

# Expression de gènes dans le foie de canards nourris *ad libitum* ou gavés.

Hérault Frédéric, Houée-Bigot Magalie, Baéza Elisabeth, Bouchez Olivier, Esquerré Diane, Klopp Christophe, Diot Christian.



Frédéric Hérault



12èmes Journées de la Recherche Avicole et Palmipèdes à Foie Gras  
5 & 6 avril 2017 - Tours

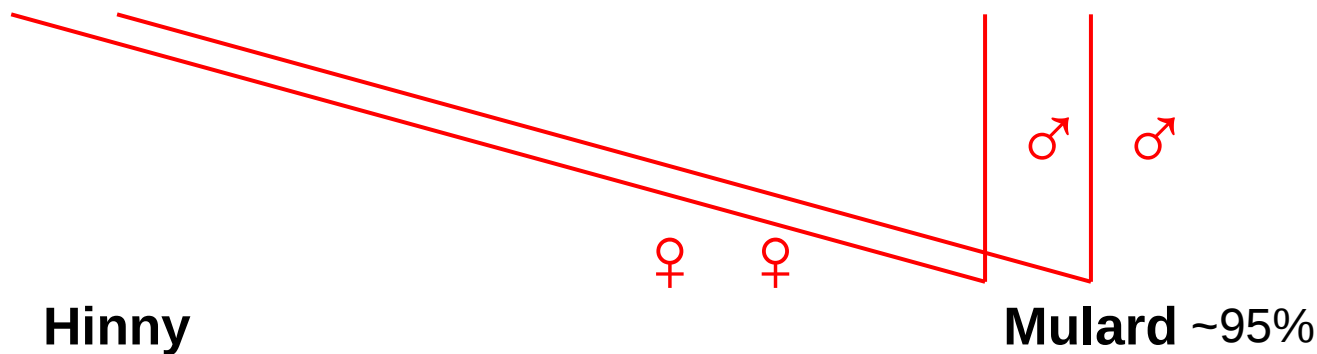
# Contexte: Production de foie gras de canard en France



**Pékin**



**Barbarie**



## Objectif :

Caractériser et comparer le transcriptome hépatique

- Quatre types génétiques,
- En réponse au gavage

## Dispositif expérimental:

- 10 canards \* 4 types génétiques \* 2 états (gavé / *ad libitum*)
- 14 jours de gavage
- Foies prélevés 15h après dernier repas

## Séquençages RNAseq (GeT-Plage Genotoul):

- Paired-end / chimie TruSeq v3
- 340.106 séquences par échantillon
- Mapping sur le génome de référence du canard (Pékin) : TopHat
- Comptage 23059 gènes exprimés : Cufflinks

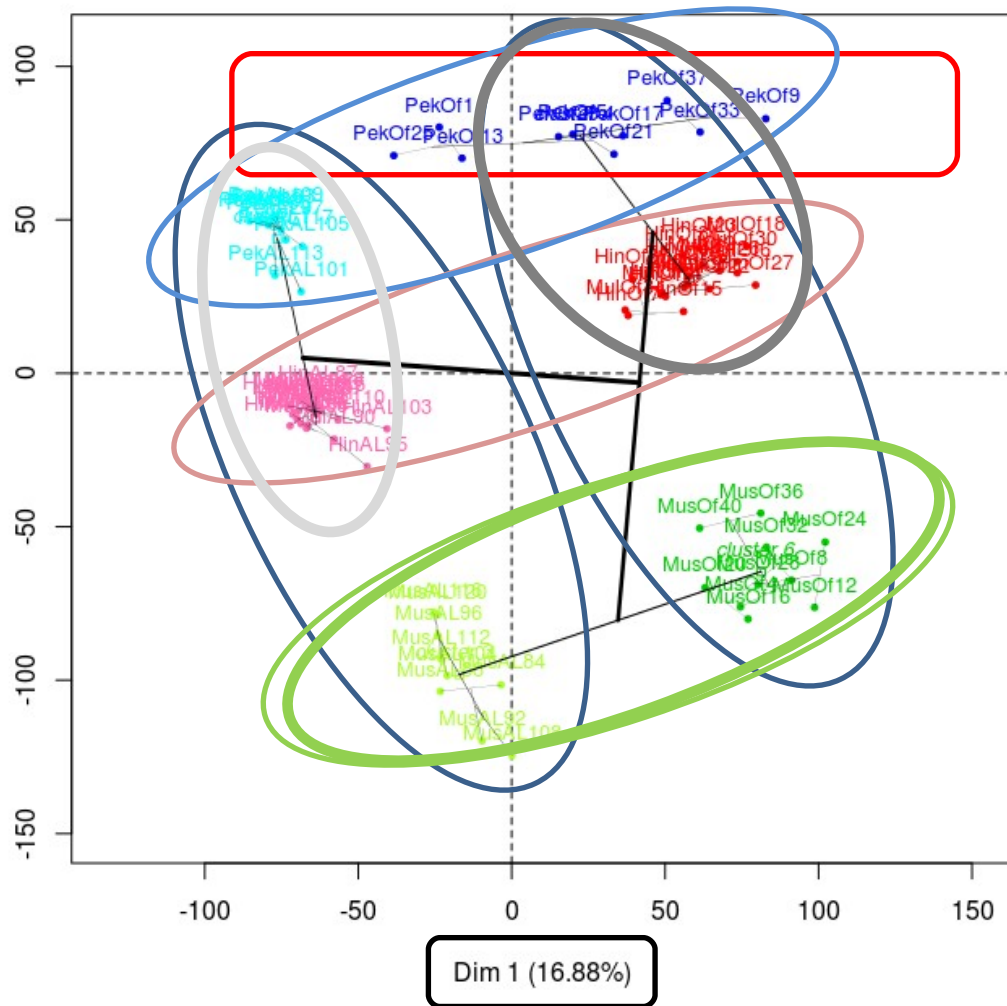
## Analyses des données:

- Normalisation des données de comptage (TMM)
- Analyses des expressions différentielles : package R « edgeR »
- Analyse d'enrichissement d'annotation fonctionnelle : DAVID (<https://david.ncifcrf.gov/>)

1-Robinson MD, McCarthy DJ and Smyth GK (2010). edgeR: a Bioconductor package for differential expression analysis of digital gene expression data. *Bioinformatics* 26, 139-140  
2-McCarthy DJ, Chen Y and Smyth GK (2012). Differential expression analysis of multifactor RNA-Seq experiments with respect to biological variation. *Nucleic Acids Research* 40, 4288-4297  
3-Huang DW, Sherman BT, Lempicki RA. Systematic and integrative analysis of large gene lists using DAVID Bioinformatics Resources. *Nature Protoc.* 2009;4(1):44-57. [PubMed]  
4-Huang DW, Sherman BT, Lempicki RA. Bioinformatics enrichment tools: paths toward the comprehensive functional analysis of large gene lists. *Nucleic Acids Res.* 2009;37(1):1-13. [PubMed]

# Analyses des données normalisées:

Factor map



## ACP:

- Axe 1 & 2 : 30 % variance
- Axe 1 : Gavés / *ad libitum*
- Grande variabilité Pékin gavés
- Axe 2 : Types génétiques pures / hybrides

## Clustering:

- Cluster 1 : Pékin & Hybrides *ad libitum*
- Cluster 2 : Pékin & Hybrides gavés
- Cluster 3 : Barbarie gavés / *ad libitum*

# 1ers messages à ramener à la maison...

- ✓ Effet gavage > effet génotype
- ✓ Grande variabilité des Pékin gavés
- ✓ Les Barbarie non gavés ressemblent plus à des Barbarie gavés qu'aux autres canards non gavés
- ✓ Globalement, pas de différence entre Mulard et Hinny



Pékin



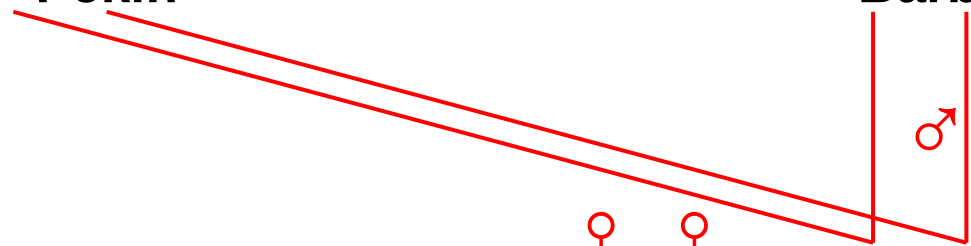
Barbarie

Hinny

♀ ♀

♂ ♂

Mulard-95%

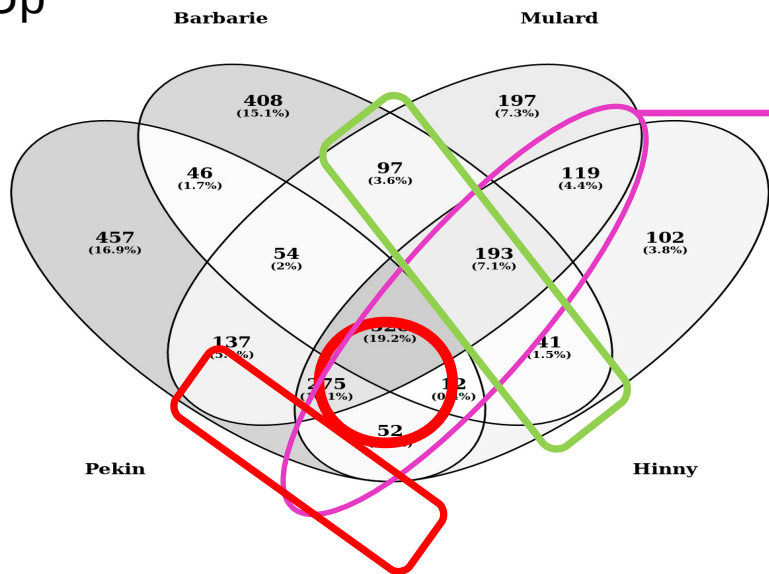


# Expression différentielle

- ad libitum / gavés pour chaque génotype

	Pékin	Barbarie	Mulard	Hinny	Commun
DEG all	2233	2144	2545	2238	758 (17,8 %)
DEG up	1553	1371	1592	1314	520 (19,2%)

Up



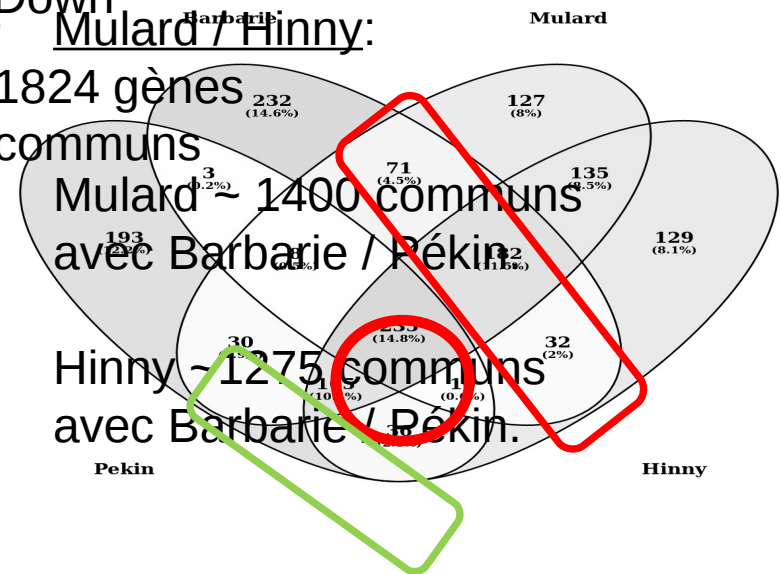
Down

• Mulard / Hinny:

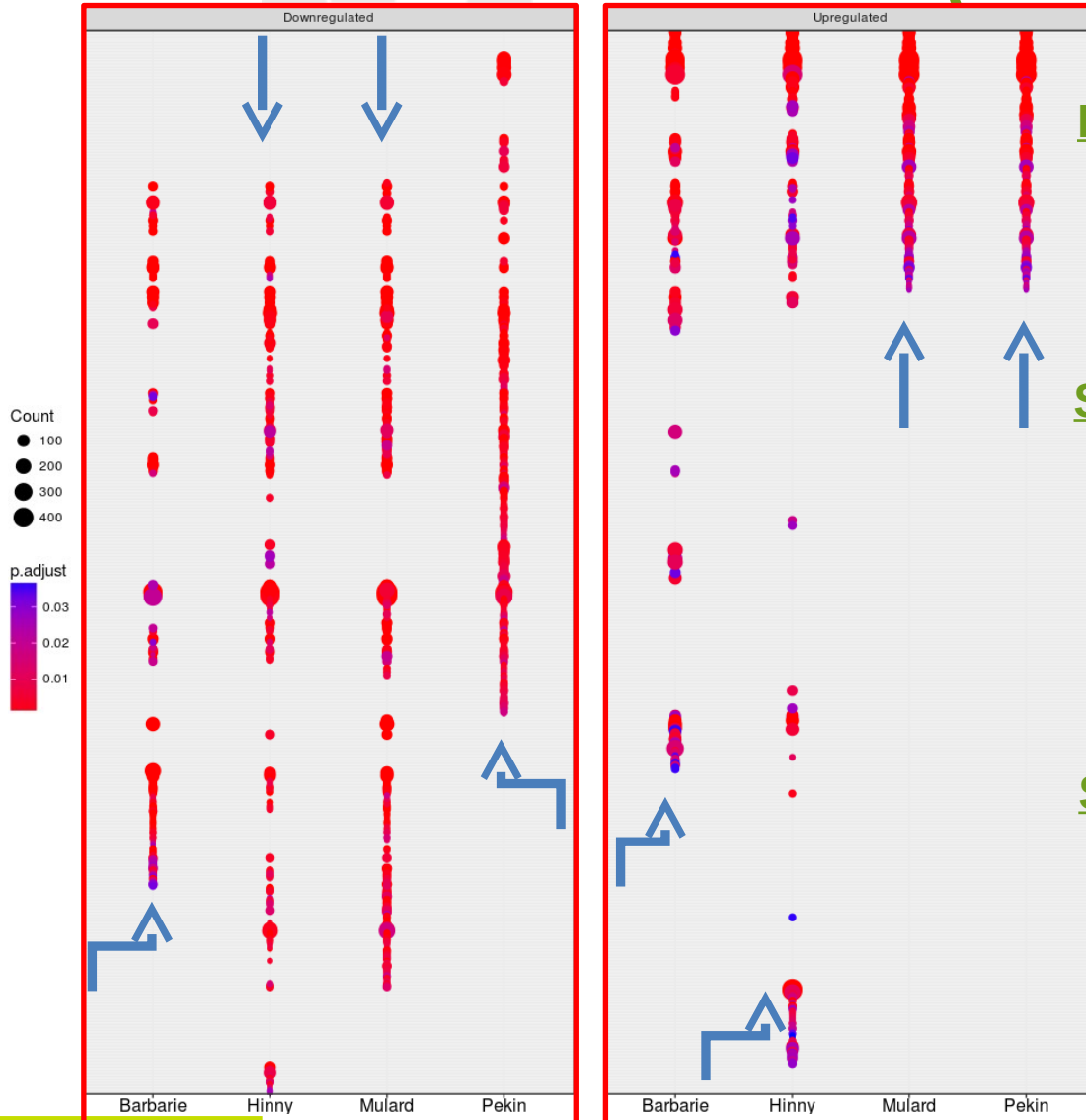
1824 gènes communs

• Mulard ~ 1400 communs avec Barbarie / Pékin.

• Hinny ~ 1275 communs avec Barbarie / Pékin.



# Annotation fonctionnelle (611 GO BP)



## Ensemble des gènes différentiels:

- 4 types génétiques = 4 profils d'enrichissement fonctionnel.

## Sous - exprimés lors du gavage:

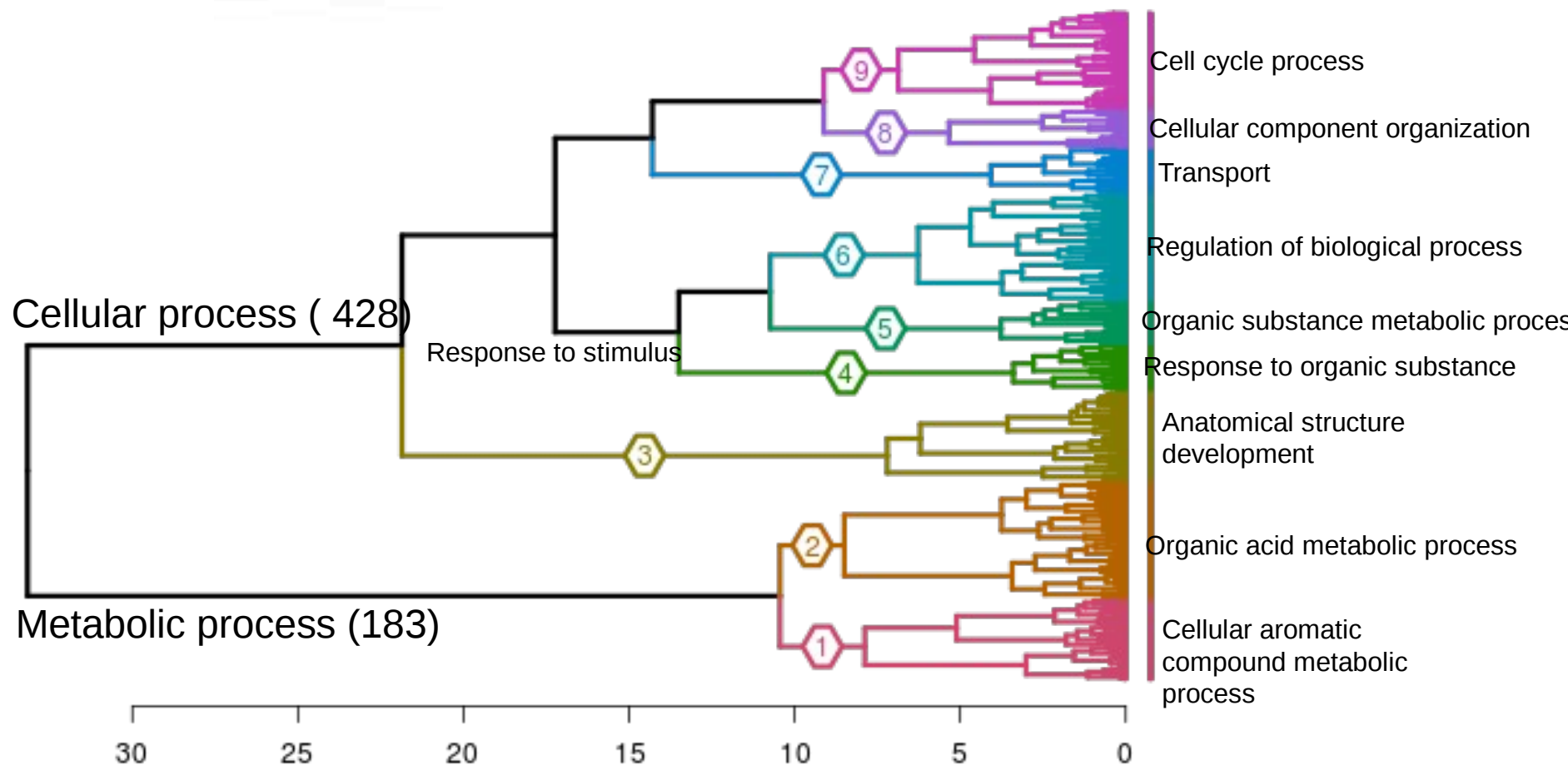
- Profils Mulard, Hinny assez proches
- Profils Mulard, Hinny plus proches Barbarie que Pékin

## Sur - exprimés lors du gavage:

- Similitude de profil Pékin, Mulard
- Profil spécifique Barbarie ou Hinny

# Annotation fonctionnelle (611 GO BP)

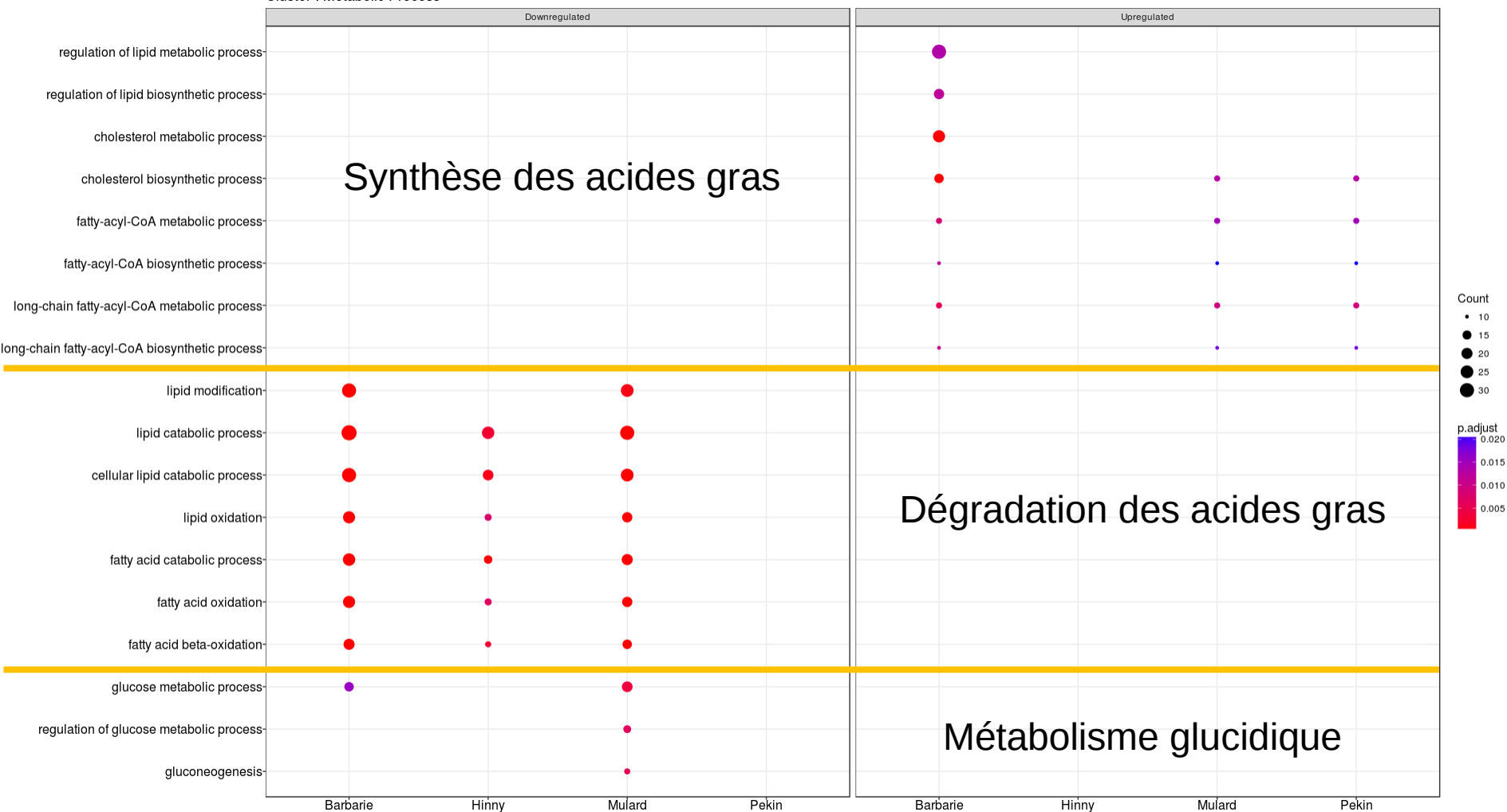
Clustering GO BP selon leur similarité :





# Annotation fonctionnelle : Metabolic process

Cluster : Metabolic Process

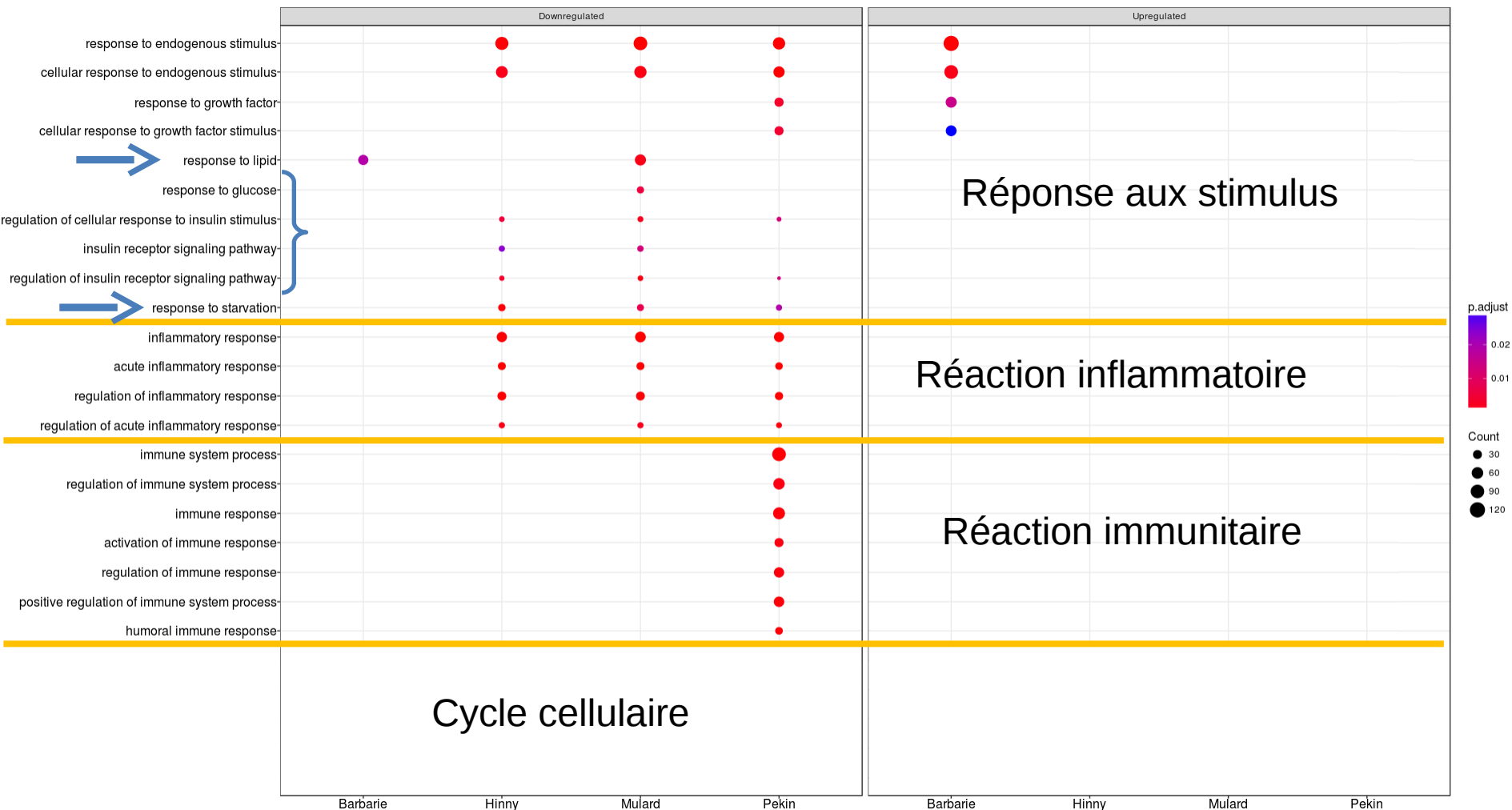


Count  
 • 10  
 • 15  
 • 20  
 • 25  
 • 30

p.adjust  
 0.020  
 0.015  
 0.010  
 0.005

# Annotation fonctionnelle: Cellular process

Cluster : cellular process



p.adjust  
0.02  
0.01

Count  
● 30  
● 60  
● 90  
● 120

## 2emes messages à ramener à la maison...

- ✓ **Nombreux gènes différentiels = nombreuses fonctions induites ou réprimées par le gavage**
- ✓ **Hybride = Barbarie pour les fonctions réprimées**
- ✓ **Hybride = Pékin pour les fonctions induites**
- ✓ **Fonctions plus ou moins attendues:**
  - ↗ Synthèse acides gras.
  - ↘ Dégradation des acides gras
  
  - ↘ Réponses inflammatoires et de défense
  - ↗ Cycle cellulaire



« significativité » des réponses:

- Inflammatoires, immunes ?



# Merci de votre attention.