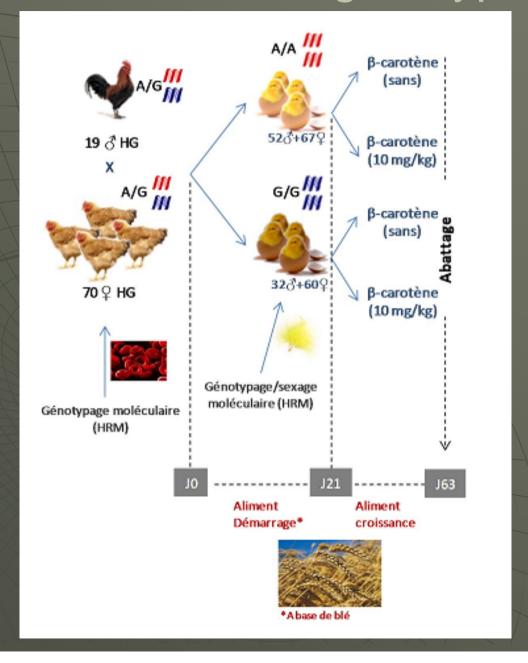




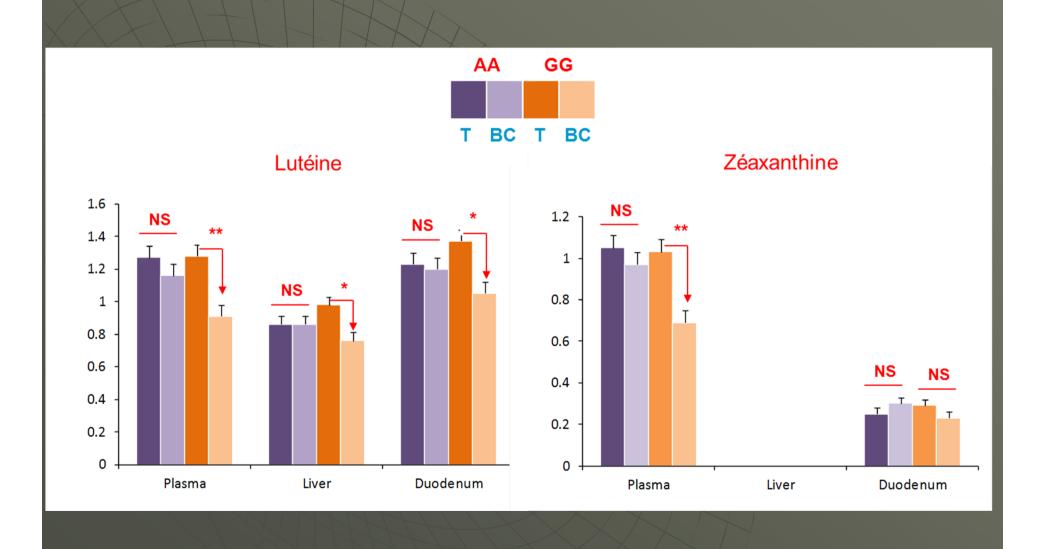
Test génétique

Le Bihan-Duval et al., 2011, PLoS ONE

Etude de l'interaction génotype x nutrition



Interaction génotype x nutrition sur le métabolisme des xanthophylles



Exemple "nutrigénétique"

- L'allèle au locus BCMO-1 conditionne la réponse au BC alimentaire
 - Effet indirect complexe passant par des mécanismes de compétition au niveau des transporteurs

Projet : Amélioration de la DIgestibilité chez le poulet par la GENomique (ADIGEN)

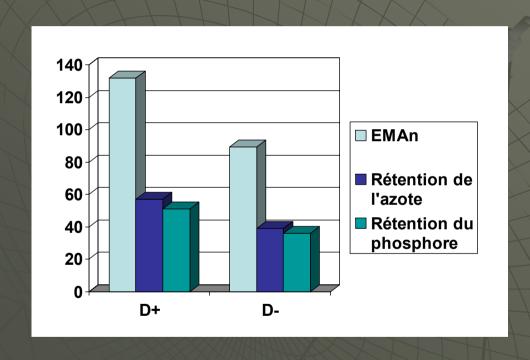
Objectifs : identifier des gènes contrôlant l'efficacité digestive chez le poulet de chair

Pour les utiliser comme :

- marqueurs de l'efficacité des systèmes d'alimentation
- marqueurs utilisables en sélection (SAM)

MODELE

Lignées divergentes D+/D- sélectionnées sur la capacité à digérer le blé (EMAn)







Grasteau, Carré et collaborateurs

FONCTIONNALITES DIGESTIVES CONTRASTEES



Poids relatif PV / G >

pH gésier <

Activité pepsine PV >

Temps de rétention >

Contenu digestif <

Poids, longueur, densité <

Développement épithélium (villosités, cryptes) <

Epaisseur tunica muscularis <

Nb cellules à mucus <

pH >

Biomasse bactérienne <

C. coccoides x 5; E. coli / 4 : contenu ilét

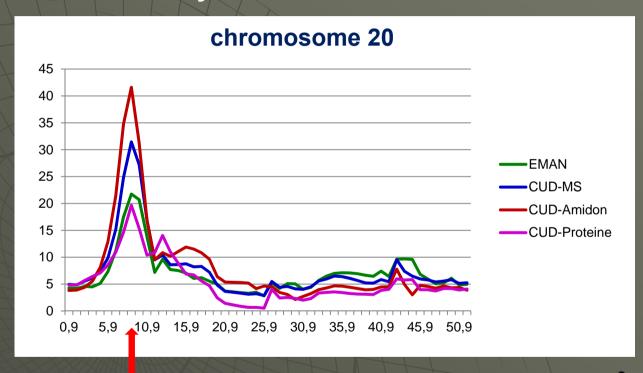
L. salivarius / 13 : muqueuse iléum

C. leptum x 2; E coli. /3 : contenu ceca

Lactobacillus / 7; L. salivarius /15; L. crispatus / 9: muqueuse ceca

Premiers résultats de détection des QTL

Identification des 15 QTLs avec le logiciel QTLMap après l'analyse de 30 chromosomes



4 QTL pour AMEn; CUD_MS; CUD Starch; CUD_Protein co-localisation à 9 cM



TISSUS CIBLES

Hypothèse : Le QTL agit en modulant l'activité de gènes du tractus digestif

Jonction gastroduodénale

Cellules endocrines

Jéjunum <



Cellules de Cajal

Gésier

JG et I: Régulation des fonctions gastriques (motilité, sécrétion et trophicité)

lung bud

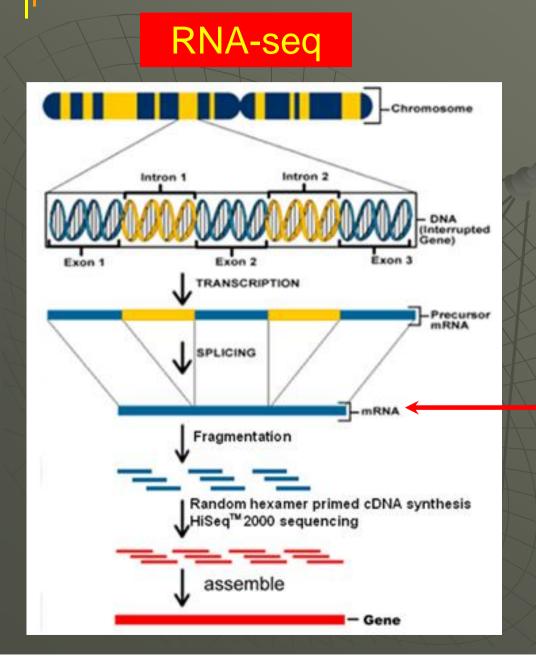
proventriculus

duodenum-

gizzard

pyloric sphincter

ANALYSE DU TRANSCRIPTOME



TISSUS CIBLES

Extraction ARN

ARNm

QUANTIFICATION EXPRESSION GENES

GENES CANDIDATS

QUANTIFICATION EXPRESSION GENES

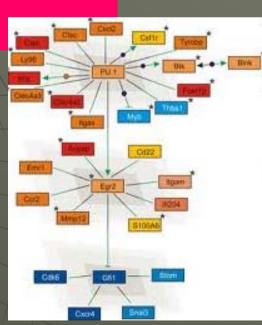
IDENTIFICATION GENES

CANDIDATS

SELECTION

BIOMARQUEURS

RESEAUX



Amélioration de la DIgestibilité chez le poulet par la GENomique (ADIGEN)

Retombées pour la filière avicole :

- Outils pour l'amélioration de l'efficacité des systèmes d'alimentation

Sélection d'animaux plus adaptables face à des MP diverses

Perspectives

Nutrigénétique > prédire le potentiel d'adaptation des génotypes à des aliments variés

Nutrigénomique > proposer de nouvelles stratégies nutritionnelles pour orienter les phénotypes

Merci pour votre attention

