



HAL
open science

SEXYTROUT - Caractérisation du phénotype gonadique d'une population de truite arc-en-ciel porteuse d'une mutation masculinisante (mutation "mal". (2009-2012)

Karina K. Valdivia, Alexis Fostier, Brigitte Mourot, Elodie Jouanno, René Guyomard, Edwige Quillet, Marta Tomaszewicz, Marion Gueroult-Bellone, Jean-Nicolas Volff, Delphine Galiana-Arnoux, et al.

► To cite this version:

Karina K. Valdivia, Alexis Fostier, Brigitte Mourot, Elodie Jouanno, René Guyomard, et al.. SEXYTROUT - Caractérisation du phénotype gonadique d'une population de truite arc-en-ciel porteuse d'une mutation masculinisante (mutation "mal". (2009-2012). 8. Journées Agenae, Nov 2010, Bordeaux, France. hal-01193679

HAL Id: hal-01193679

<https://hal.science/hal-01193679>

Submitted on 4 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.

SEXYTROUT – Caractérisation du phénotype gonadique d'une population de truite arc-en-ciel porteuse d'une mutation masculinisante (mutation «mal»).

Présenté par : Karina Valdivia
Courriel : karina.valdivia@rennes.inra.fr

SEXYTROUT – Caractérisation du phénotype gonadique d'une population de truite arc-en-ciel porteuse d'une mutation masculinisante (mutation «mal»). (2009-12) Karina VALDIVIA¹, Alexis FOSTIER¹, Brigitte MOUROT¹, Elodie JOUANNO¹, René GUYOMARD², Edwige QUILLET², Marta TOMASZKIEWICZ³, Marion GUEROULT-BELLONE³, Jean-Nicolas VOLFF³, Delphine GALIANA-ARNOUX³, Yann GUIGUEN¹

Projet soutenu dans le cadre de l'édition 2008 de l'appel à projets GENANIMAL

Projet cofinancé par le Comité interprofessionnel des produits de l'aquaculture

¹SCRIBE, INRA, Rennes France ; ²GABIE, INRA, Jouy-en-Josas France ; ³IGFL / ENS, Lyon, France.

Mots clefs : Poissons, déterminisme sexuel, différenciation sexuelle

Résumé

Au contraire de la situation observée chez les mammifères et les oiseaux, chez lesquels un système majeur de déterminisme du sexe a été maintenu pendant au moins 100 millions d'années, une grande diversité de mécanismes contrôlant le sexe existe chez les poissons. Plus particulièrement, les salmonidés sont considérés comme ayant un système de déterminisme du sexe strictement génétique à hétérogamétie mâle (les mâles XY et femelles XX). Cependant, de manière inattendue, des mâles ont été observés dans des lignées homozygotes génétiquement femelles (XX), obtenues après gynogenèse chez la truite arc-en-ciel *Oncorhynchus mykiss*. Des analyses génétiques de ce phénotype masculinisé (*mal*) suggèrent qu'il serait dû à une mutation récessive dans un locus mineur de déterminisme du sexe appelé *mal*. Ce projet de recherche combine des approches génétiques, génomiques et transcriptomiques pour identifier ce locus *mal* au niveau moléculaire. Trois stratégies convergentes seront développées pour atteindre cet objectif. Premièrement, une approche de type clonage positionnel doit permettre de localiser le locus *mal* sur la carte génétique de la truite arc-en-ciel. Des chromosomes bactériens artificiels (BAC) recouvrant cette région seront ensuite séquencés pour identifier des gènes pouvant correspondre à *mal*. Deuxièmement, une approche de type gènes candidats visera à identifier les gènes impliqués dans le déterminisme du sexe et la différenciation sexuelle par analyse bioinformatique dans des banques de séquences de truite arc-en-ciel. Ces gènes seront ensuite cartographiés pour tester leur possible co-localisation avec le locus *mal*. Troisièmement, après caractérisation du phénotype gonadique des individus *mal* et de l'effet de la température sur leur apparition dans des populations homozygotes génétiquement femelles, les profils d'expression génique seront étudiés pour les différents phénotypes sexuels par puce à ADN, PCR quantitative et hybridation *in situ*, de manière à identifier les dérégulations des gènes et des réseaux géniques associées à ce phénotype. Ces gènes dérégulés et leurs régulateurs, considérés comme des candidats pour *mal*, seront également localisés sur la carte génétique. Les gènes candidats identifiés par ces trois stratégies complémentaires, retenus sur la base de leur co-localisation avec le locus *mal* et de leur profil d'expression compatible avec un rôle dans le déterminisme du sexe ou la différenciation sexuelle, seront séquencés chez des femelles XX et des mâles *mal/mal* de manière à déterminer le gène et la mutation responsables du phénotype masculinisé.

Principaux résultats obtenus et applications envisageables

La caractérisation du phénotype gonadique des individus « mal » à été initiée et l'histologie gonadique de ces animaux apparaît très perturbée avec un retard de développement des gonades très important, une désorganisation de la structure gonadique et une moins grande quantité de cellules germinales. Ces analyses histologiques ont été complétées par des analyses de profils d'expression d'un certain nombre de gènes candidats. Parmi ceux-ci, l'expression de l'aromatase gonadique (*cyp19a1a*), qui est une enzyme clef du processus de différenciation de l'ovaire chez les poissons, apparaît fortement perturbée chez les animaux porteurs de la mutation « mal ». Cette perturbation de l'expression de *cyp19a1a* chez les animaux porteurs est à la fois quantitative, avec une baisse d'un facteur 2 à 3, et qualitative, avec un motif d'expression irrégulier le long de la gonade. Cette perturbation de l'aromatase gonadique pourrait expliquer la masculinisation, plus ou moins complète, de ces animaux. Enfin, pour enrichir l'information donnée par les profils d'expression des seuls gènes candidats, nous avons réalisé une analyse globale de l'évolution des transcriptomes des gonades en cours de différenciation. Ces résultats montrent que la perturbation des profils d'expression génique est très marquée dans les gonades des animaux porteurs de la mutation. Nous avons aussi démontré qu'une température d'élevage élevée (18°C), appliquée lors des phases précoces de développement, induisent une plus grande fréquence de masculinisation en comparaison de températures « froide » (8°C) et « moyenne » (12°C). Une forte température a donc un effet favorable à l'expression d'un phénotype gonadique « masculinisé ».

Perspectives

Dans un contexte aquacole, il est attendu d'une meilleure connaissance de la base génétique et environnementale de ce type de masculinisation la possibilité de mieux contrôler un phénomène comparable apparu ces dernières années dans les élevages (occurrence d'individus XX mâles). Enfin, le décryptage des mécanismes environnementaux modulant la différenciation gonadique pourrait ouvrir la voie au développement de nouvelles méthodes de contrôle du sexe chez la truite, basées sur l'utilisation de traitements thermiques comme alternatives aux traitements stéroïdiens actuels utilisés pour la production des géniteurs XX mâles (néomâles) fondateurs des populations monosexes femelles.

Publications issues des travaux soutenus dans le cadre du projet ANR

Brunet F. et al. (2009) Fish need pairs of old SOX, dating back from the teleost specific whole genome duplication. 13th Evolutionary Biology Meeting, Marseilles, France (poster).

Brunet F. et al. (2010) Fish have kept half of their old pairs of sox since the Teleost Specic Whole Genome Duplication. Consequences of duplication and alternative routes to innovation. 18th Annual Meeting of the Society for Molecular Biology and Evolution, Lyon, France (poster).

Marion Guérout-Bellone (2010) Influence of whole-genome duplications on sex determination and differentiation in fish. Rapport de stage de M1, master BioSciences de Lyon, ENS Lyon.