



**HAL**  
open science

## **Effet du type de maïs en gavage et de la durée de jeûne avant abattage sur les caractéristiques biochimiques et génomiques fonctionnelles du foie gras chez le canard mulard**

Cécile Bonnefont, Rawane El Kouba, Marina Travanca, Sébastien Dejean, Alain Vignal, Michel Bouillier-Oudot, Nathalie Marty-Gasset, Emmanuelle Labarthe, Hélène Manse, Julien Arroyo, et al.

### ► **To cite this version:**

Cécile Bonnefont, Rawane El Kouba, Marina Travanca, Sébastien Dejean, Alain Vignal, et al.. Effet du type de maïs en gavage et de la durée de jeûne avant abattage sur les caractéristiques biochimiques et génomiques fonctionnelles du foie gras chez le canard mulard. 11. Journées de la Recherche Avicole et Palmipèdes à Foie Gras, Mar 2015, Tours, France. pp.5. hal-01158739

**HAL Id: hal-01158739**

**<https://hal.science/hal-01158739>**

Submitted on 1 Jun 2015

**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.

**EFFET DU TYPE DE MAÏS EN GAVAGE ET DE LA DUREE DE JEUNE  
AVANT ABATTAGE SUR LES CARACTERISTIQUES BIOCHIMIQUES  
ET GENOMIQUES FONCTIONNELLES DU FOIE GRAS CHEZ LE CANARD MULARD**

**Bonnefont Cécile MD<sup>1</sup>, El Kouba Rawane<sup>1</sup>, Travanca Marina<sup>1</sup>, Dejean Sébastien<sup>2</sup>,  
Vignal Alain<sup>1</sup>, Bouillier-Oudot Michel<sup>1</sup>, Marty-Gasset Nathalie<sup>1</sup>,  
Labarthe Emmanuelle<sup>1</sup>, Manse Hélène<sup>1</sup>, Arroyo Julien<sup>3</sup>, Dubois Jean-Pierre<sup>3</sup>,  
Viala Didier<sup>4</sup>, Chambon Christophe<sup>4</sup>, Molette Caroline<sup>1</sup>**

<sup>1</sup> UMR GenPhySE – Av.de l'agrobiopole - 31 326 CASTANET-TOLOSAN

<sup>2</sup> IMT, UMR 5219 - 118 route de Narbonne, 31062 TOULOUSE Cedex 9

<sup>3</sup> ASSELDOR - La Tour de Glane - 24420 COULAURES

<sup>4</sup> PFEM, INRA de Theix - 63122 SAINT GENES CHAMPANELLE,

[cecile.bonnefont@ensat.fr](mailto:cecile.bonnefont@ensat.fr)

#### **RÉSUMÉ**

Une période de mise à jeûne des animaux permet de diminuer les risques de contamination des carcasses lors de l'éviscération. Les objectifs de cet essai sont d'étudier en détails les effets de la durée de jeûne et de la digestibilité du maïs sur les performances zootechniques de canards mulards gavés et sur la qualité de leurs foies. Les relations entre ces performances et le métabolisme des foies ont été étudiées. Un lot de 60 canards mulards a été élevé jusqu'à 12 semaines d'âge dans des conditions standards. Puis les canards ont été gavés soit avec du maïs waxy (riche en amylopectine et rapidement digestible) soit avec du maïs témoin. Pour étudier le métabolisme du foie en fonction du type de maïs et de la durée du jeûne, des analyses biochimiques, transcriptomiques et protéomiques ont été réalisées sur les foies obtenus après 9h et 15h de jeûne. Les foies de tous les canards ont un poids équivalent même si le taux de lipides est supérieur après 15h de jeûne ( $p=0,019$ ). Mais le rendement technologique est supérieur de 7,0 points pour les canards gavés au maïs waxy à 9h de jeûne ( $p=0,039$ ). Ces différences de rendement technologique semblent s'expliquer par le taux de lipides qui est inférieur de 3,9 points lorsque le maïs waxy est utilisé ( $p=0,019$ ) et par un niveau d'expression plus élevé des protéines et transcrits impliqués dans la glycolyse et la lipogénèse.

#### **ABSTRACT**

##### **Effect of corm type and fasting duration before slaughtering on biochemical and functional genomics characteristics of fatty liver in mule ducks**

A fasting period of the animals before slaughtering is required to avoid carcass contamination during processing. The aims of this paper are to study the effects of the duration of the fasting period and of corn digestibility on overfed mule duck performances and on fatty liver qualities. The relationships between liver quality and liver metabolism are investigated. A batch of 60 male mule ducks was reared in standard conditions during 12 weeks. Then, the ducks were overfed twice a day either with standard corn as a control or with waxy corn (rich in amylopectin and quickly digestible). To analyze liver metabolism in function of the corn used during the over-feeding period and of the duration of the fasting period, biochemical, transcriptomics and proteomics analyses were performed. The liver weights of all ducks are equivalent even if their lipid levels were higher at 15h of fasting ( $p=0.019$ ). But the technological yield was 7.0 points superior for ducks overfed with waxy corn at 9h of fasting ( $p=0.039$ ). These differences in technological yield could be explained by the lipid level that was 3.9 points inferior when waxy corn was used ( $p=0.019$ ) and by higher expression levels of proteins and transcripts involved in glycolysis and lipogenesis.

## INTRODUCTION

Le jeûne des animaux d'élevage avant leur abattage permet de réduire les risques de contamination des carcasses par les contenus intestinaux lors de l'éviscération. En revanche, une durée de jeûne trop longue peut altérer les performances zootechniques. Il a été démontré que le taux de fonte est significativement plus important après 19h de jeûne qu'après 13h chez les canards de Barbarie (Babilé, 1989 ; Baudonnet-Lenfant *et al.*, 1991). L'objectif de cette étude est d'analyser l'impact de la durée de jeûne sur le métabolisme hépatique du canard mulard et de savoir si la digestibilité du maïs influence cet effet.

## 1. MATERIELS ET METHODES

### 1.1. Animaux et conditions expérimentales

Un lot de 60 canards mulards a été élevé dans des conditions standards jusqu'à l'âge de 12 semaines au lycée agricole de Périgueux (EPLEFPA, Dordogne, France). Puis les canards ont été gavés pendant 12 jours avec deux repas par jour de maïs (30% de grains et 70% de farine) à la Ferme Expérimentale de l'Oie et du Canard (FEOC, Dordogne, France). Ils ont été gavés soit avec un maïs témoin contenant 25-30% d'amylose, soit avec du maïs waxy quasiment exclusivement composé d'amylopectine (99%).

Les canards ont été abattus sur place après 9h ou 15h de jeûne (n=15 canards par type de maïs et par durée de jeûne). Les canards ont été étourdis électriquement puis saignés. Ils ont été éviscérés à chaud. Les foies et les carcasses ont été pesés. Des échantillons de 10 g de foie ont été prélevés à 20 min *post-mortem* et congelés dans de l'azote liquide, puis stockés à -80°C. Un morceau d'environ 200 g de foie prélevé dans la partie centrale des deux lobes a été mis en verrine, et cuit en autoclave à 85°C et 0,8 bar de pression pendant 30 minutes. Les verrines ont ensuite été refroidies et stockées à 4°C. Deux mois après, le rendement technologique du foie a été estimé en comparant le poids de foie obtenu après retrait du gras exsudé pendant la cuisson et le poids de foie frais.

### 1.2. Analyses biochimiques et post-génomiques

Des analyses biochimiques ont été réalisées sur 10 échantillons de foie avec les deux types de maïs à 9h de jeûne et sur 6 échantillons de foie dans les deux modalités à 15h de jeûne. Ces sous-groupes d'échantillons étaient représentatifs de chaque groupe (moyenne et écart-type des poids de foie et des rendements technologiques équivalents entre les sous-groupes et les groupes initiaux (n=15)). Le taux de matière sèche (JOCE, 1971), le taux de lipides totaux (Folch *et al.*, 1957), les lipides neutres (Théron *et al.*, 2012) ont été mesurés.

Les résultats de poids et de rendement technologique des foies sont présentés (Tableau 1) sur ces mêmes échantillons. Des analyses transcriptomiques par qRT-PCR ont aussi été réalisées sur ces échantillons. 75 gènes ont été choisis en fonction de leur implication dans le métabolisme des lipides et des glucides, le stress cellulaire, la protéolyse et l'apoptose. Les ARN ont été extraits des échantillons de foie et purifiés par la méthode au Trizol. Les ADN complémentaires ont été synthétisés puis ont été amplifiés par le système BioMark™ (Fluidigm®) sur la plateforme génomique (Genotoul, Toulouse).

Des analyses protéomiques par électrophorèse bidimensionnelle ont été réalisées sur 10 échantillons par modalité. La méthode est décrite dans Théron *et al.* 2011. Les analyses des gels ont été réalisées avec le logiciel SameSpot. Les spots protéiques intéressants ont été identifiés par Nano-LC-MS/MS à la plateforme PREMcp (INRA de Clermont-Ferrand, France) après digestion par la trypsine. Les protéines ont été identifiées avec le logiciel Mascot en cherchant dans la base de données [www.matrixscience.com](http://www.matrixscience.com).

Puis des analyses statistiques non paramétriques (test de Kruskal Wallis) ont été réalisées pour comparer les modalités tout en s'affranchissant des hypothèses de normalité nécessaires à l'ANOVA.

Les listes de gènes et de protéines identifiées ont été analysées avec le logiciel Ingenuity Pathway Analysis® pour interpréter les principales fonctions métaboliques présentes dans les échantillons de foie.

## 2. RESULTATS ET DISCUSSION

Les effets du type de maïs et de la durée de jeûne sur les performances zootechniques de l'ensemble des canards ont été étudiés (Lavigne *et al.*, 2015). Dans cet essai, les poids de foie ne sont pas statistiquement différents (environ 655 g) entre les deux durées de jeûne et les deux maïs testés (Tableau 1). Mais le rendement technologique des foies est meilleur avec les foies issus d'un gavage au maïs waxy après une durée de jeûne de 9h (88,7% vs. 74,5% à 15h et 81,7 à 9h chez les foies issus d'un gavage au maïs témoin ; p=0,039).

Les analyses biochimiques des foies montrent que le taux de matière sèche est plus élevé après 15h de jeûne (70%) qu'après 9h (environ 65%) (p=0,002 ; Tableau 1). Pour les foies issus du gavage au maïs waxy, ce résultat s'explique par l'augmentation du taux de lipides totaux (+6,3% ; p=0,019) et du taux de triglycérides (+1,3% ; p=0,001 ; Tableau 1). Au contraire les taux d'acides gras libres sont divisés par 3 entre 9h et 15h de jeûne quel que soit le type de maïs utilisé en gavage (p=0,002 ; Tableau 1). En revanche, les taux de monoglycérides, diglycérides, cholestérol et cholestérol estérifié ne varient pas entre les conditions testées, leurs taux sont répartis entre 0,1 et 0,5 % des lipides totaux (p>0,05 ; Tableau 1). L'ensemble de ces résultats suggère qu'il y a eu une

néosynthèse de triglycérides entre 9 et 15h de jeûne et que les foies obtenus lors d'un gavage avec du maïs waxy et après une durée de jeûne de 9h ont un meilleur rendement technologique.

Afin d'explicitier les mécanismes biologiques sous-jacents, le métabolisme des foies a été étudié par analyses protéomiques et transcriptomiques.

L'effet de la durée de jeûne a été étudié. Lors d'un gavage des canards mulards avec du maïs témoin, les analyses montrent que 21 protéines et 17 transcrits du foie sont régulés au cours du temps lorsque la durée de jeûne varie de 9 à 15h ( $p < 0,05$ , données non présentées). Seules les fonctions métaboliques révélées par l'étude IPA® de ces molécules sont présentées dans le Tableau 2.

Ces résultats mettent en évidence une activation de la glycolyse à 9h de jeûne qui augmente au cours du temps avec une sur-expression du transcrit de l'aldolase B (*ALDOB*) et des protéines enolase A (*ENO1*), Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase (*GAPDH*) (Tableau 2). Le fonctionnement de la glycolyse conduit à la formation de métabolites du glucose tel que le glucose-6-phosphate (G6P) ce qui active le facteur de transcription Carbohydre Responsive Element Binding Protein (*ChREBP*) (Dentin *et al.* 2012). Ici, l'expression du transcrit de *ChREBP* double au cours du temps à l'échelle des transcrits. Ce facteur de transcription active les gènes de la lipogenèse. En parallèle, le transcrit du facteur de transcription Peroxisome proliferator-activated receptor gamma (*PPAR $\gamma$* ) a un niveau d'expression supérieur à 9h puis diminue de 40% à 15h de jeûne à l'échelle des transcrits. *ChREBP* et *PPAR $\gamma$*  activent des enzymes de la lipogenèse (Shieh *et al.* 2010). En effet à 9h, certains transcrits des gènes de la lipogenèse sont déjà exprimés, tels que *FASN* (acide gras synthase) impliqué dans la biosynthèse des acides gras et *SOAT1* (Sterol O-acyltransferase) impliqué dans la synthèse du cholestérol estérifié (Chang, *et al.* 2009). En particulier, le niveau d'expression du transcrit *DGAT2* (Diglyceride acyltransferase) est élevé à 9h de jeûne puis il chute d'un facteur 6 à 15h. *DGAT2* catalyse la formation de triglycérides à partir de diglycérides et d'acyl-CoA (Cases S., *et al.* 2001). De même, l'expression du transcrit de l'ATP citrate lyase (*ACLY*), impliqué dans la formation des acétyl-CoA nécessaires à la formation des acides gras (Chypre *et al.* 2012), chute d'un facteur 2 entre 9h et 15h de jeûne. En revanche, d'autres transcrits sont déjà exprimés à 9h et leur niveau d'expression est plus élevé à 15h de jeûne. Il s'agit de la Carnitine palmitoyltransferase I A (*CPT1A*) impliquée dans la biosynthèse des acides gras (McGarry et Brown, 1997) et de Long-chain-fatty-acid—CoA ligase 1 (*ACSL1*) impliquée dans la biosynthèse des lipides à longue chaîne (Weimar *et al.* 2002) (Tableau 2). Mais à l'échelle des protéines, aucune régulation de protéines de la lipogenèse n'a pu être mise en évidence. Il semblerait qu'une augmentation de la durée de jeûne entraîne une

activation du stress oxydatif au niveau cellulaire avec l'augmentation de la protéine thioredoxin-dependent peroxide reductase (*PRDX3*) (donnée non présentée). De plus des mécanismes d'apoptose pourraient se développer. En effet, les niveaux d'expression du transcrit Cell Death activator (*CIDEA*) et de la protéine NADH-ubiquinone oxidoreductase (*NDUFS1*) augmentent de 9 à 15h de jeûne (donnée non présentée). Ainsi, la glycolyse et la lipogenèse sont actives à 9h et à 15h de jeûne et le stress oxydatif serait plus fort à 15h ce qui confirme les résultats de Théron *et al.* 2011 et Bonnefont *et al.* 2014.

Dans une deuxième étape, l'effet de la durée de jeûne sur le métabolisme du foie est étudié lorsque les canards sont gavés avec du maïs waxy. Au total 21 protéines et 16 transcrits sont régulés dans le temps ( $p < 0,05$ , données non présentées). Seules les fonctions métaboliques révélées par l'étude IPA® de ces molécules sont présentées dans le Tableau 3. Parmi ces molécules, 13 protéines et 14 transcrits ont déjà été identifiés lors de l'étude de l'effet de la durée de gavage sur les foies obtenus après gavage avec du maïs témoin. L'évolution dans le temps est la même pour toutes les protéines et tous les transcrits à l'exception de deux protéines. En effet le niveau d'expression de la transketolase (*R0L7T9*) est diminué au cours du temps pour les canards gavés avec du maïs témoin alors qu'elle est augmentée dans les foies obtenus après gavage avec du maïs waxy et le niveau d'expression d'une transférase (*U3J3X9*) varie dans le sens inverse (données non présentées). Ainsi les résultats observés pour l'évolution du métabolisme des foies après gavage avec du maïs waxy sont proches de ceux obtenus sur des foies issus d'un gavage avec du maïs témoin (Tableau 3). Il est toutefois intéressant de noter que l'expression du transcrit *DGAT2* chute d'un facteur 11 entre 9 et 15h de jeûne, ce qui suggère qu'à 15h de jeûne, les foies stockent moins d'énergie sous forme de triglycérides qu'à 9h.

L'évolution dans le temps des protéines et des transcrits étant proche dans les foies issus des gavages avec les deux types de maïs, la comparaison à une même durée de jeûne des deux types de maïs n'a permis d'identifier que peu de molécules. En effet, seuls 7 protéines et 7 transcrits ont un niveau d'expression différent entre les deux types de maïs après 9h de jeûne et seuls 7 protéines et 1 transcrit après 15h de jeûne. Après 9h de jeûne, certains gènes de la glycolyse (*TPI1*, non présenté et *ALDOB*) et de la lipogenèse (*ACSL1*) sont plus exprimés dans les foies issus d'un gavage avec le maïs waxy par rapport aux foies issus d'un gavage avec du maïs témoin. Ces résultats suggèrent que le métabolisme des foies issus de gavage avec du maïs waxy à 9h de jeûne est plus actif. Ces résultats sont cohérents avec ceux obtenus par Théron *et al.* (2011). En effet, ces auteurs avaient mis en évidence que les foies qui fondent peu au cours de la cuisson sont ceux qui présentent des processus anaboliques au moment de l'abattage. Puis à 15h de

jeûne, le métabolisme des foies est équivalent quel que soit le type de maïs utilisé en gavage.

## CONCLUSION

Dans cet essai, le poids de foie des canards n'est pas modifié entre 9h et 15h de jeûne quel que soit le type de maïs utilisé en gavage. Mais le rendement technologique est meilleur à 9h de jeûne lorsque du maïs waxy est utilisé en gavage par rapport au maïs témoin. A 9h de jeûne, le taux de lipides est inférieur

avec le maïs waxy qu'avec le maïs témoin et le niveau d'expression des protéines et des transcrits met en évidence que la glycolyse et la lipogenèse sont légèrement plus activées.

## REMERCIEMENTS

Nous remercions l'ensemble du personnel de la Ferme de l'oie et du canard (Coulaures, Dordogne) ainsi que Monsieur Alain Auvergne (UMR 1289 TANDEM) pour la réalisation de cette étude.

## REFERENCES BIBLIOGRAPHIQUES

1. Babilé R., 1989. Thèse de Doctorat. I.N.P., Toulouse. 315p.
2. Baudonnet-Lenfant C., *et al.* 1991. Ann. Zootech. 40, 161-170.
3. Bonnefont CMD., *et al.* 2014. Poult. Sci. 93(6):1542-52.
4. Bouillier-Oudot M., *et al.*, 1996. 2<sup>èmes</sup> JRPFG, Bordeaux, 12-13 mars.
5. Cases S., *et al.* 2001. J. Biol Chem. 276(42) :38870-6.
6. Chang TY., *et al.* 2009. Am J Physiol Endocrinol Metab. 297(1): E1-9.
7. Chypre M. , *et al.* 2012. Biochem Biophys Res Commun. 422(1):1-4.
8. Dentin R., *et al.* 2012. J Hepatol. 56(1):199-209.
9. JOCE 1971 Dosage de l'humidité. JOCE L279/8. Eur-Op News, Luxembourg
10. Folch J., *et al.* 1957. J. Biol. Chem. 226:497-509.
11. McGarry JD. et Brown NF. 1997. Eur J Biochem. 15;244(1):1-14.
12. Lavigne F., *et al.*, 2015. 11<sup>èmes</sup> JRA-JRFG, Tours, 25-26 mars.
13. Leprettre *et al.*, 2000. 4<sup>èmes</sup> JRPFG, Bordeaux, 4-5 octobre.
14. Myher J.J. et Kuksis A., 1984. J. Biochem. Biophys. Methods. 10:13-23.
15. Shieh *et al.*, 2010. Biochim Biophys Acta. 1801(7):721-30.
16. Théron L., *et al.*, 2011. J. Agric. Food Chem. 59:12617-12628.
17. Théron L., *et al.*, 2012. J. Anim. Sci. 90:3312-3317.
18. Weimar JD., *et al.* 2002. J Biol Chem. 277(33):29369-29376.

**Tableau 1.** Effet du type de maïs utilisé en gavage et de la durée de jeûne post-prandial sur la composition biochimique, le poids et le rendement technologique des foies. Les résultats sont présentés comme moyenne  $\pm$  écart-type. Le taux de matière sèche, le taux de lipides totaux et le rendement technologique sont exprimés en pourcentage de matière fraîche et les taux de chaque classe de lipides sont exprimés en pourcentage de lipides totaux.

	Maïs témoin 9h (n=10)	Maïs témoin 15h (n=6)	Maïs Waxy 9h (n=10)	Maïs Waxy 15h (n=6)	p-value
Foie (g)	666,7 $\pm$ 76,6	687,9 $\pm$ 62,2	650,3 $\pm$ 83,2	615,5 $\pm$ 66,0	0,473
Rendement technologique (%)	81,7 $\pm$ 11,9 <sup>b</sup>	74,6 $\pm$ 9,3 <sup>b</sup>	88,7 $\pm$ 9,5 <sup>a</sup>	74,3 $\pm$ 10,9 <sup>b</sup>	0,039
Matière sèche (%)	66,4 $\pm$ 2,9 <sup>b</sup>	70,1 $\pm$ 1,1 <sup>a</sup>	62,8 $\pm$ 3,7 <sup>c</sup>	69,4 $\pm$ 2,0 <sup>a</sup>	0,002
Lipides totaux (%)	58,3 $\pm$ 3,5 <sup>a</sup>	60,0 $\pm$ 1,3 <sup>a</sup>	54,4 $\pm$ 4,1 <sup>b</sup>	60,7 $\pm$ 2,3 <sup>a</sup>	0,019
Acides gras libres (% lip)	2,0 $\pm$ 0,5 <sup>a</sup>	0,7 $\pm$ 0,8 <sup>b</sup>	2,0 $\pm$ 0,5 <sup>a</sup>	0,6 $\pm$ 0,5 <sup>b</sup>	0,002
Monoglycérides (% lip)	0,2 $\pm$ 0,1	0,1 $\pm$ 0,0	0,1 $\pm$ 0,0	0,1 $\pm$ 0,0	0,519
Diglycérides (% lip)	0,4 $\pm$ 0,0	0,5 $\pm$ 0,1	0,4 $\pm$ 0,1	0,4 $\pm$ 0,1	0,115
Cholestérol (% lip)	0,4 $\pm$ 0,0	0,4 $\pm$ 0,0	0,4 $\pm$ 0,0	0,4 $\pm$ 0,0	0,378
Cholestérol estérifié (% lip)	0,4 $\pm$ 0,1	0,4 $\pm$ 0,1	0,5 $\pm$ 0,2	0,4 $\pm$ 0,1	0,517
Triglycérides (% lip)	96,7 $\pm$ 0,6 <sup>b</sup>	98,0 $\pm$ 0,8 <sup>a</sup>	96,7 $\pm$ 0,5 <sup>b</sup>	98,0 $\pm$ 0,5 <sup>a</sup>	0,001

Des lettres différentes sur une même ligne indiquent des moyennes significativement différentes ( $p < 0.05$ ).

**Tableau 2.** Effet de la durée de jeûne post-prandiale sur les fonctions métaboliques des foies issus d'un gavage au maïs témoin. Les fonctions sont identifiées avec le logiciel Ingenuity Pathway Analysis® ( $p < 0,001$ ). Les transcrits sont écrits en italique et les protéines en lettres droites. Les molécules sur-exprimées au cours du temps sont écrites en gras et celles qui sont sous-exprimées ne sont pas en gras.

Fonctions métaboliques	Nombre molécules	Molécules
Glycolyse I	3	<i>ALDOB</i> , <i>GAPDH</i> , <i>ENO1</i>
Métabolisme des glucides	8	<i>ALDOB</i> , <i>CD36</i> , <i>CPT1A</i> , <i>DGAT2</i> , <i>GAPDH</i> , <i>GRB2</i> , <i>PPAR<math>\gamma</math></i> , <i>PRPS2</i>
Métabolisme des acides gras	10	<i>ACLY</i> , <i>ACSL1</i> , <i>CD36</i> , <i>ChREBP</i> , <i>CPT1A</i> , <i>FABP7</i> , <i>FASN</i> , <i>LTF</i> , <i>PPAR<math>\gamma</math></i> , <i>SOAT1</i>

**Tableau 3.** Effet de la durée de jeûne post-prandiale sur les fonctions métaboliques des foies issus d'un gavage au maïs waxy. Les fonctions sont identifiées avec le logiciel Ingenuity Pathway Analysis® ( $p < 0,001$ ). Les transcrits sont écrits en italique et les protéines en lettres droites. Les molécules sur-exprimées au cours du temps sont écrites en gras et celles qui sont sous-exprimées ne sont pas en gras.

	Nombre molécules	Molécules
Métabolisme des acides gras	10	<i>ACLY</i> , <i>ACSL1</i> , <i>CPT1A</i> , <i>FABP7</i> , <i>FASN</i> , <i>GPAM</i> , <i>LTF</i> , <i>ChREBP</i> , <i>PLIN2</i> , <i>SOAT1</i>
Métabolisme du glucose	11	<i>ACSL1</i> , <i>CPT1A</i> , <i>CTSH</i> , <i>DGAT2</i> , <i>EEF2</i> , <i>FABP7</i> , <i>FASN</i> , <i>GPAM</i> , <i>GRB2</i> , <i>PLIN2</i> , <i>SOAT1</i>