



**HAL**  
open science

## **Tolérance et intolérance au jeûne chez un téléostéen, le bar ([i]Dicentrarchus labrax[/i]) : bases physiologiques moléculaires et détection de polymorphismes par approches génomiques haut-débit**

Erick Desmarais, Catherine Breton, Jean-Christophe Avarre, Khalid Belkhir, Alain Vergnet, Marc Vandeputte, Béatrice Chatain, David Mckenzie, François Bonhomme, Bruno Guinand

### **► To cite this version:**

Erick Desmarais, Catherine Breton, Jean-Christophe Avarre, Khalid Belkhir, Alain Vergnet, et al.. Tolérance et intolérance au jeûne chez un téléostéen, le bar ([i]Dicentrarchus labrax[/i]) : bases physiologiques moléculaires et détection de polymorphismes par approches génomiques haut-débit. Colloque de Génomique Environnementale et Fonctionnelle, Nov 2013, Rennes, France. hal-01019595

**HAL Id: hal-01019595**

**<https://hal.science/hal-01019595v1>**

Submitted on 5 Jun 2020

**HAL** is a multi-disciplinary open access archive for the deposit and dissemination of scientific research documents, whether they are published or not. The documents may come from teaching and research institutions in France or abroad, or from public or private research centers.

L'archive ouverte pluridisciplinaire **HAL**, est destinée au dépôt et à la diffusion de documents scientifiques de niveau recherche, publiés ou non, émanant des établissements d'enseignement et de recherche français ou étrangers, des laboratoires publics ou privés.

# TOLERANCE ET INTOLERANCE AU JEUNE CHEZ UN TELEOSTEEN, LE BAR (DICENTRARCHUS LABRAX) : BASES PHYSIOLOGIQUES MOLECULAIRES ET DETECTION DE POLYMORPHISMES PAR APPROCHES GENOMIQUES HAUT-DEBIT

---

Poster n°30

Auteur

**Erick Desmarais**

*Liste complète des auteurs - Affiliations*

E. Desmarais<sup>1,5</sup>, C. Breton<sup>1</sup>, J.-C. Avarre<sup>1,6</sup>, K. Belkhir<sup>1</sup>, A. Vergnet<sup>2</sup>, M. Vandeputte<sup>3</sup>, B. Chatain<sup>2</sup>, D. McKenzie<sup>4</sup>, F. Bonhomme<sup>1,7</sup> & B. Guinand<sup>1,7</sup>

1: UMR CNRS 5554, Institut des Sciences de l'évolution de Montpellier, Université Montpellier 2

2: Ifremer, Station Expérimentale d'aquaculture de Palavas-les-Flots

3: INRA, Coopération Piscicole, GDR INRA-Ifremer, Palavas-les-Flots

4: UMR CNRS 5119, Laboratoire d'écologie des Systèmes Marins Côtiers (ECOSYM), Université Montpellier 2

5: LabEx CeMEB (Centre Méditerranéen Environnement Biodiversité), Université Montpellier 2

6: UMR IRD 206, Université Montpellier 2

7: Station Méditerranéenne de l'environnement Littoral, Université Montpellier 2, Sète

*Résumé*

Les poissons sont naturellement soumis à des périodes de jeûne poussé au cours de leur cycle de vie en raison de la variabilité de la disponibilité des ressources alimentaires ou des migrations qu'ils entreprennent. Chez le bar (*Dicentrarchus labrax*), il a été montré que des stratégies de tolérance et d'intolérance au jeûne pouvaient cohabiter et que cette (in)tolérance était héréditaire. Chez cette espèce, il existe donc une opportunité de comprendre quels mécanismes physiologiques, quels métabolismes, quels gènes et quels polymorphismes sont impliqués dans l'utilisation préférentielle des substrats énergétiques chez des individus tolérants et intolérants au jeûne. Profitant de croisements contrôlés entre individus de phénotype connu vis-à-vis du jeûne, un séquençage de transcriptome et une analyse haut-débit de l'expression différentielle des gènes ont été mises en œuvre dans deux organes (foie et intestin) après deux challenges d'exposition au jeûne afin d'identifier les transcrits, les gènes puis leurs différences d'expression chez cette espèce. Un total de 594 gènes annotés dans le foie et 421 dans l'intestin ont été détectés comme significativement différemment exprimés entre phénotypes. Les principales voies métaboliques identifiées comme impliquées dans la différenciation phénotypique concordent avec une utilisation différentielle des lipides et des protéines comme substrat énergétique de chaque phénotype (le phénotype «intolérant» utilise les lipides plus vite et les stocke moins et est donc amené à dégrader les protéines plus rapidement que le phénotype «tolérant»). Le re-séquençage haut-débit par 'capture' chez 45 individus de l'ensemble des régions codantes et non codantes de 48 gènes détectés comme différemment exprimés et incluant leur région promotrice proximale a montré l'existence de plusieurs milliers de polymorphismes (SNP, indels,...). À terme ce travail devra permettre de mieux comprendre les bases moléculaires de la tolérance au jeûne chez les téléostéens.

*Mots-clés*

Bar, jeûne, tolérance, RNAseq, SuperSAGE, expression différentielle, reséquençage, polymorphisme