



HAL
open science

Impact du climat, du stress thermique, et de la génétique sur le niveau d'expression des gènes des porcs du programme PigHeaT

Guillaume Devailly

► **To cite this version:**

Guillaume Devailly. Impact du climat, du stress thermique, et de la génétique sur le niveau d'expression des gènes des porcs du programme PigHeaT. Journées Scientifiques du Département Génétique Animale - La Génétique Animale et les Interactions, Oct 2018, Tours, France. hal-01929014

HAL Id: hal-01929014

<https://hal.science/hal-01929014>

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.



Distributed under a Creative Commons Attribution 4.0 International License

Impact du climat, du stress thermique, et de la génétique sur le niveau d'expression des gènes des porcs du programme *PigHeaT*



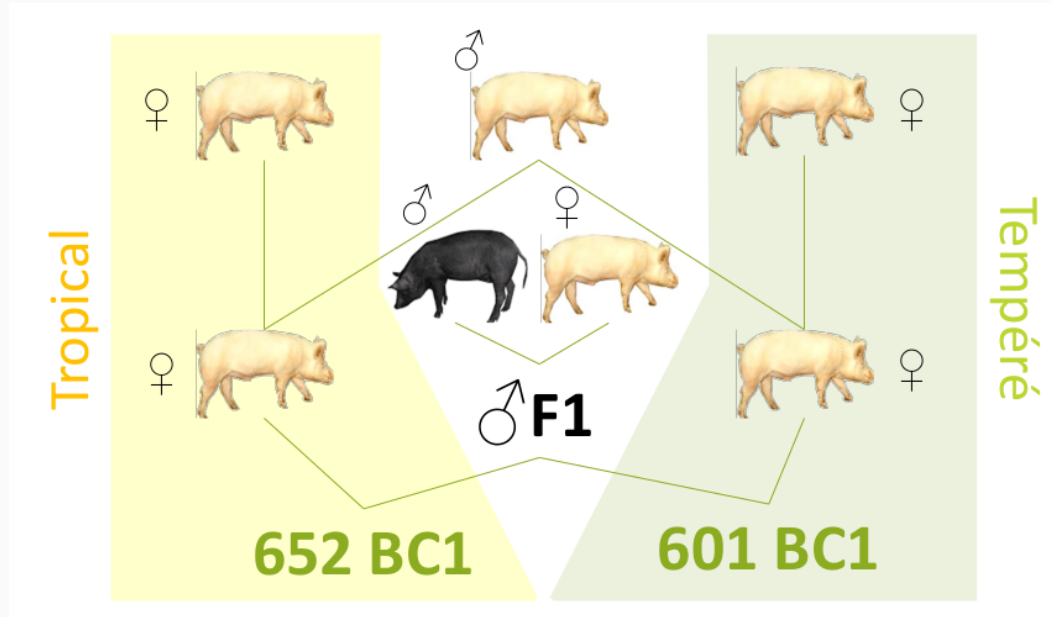
GenEpi@Genphyse

Guillaume Devailly - 2018/10/02-04

@G_Devailly

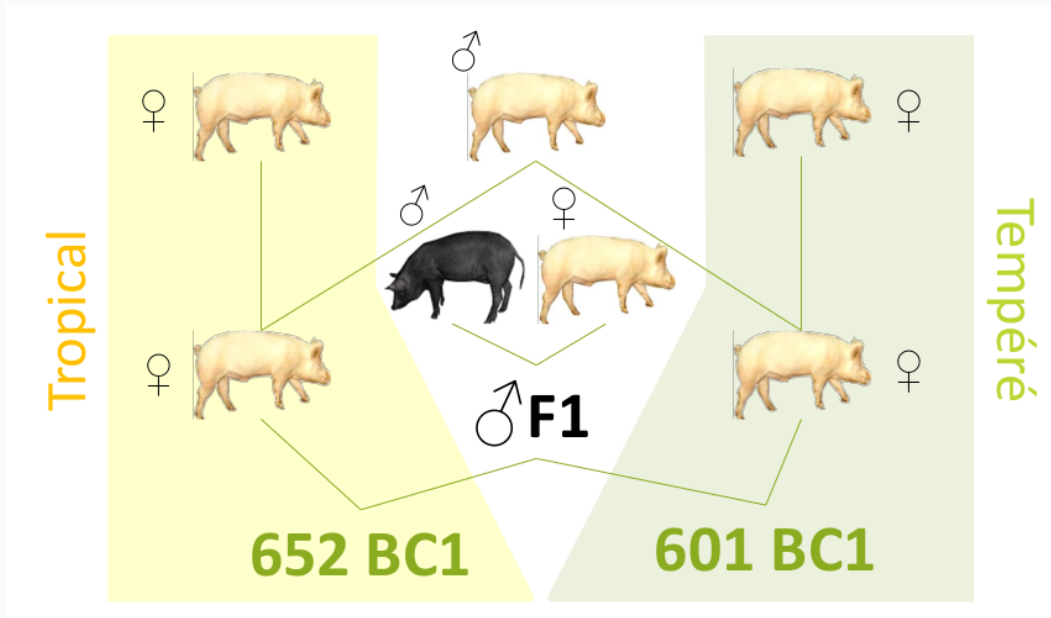


Le programme PigHeaT :



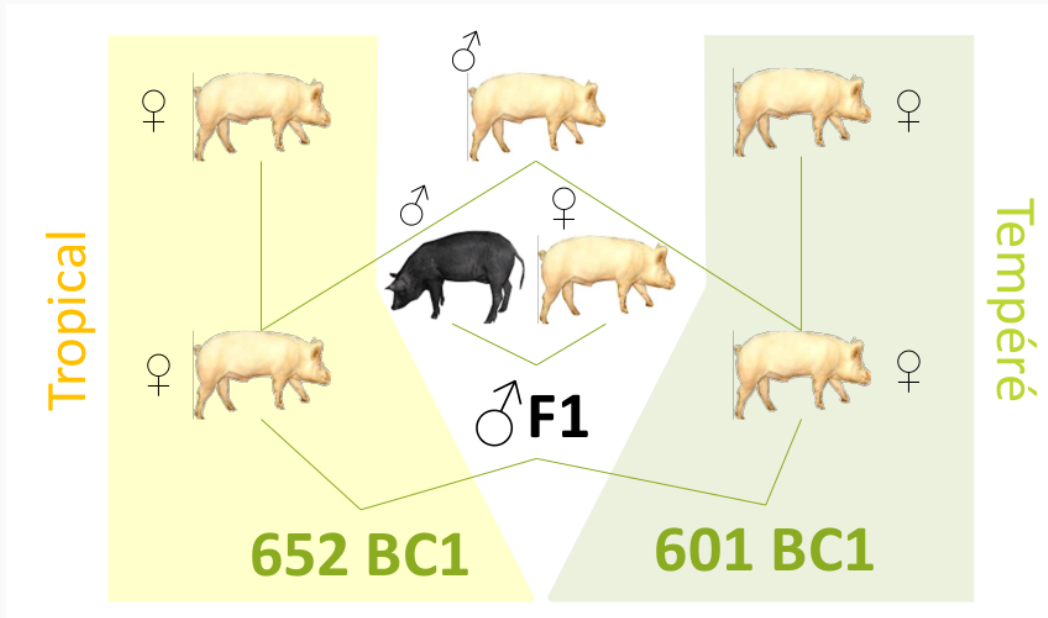
- Rétro-croisement de porcs **Large White** et **Créole**

Le programme PigHeaT :



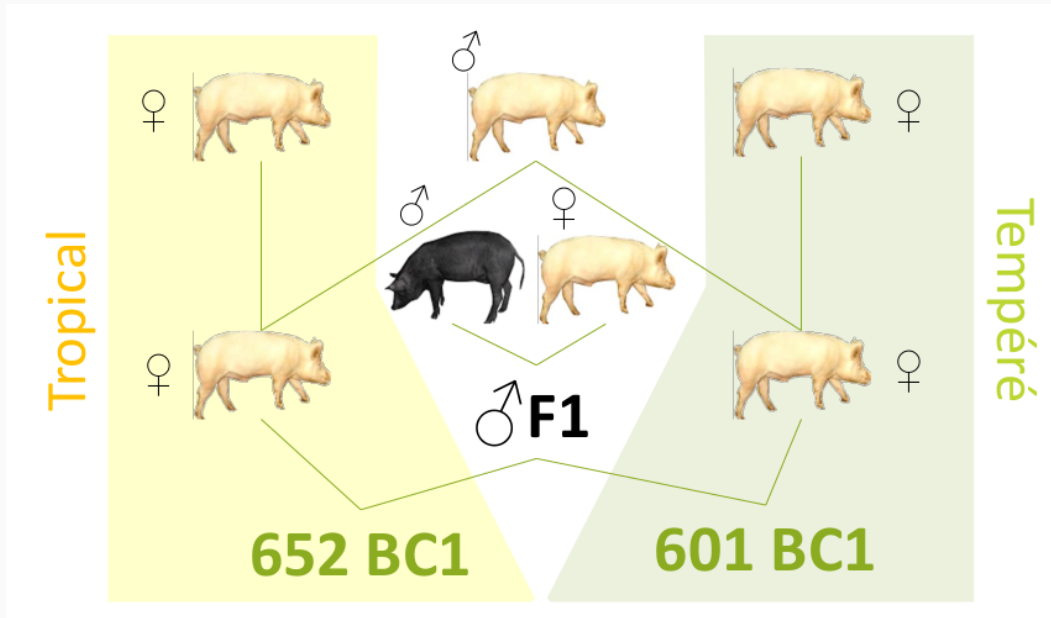
- Rétro-croisement de porcs **Large White** et **Créole**
- Élevés en environnement tempéré ou tropical
- Stress thermique (semaines 24 à 26) sur les animaux élevés en climat tempéré. Prises de sang avant, 48h après, et 15 jours après le début du stress.

Le programme PigHeaT :



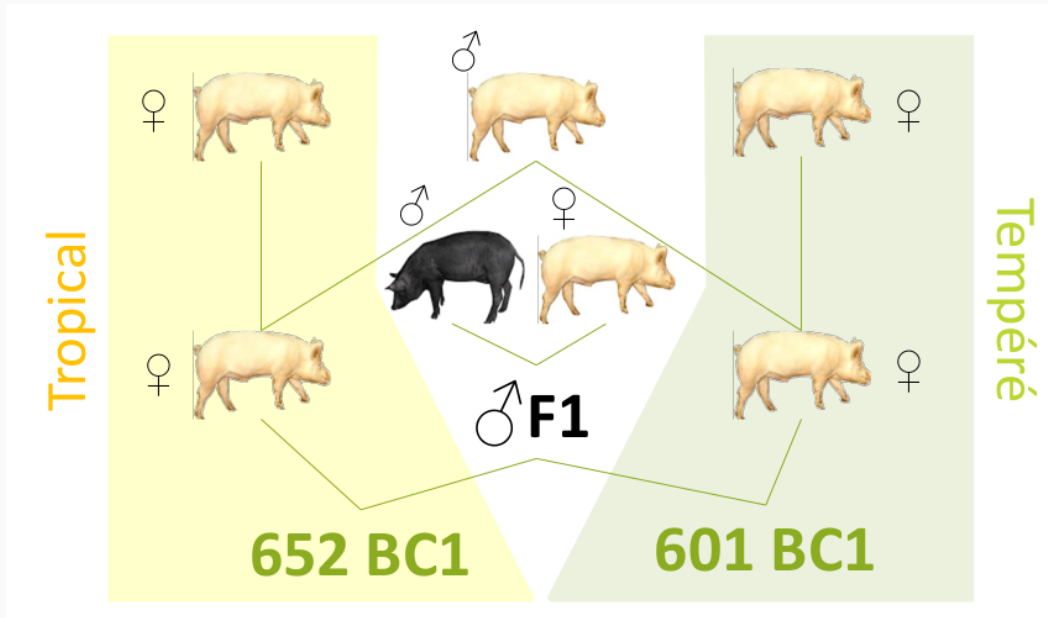
- Rétro-croisement de porcs **Large White** et **Créole**
- Élevés en environnement tempéré ou tropical
- Stress thermique (semaines 24 à 26) sur les animaux élevés en climat tempéré. Prises de sang avant, 48h après, et 15 jours après le début du stress.
- Génotype, métabolome & transcriptome sanguin, microbiote 16S

Le programme PigHeaT :



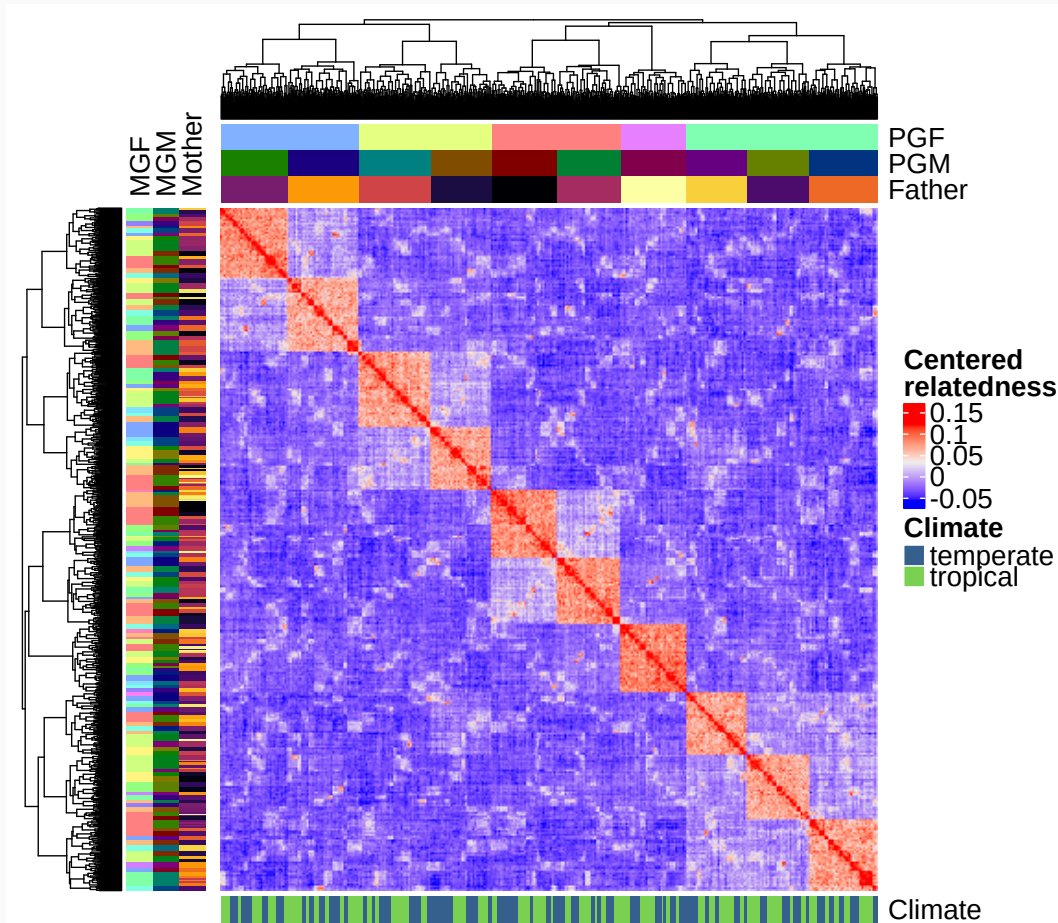
- Rétro-croisement de porcs **Large White** et **Créole**
- Élevés en environnement tempéré ou tropical
- Stress thermique (semaines 24 à 26) sur les animaux élevés en climat tempéré. Prises de sang avant, 48h après, et 15 jours après le début du stress.
- Génotype, métabolome & transcriptome sanguin, microbiote 16S
- Génétique quantitative : [Rosè et al., 2017](#), biomarqueurs métaboliques : [Dou et al., 2017](#)

Le programme PigHeaT :



- Rétro-croisement de porcs **Large White** et **Créole**
 - Élevés en environnement tempéré ou tropical
 - Stress thermique (semaines 24 à 26) sur les animaux élevés en climat tempéré. Prises de sang avant, 48h après, et 15 jours après le début du stress.
 - Génotype, métabolome & transcriptome sanguin, microbiote 16S
 - Génétique quantitative : [Rosè et al., 2017](#), biomarqueurs métaboliques : [Dou et al., 2017](#)
- > Détection de QTL, GxE : **poster de Yann Labrune**

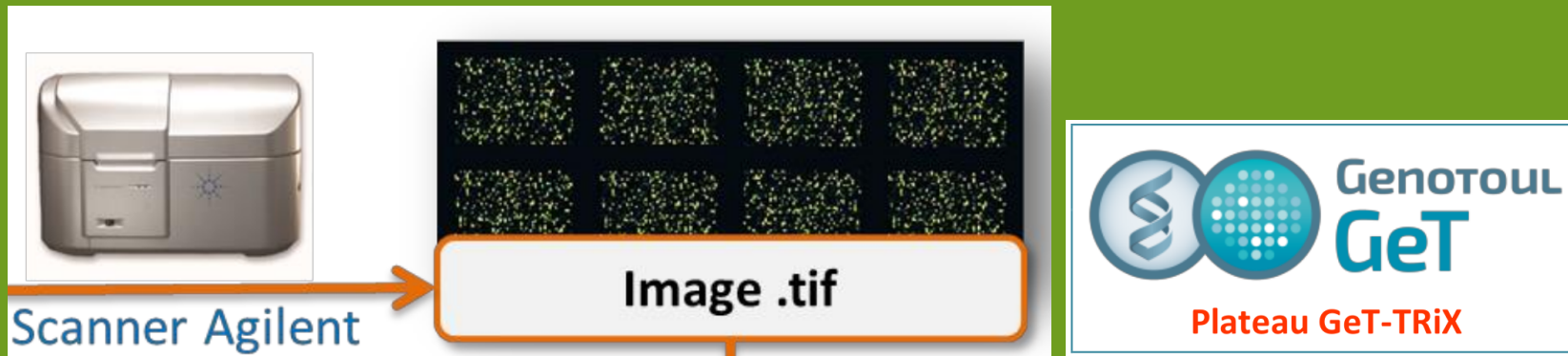
Génotypage des animaux



- puce 60K

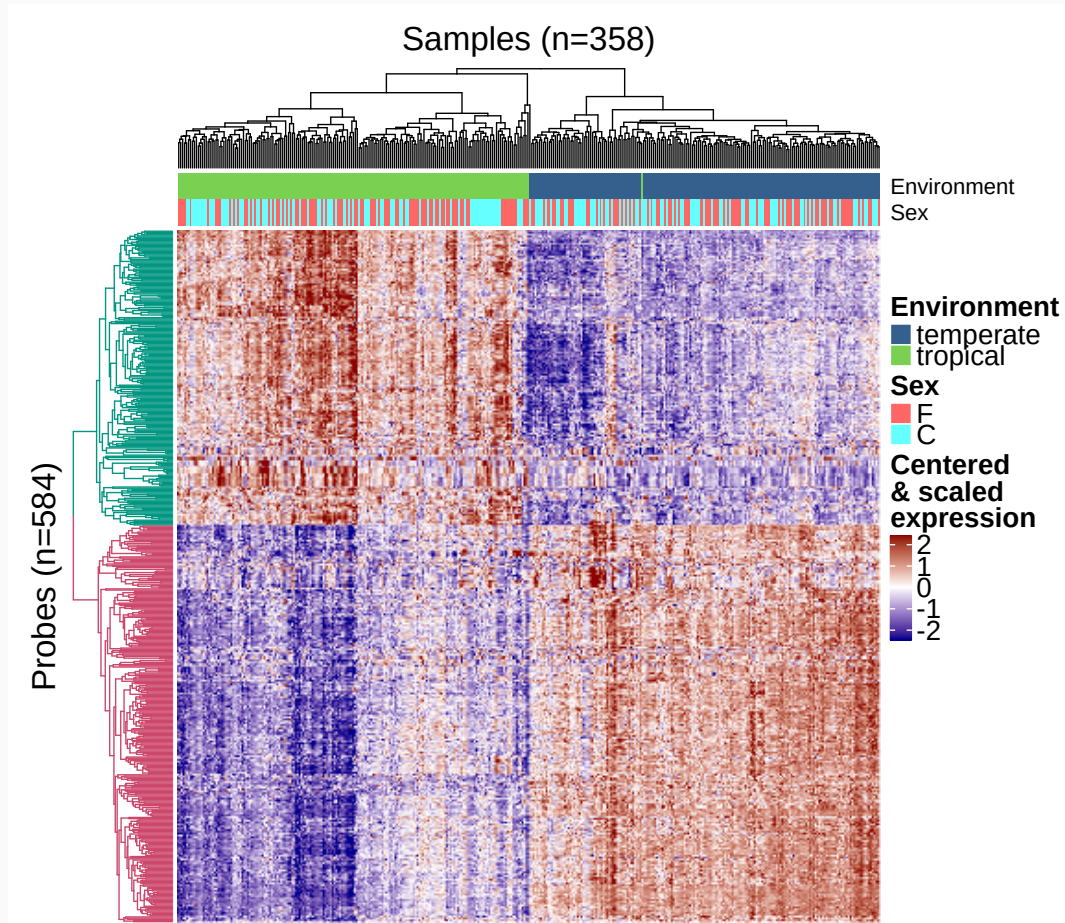
← Matrice d'apparentement

Analyses transcriptomiques



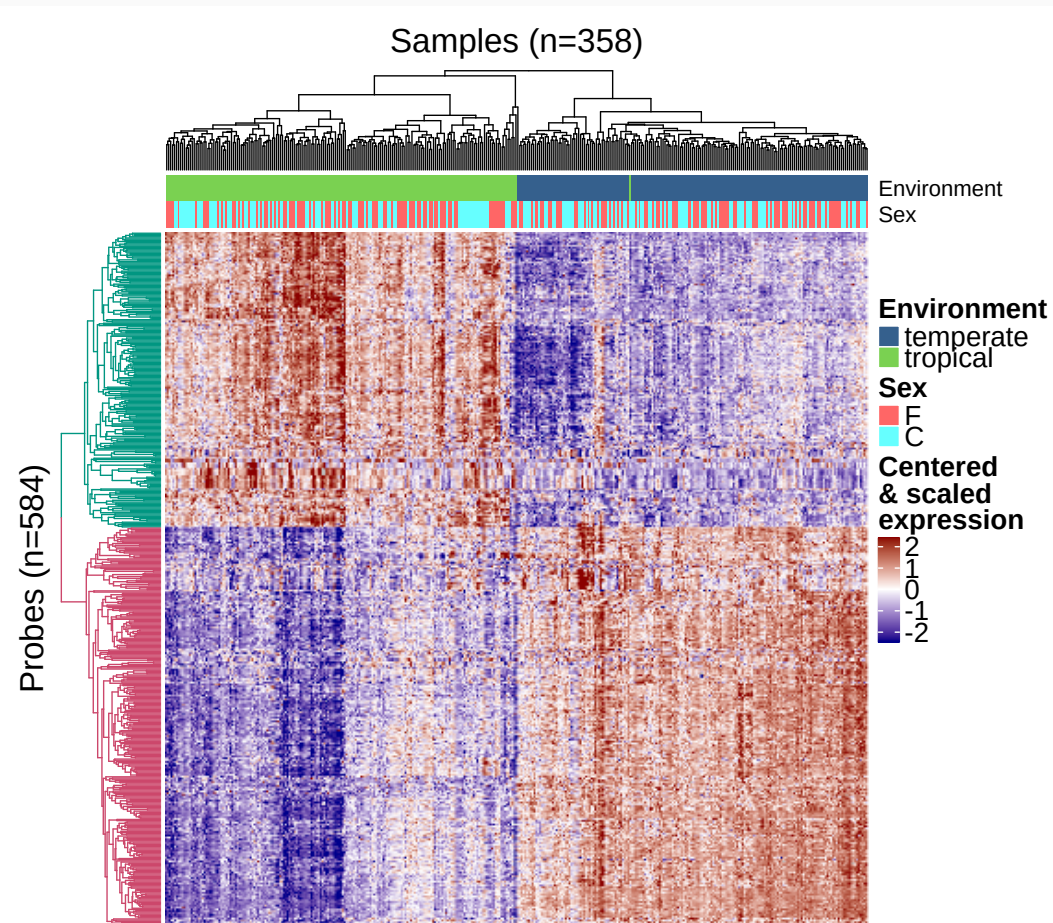
Puces Agilent SurePrint G3 Pig GE 8x60K (AMID 37880), Get-TRiX

Expression différentielle entre climat tempéré et tropical



Prise en compte des effets sexe, de la bande, et du lot d'analyse transcriptomique, avec *Limma*.

Expression différentielle entre climat tempéré et tropical



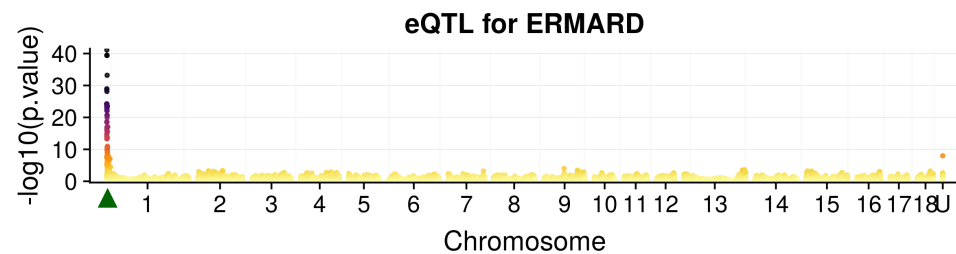
Prise en compte des effets sexe, de la bande, et du lot d'analyse transcriptomique, avec *Limma*.

Analyses ontologiques peu concluantes.

Ontologie	Tropical	Tempéré
Cellular response to TGF β stimulus	X	
Macrophage derived foam cell differentiation	X	
Regulation of heterotypic cell-cell adhesion	X	
Mitochondrial electron transport, cytochrome c to oxygen		X
Death-inducing signaling complex assembly		X

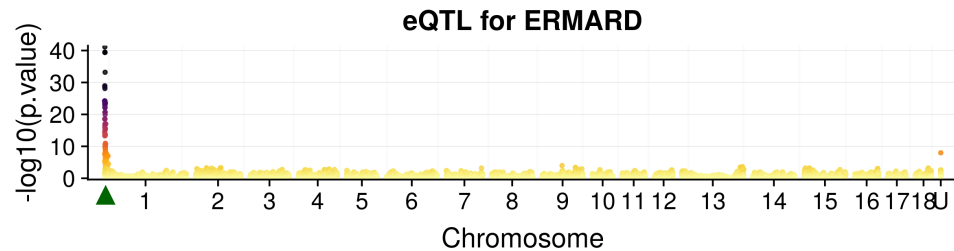
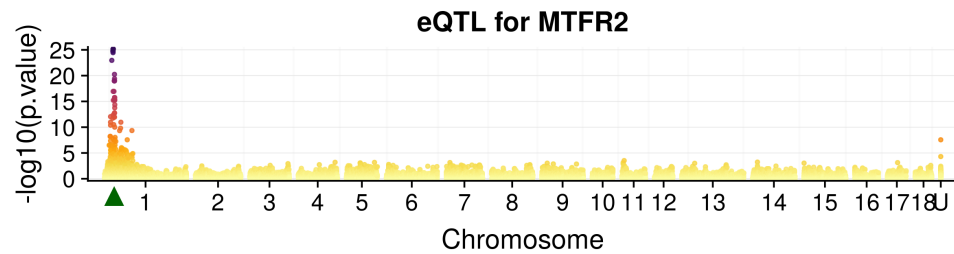
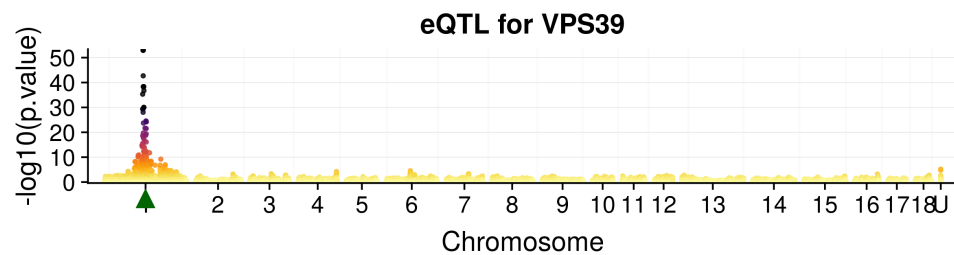
Détection de QTL d'expression

GWAS avec GEMMA



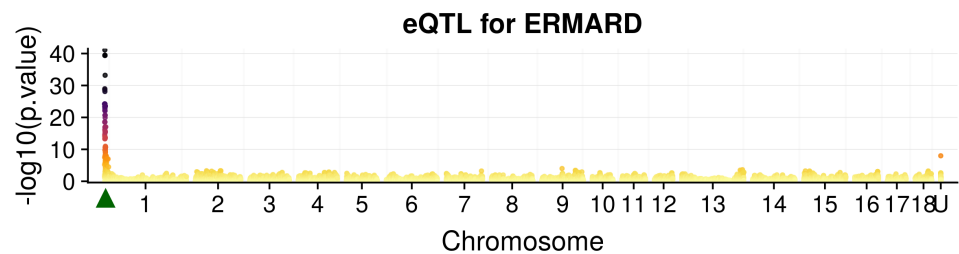
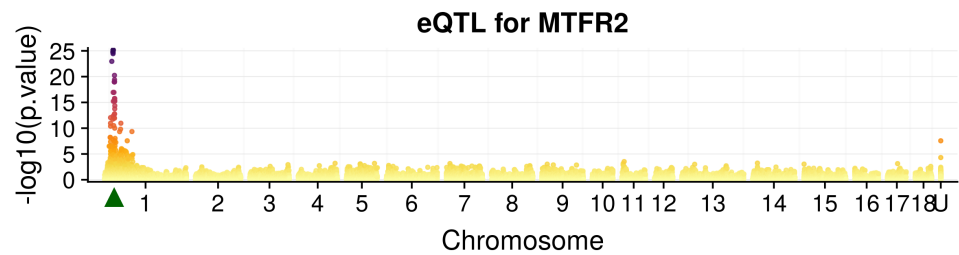
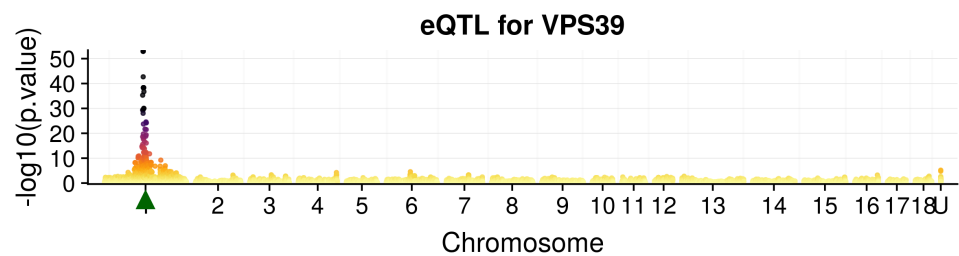
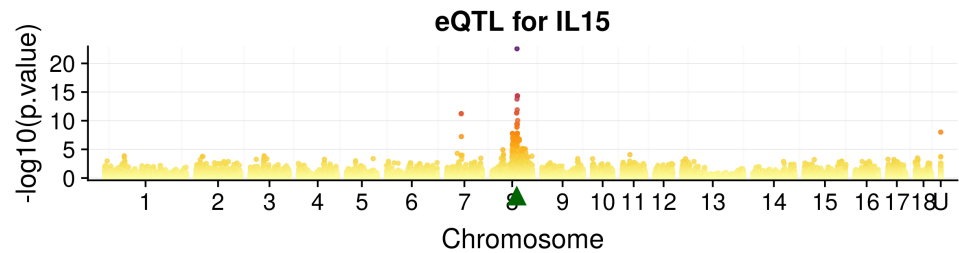
Détection de QTL d'expression

GWAS avec GEMMA

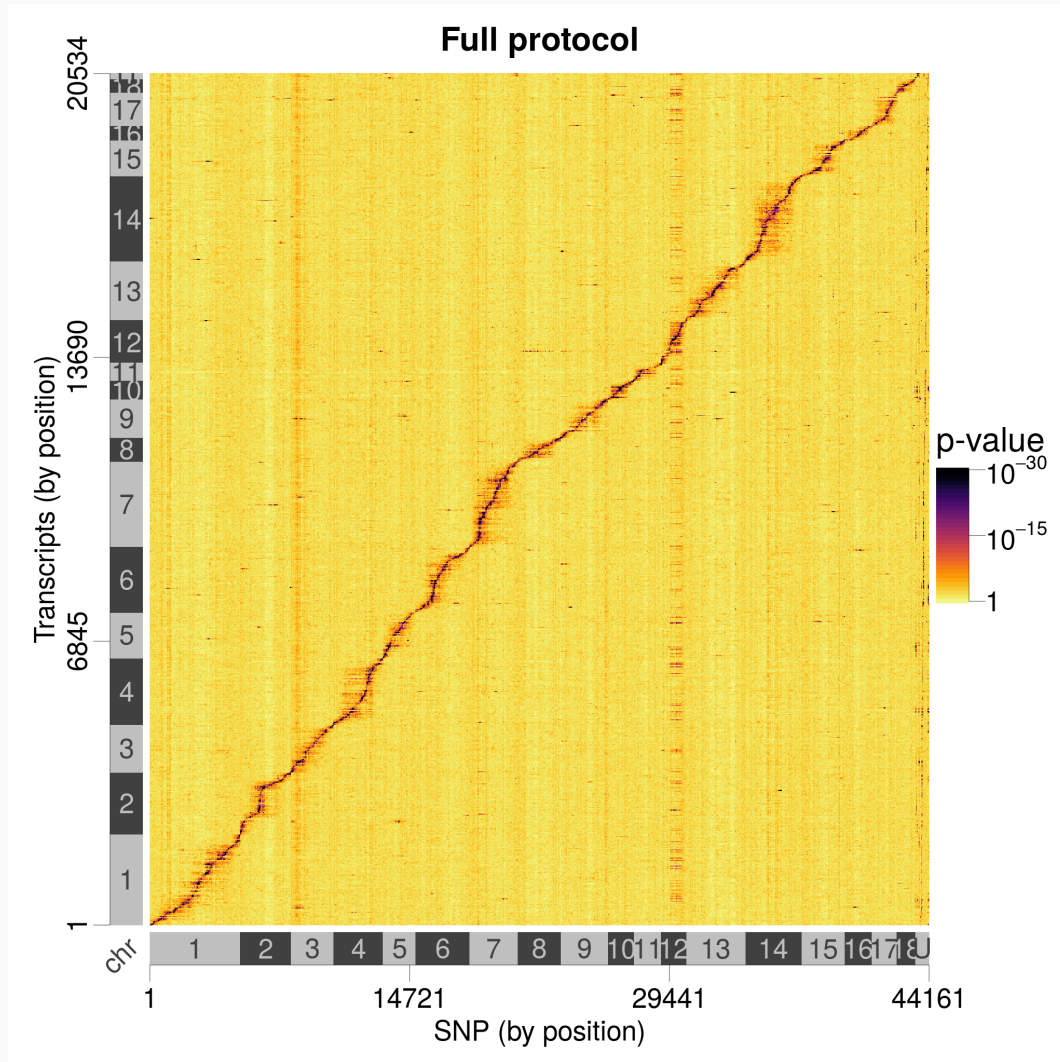


Détection de QTL d'expression

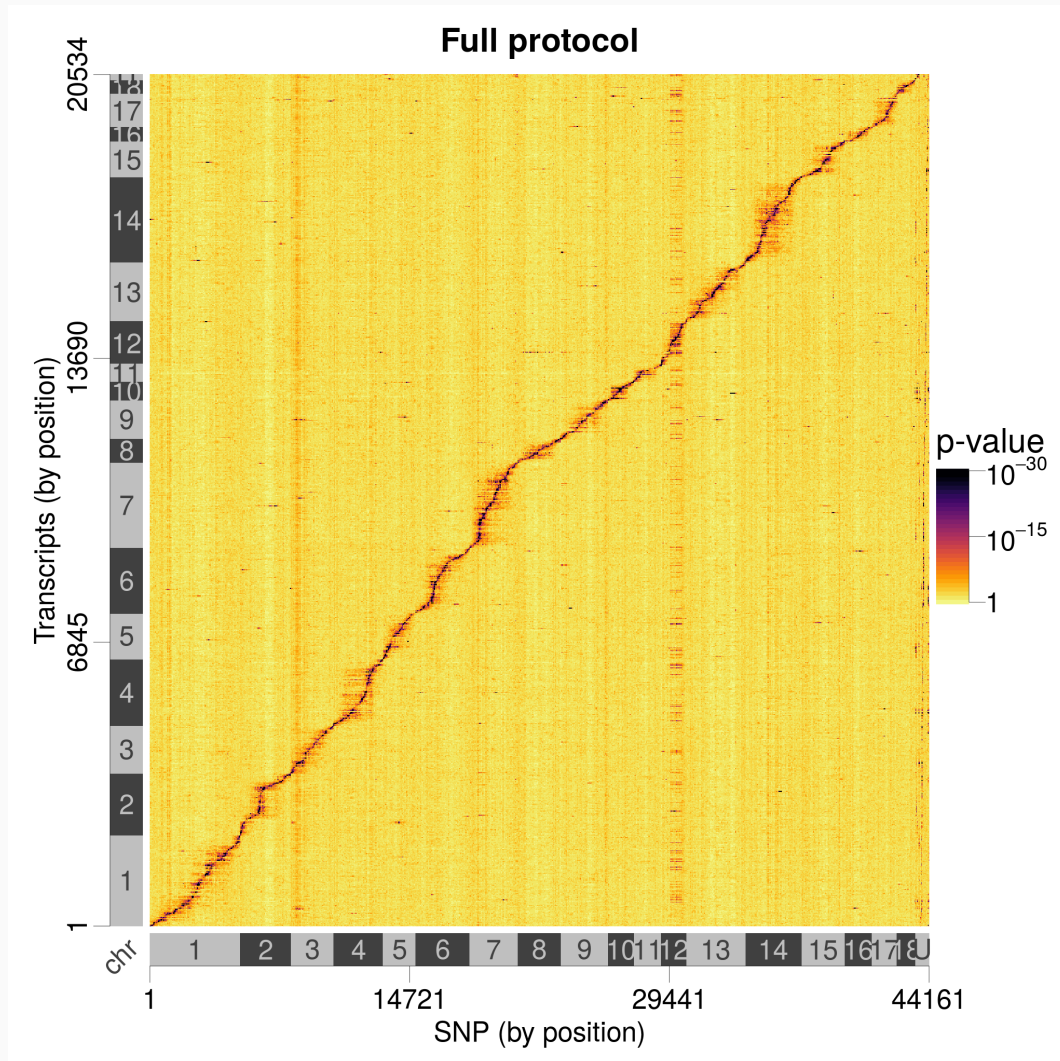
GWAS avec GEMMA



Détection de QTL d'expression

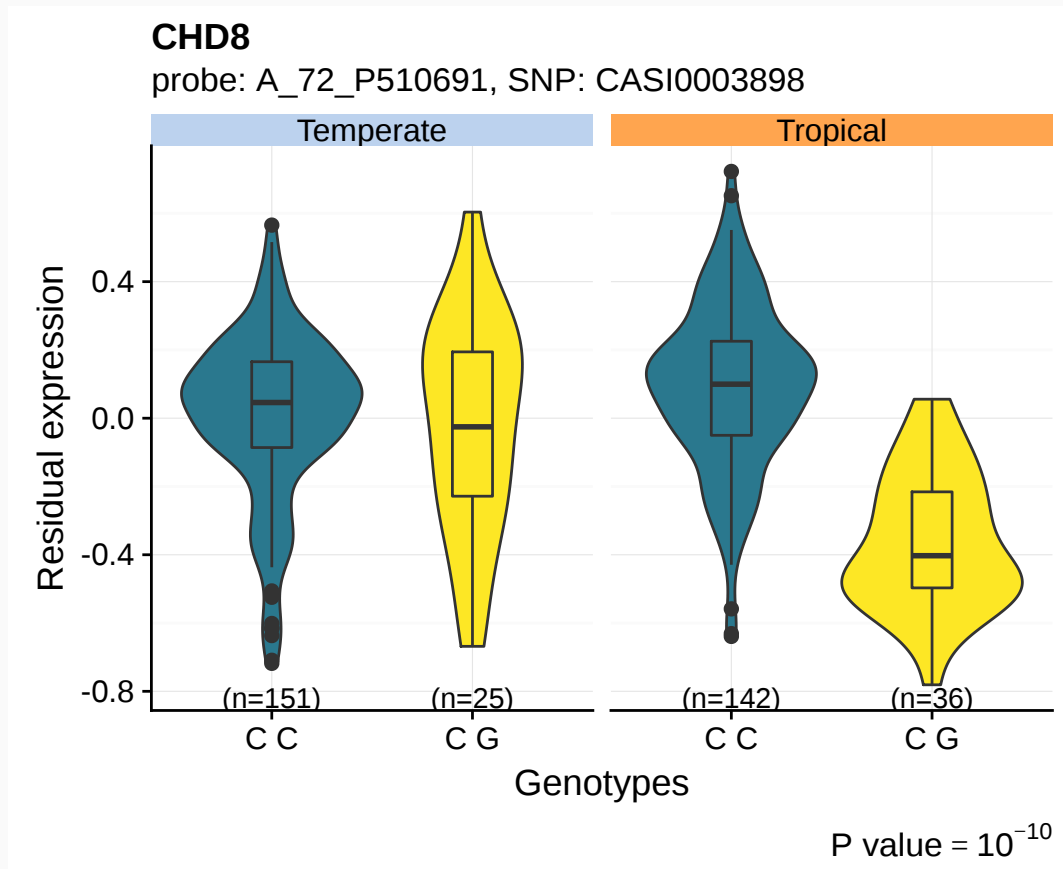


Détection de QTL d'expression

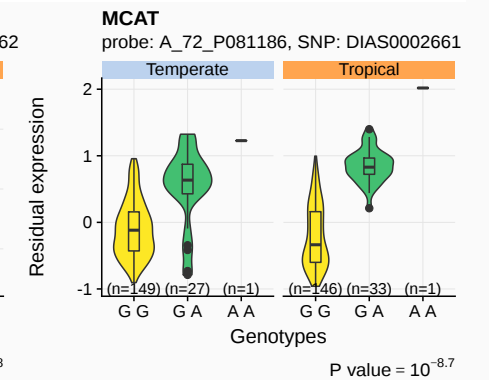
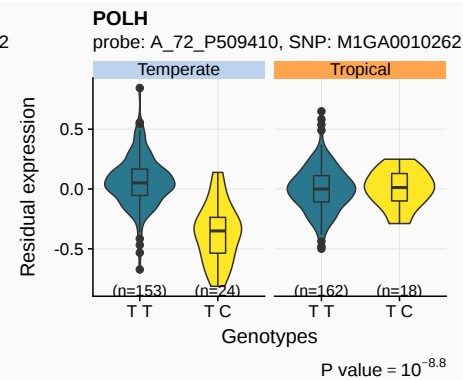
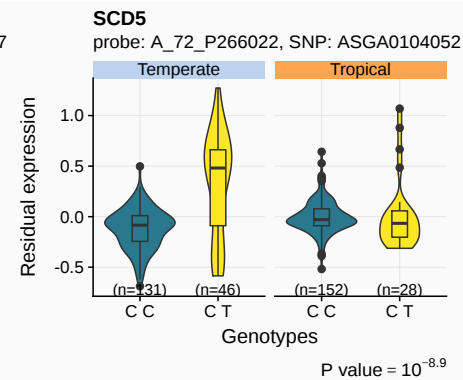
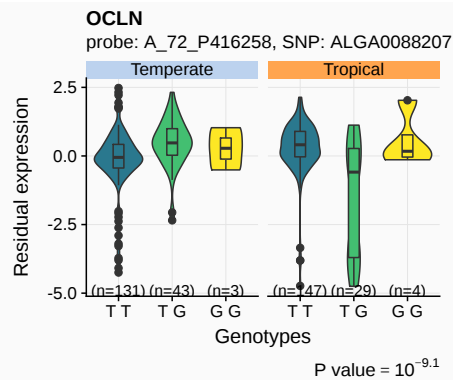
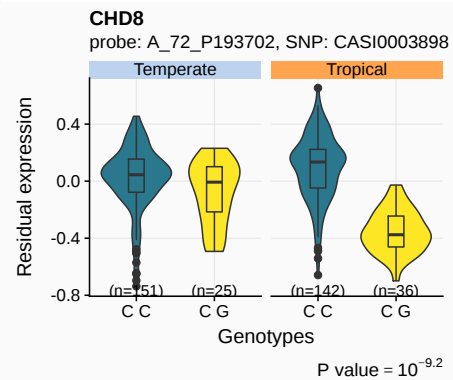
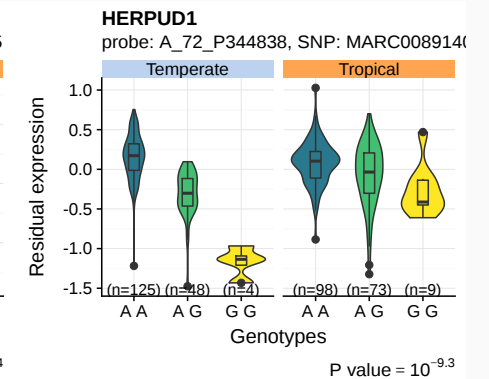
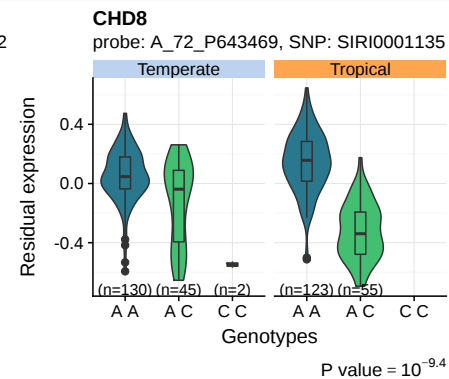
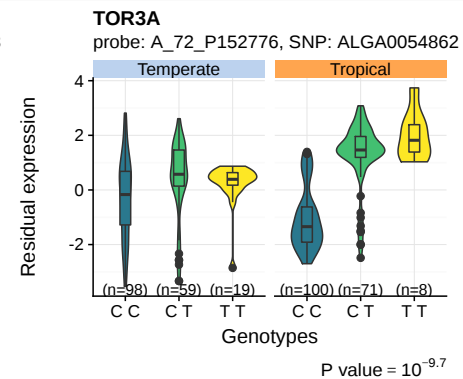
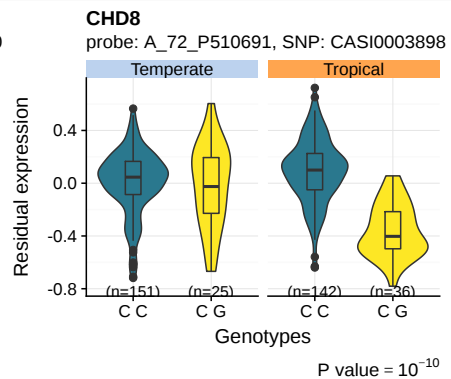
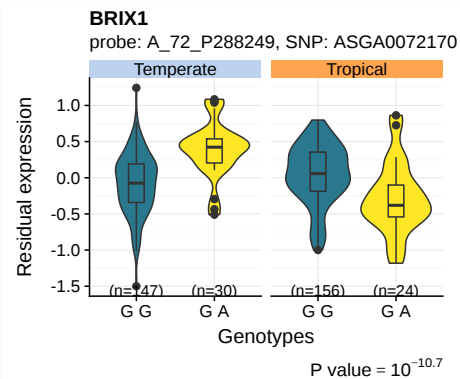


- Comparaison eQTL / QTL phénotypiques ?
- Catalogue d'eQTL en ligne ?

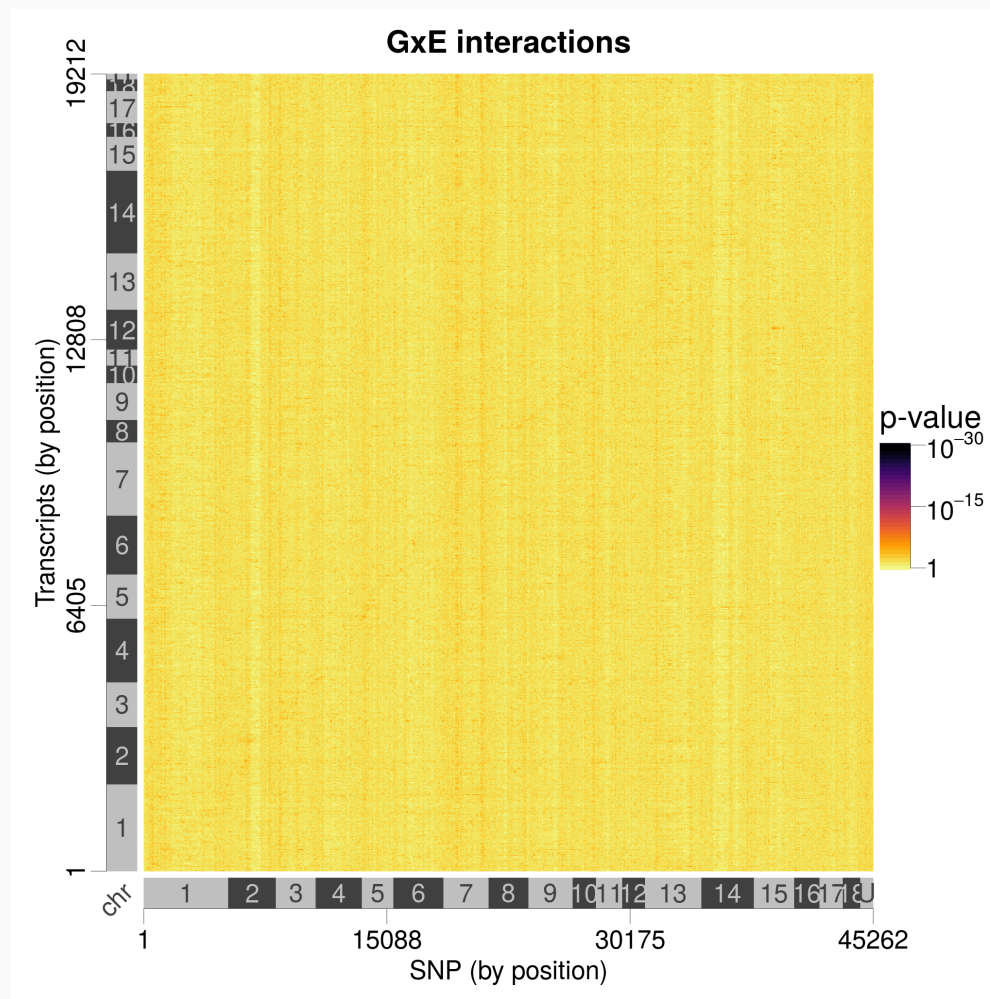
Interactions GxE dans la régulation du niveau d'expression



Interactions GxE dans la régulation du niveau d'expression



Interactions GxE dans la régulation du niveau d'expression

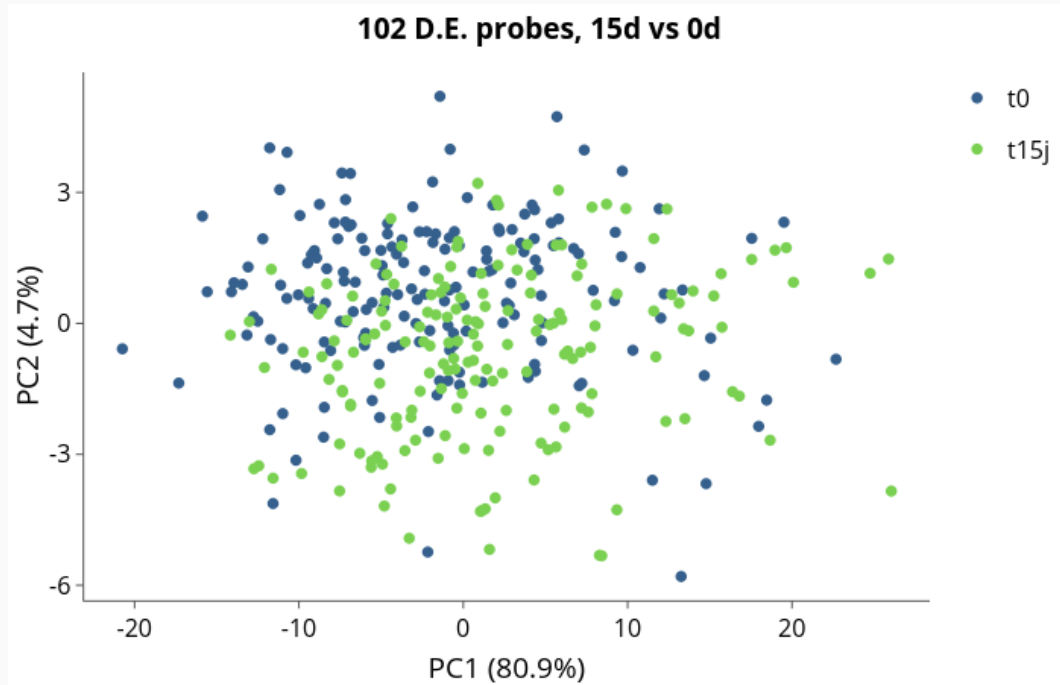


Manque de puissance ?

Stress thermique en climat tempéré

Trois semaines à 30°C

Analyse d'expression différentielle



Variabilité individuelle plus importante que l'effet stress.

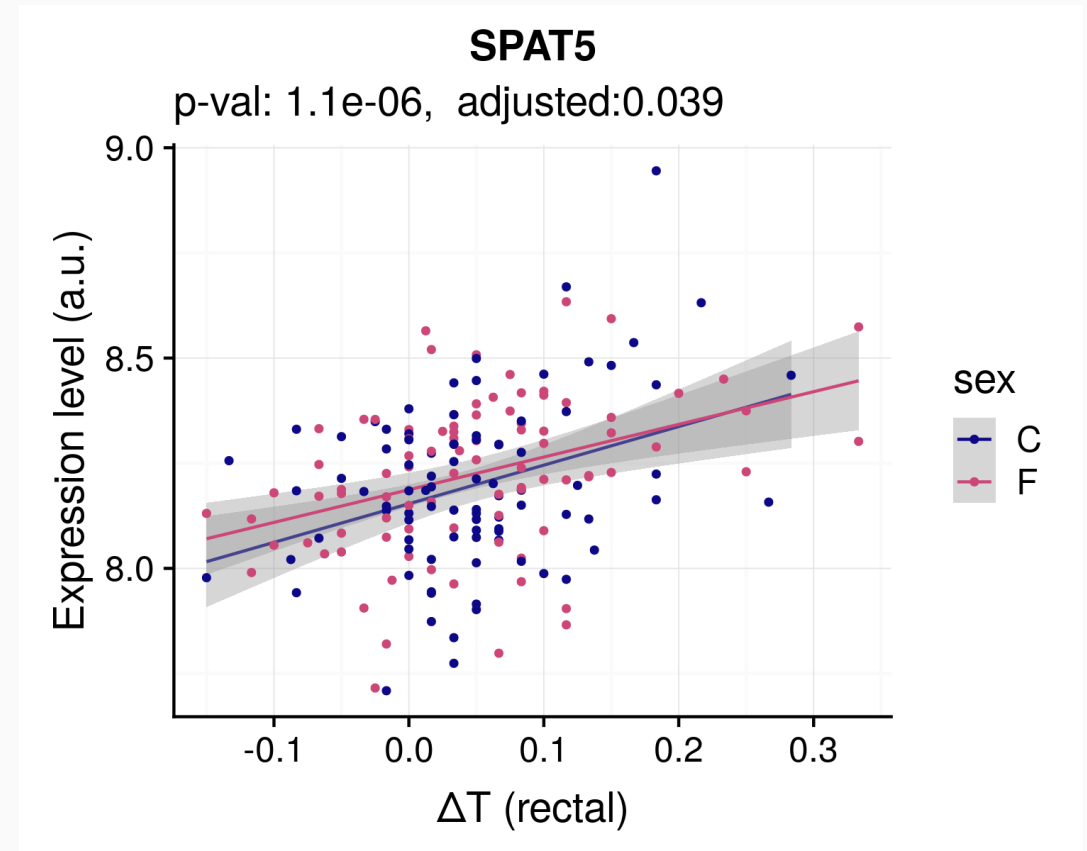
Identification de biomarqueurs ?

Corrélation entre :

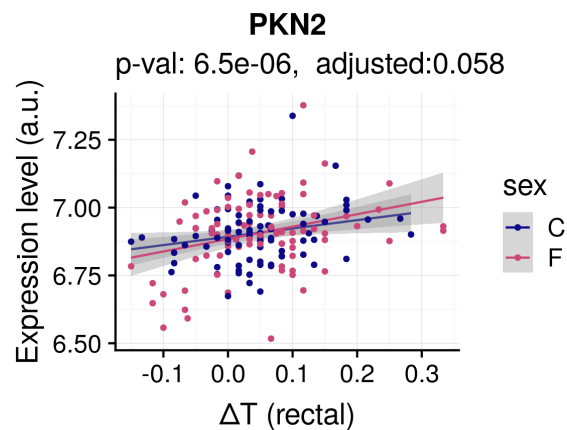
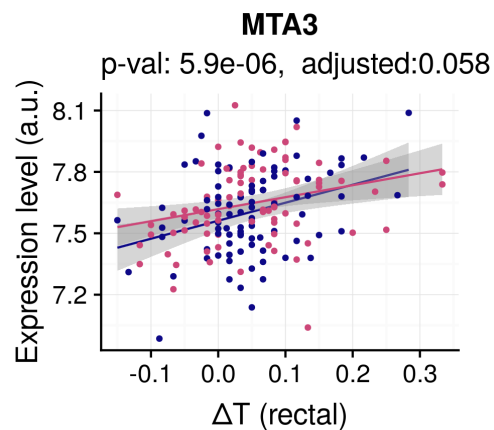
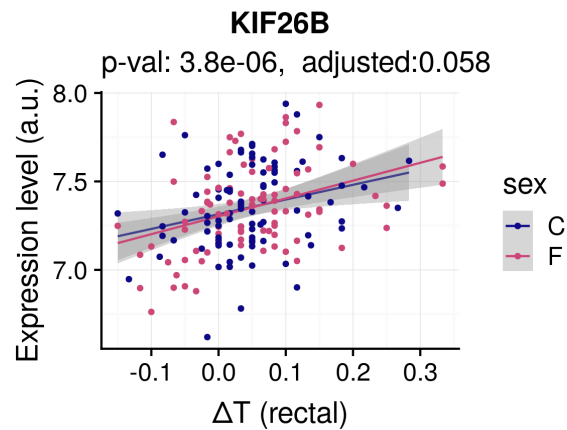
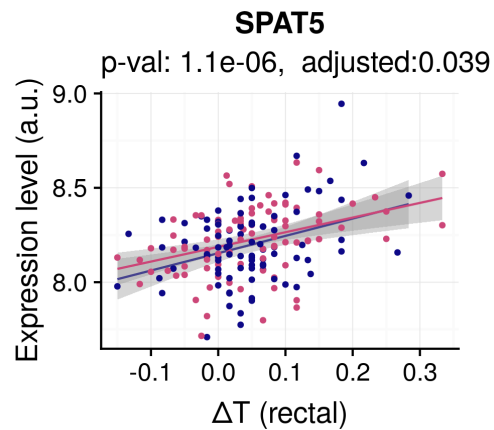
expression **avant le stress**

et

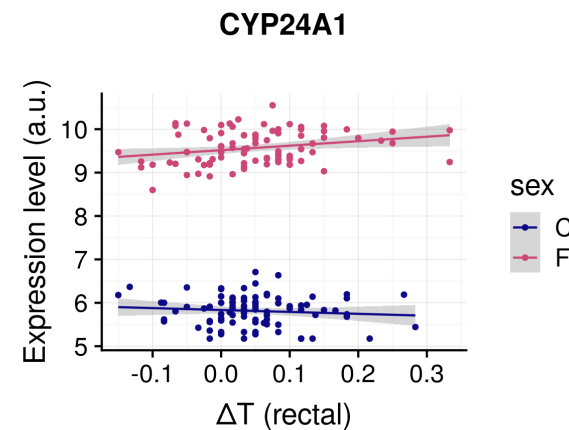
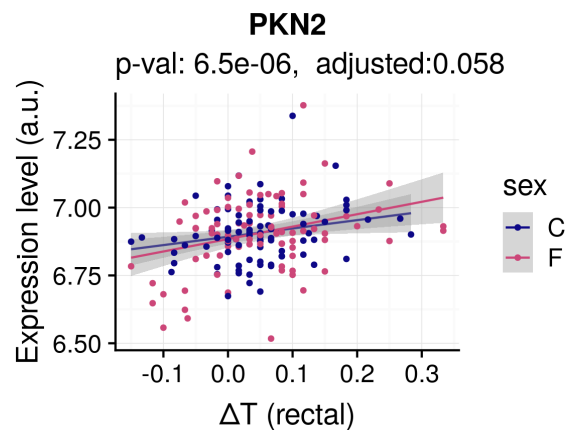
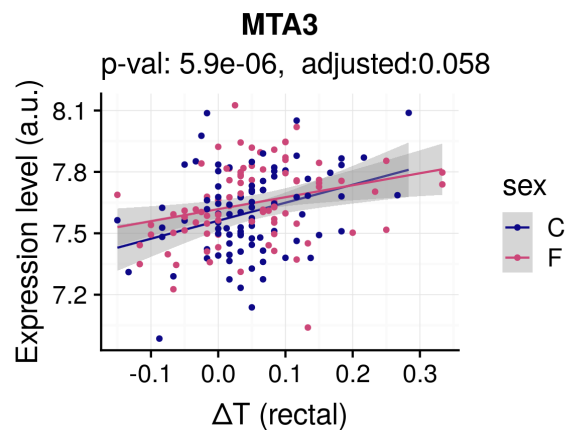
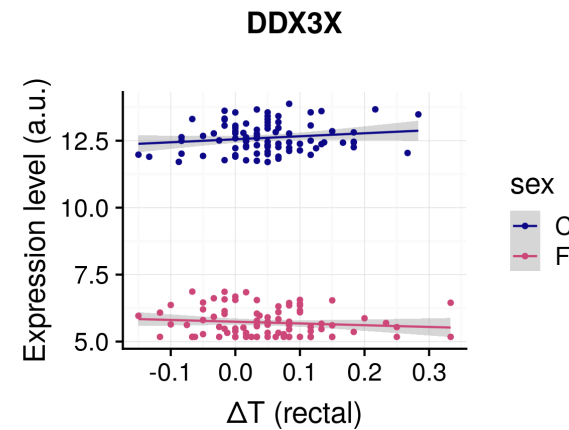
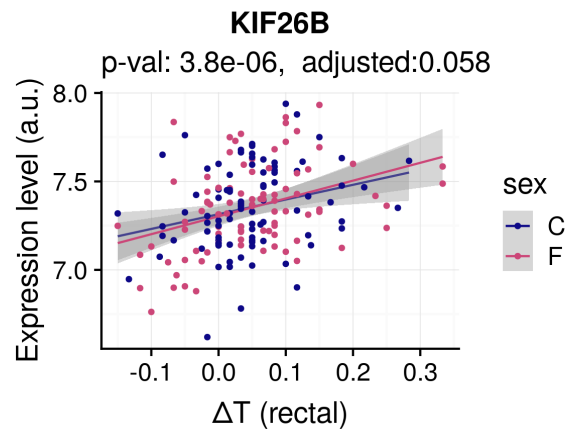
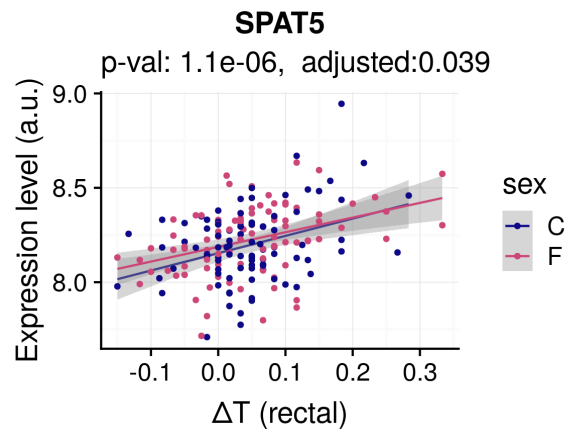
gain de température corporelle la
première semaine du stress



Identification de biomarqueurs ?

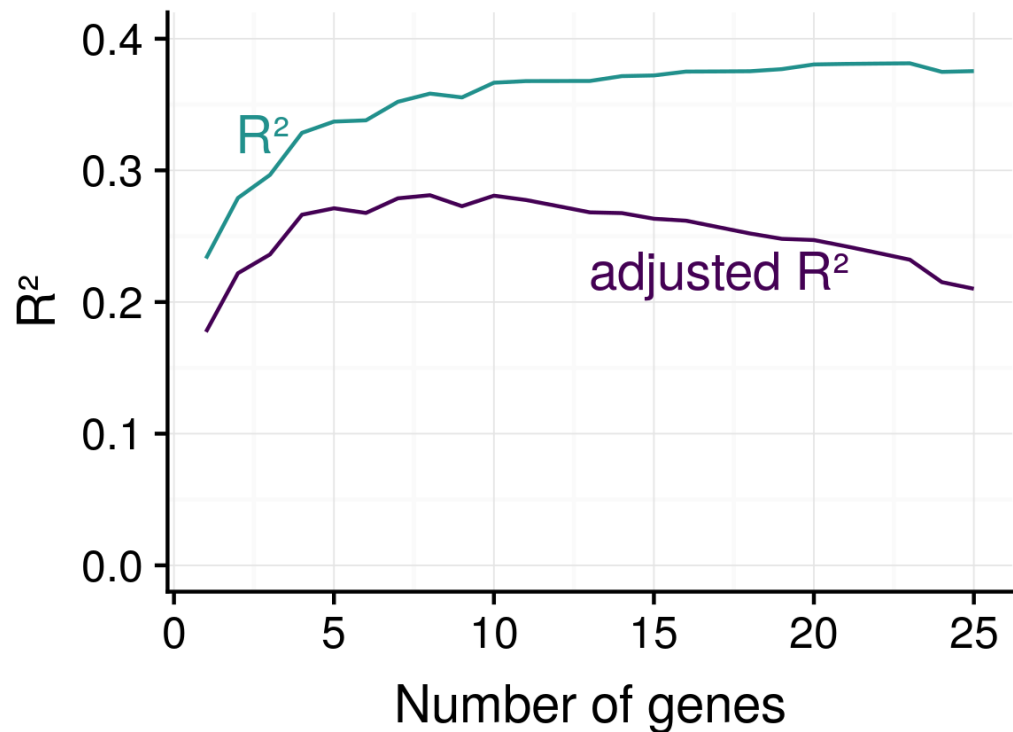


Identification de biomarqueurs ?

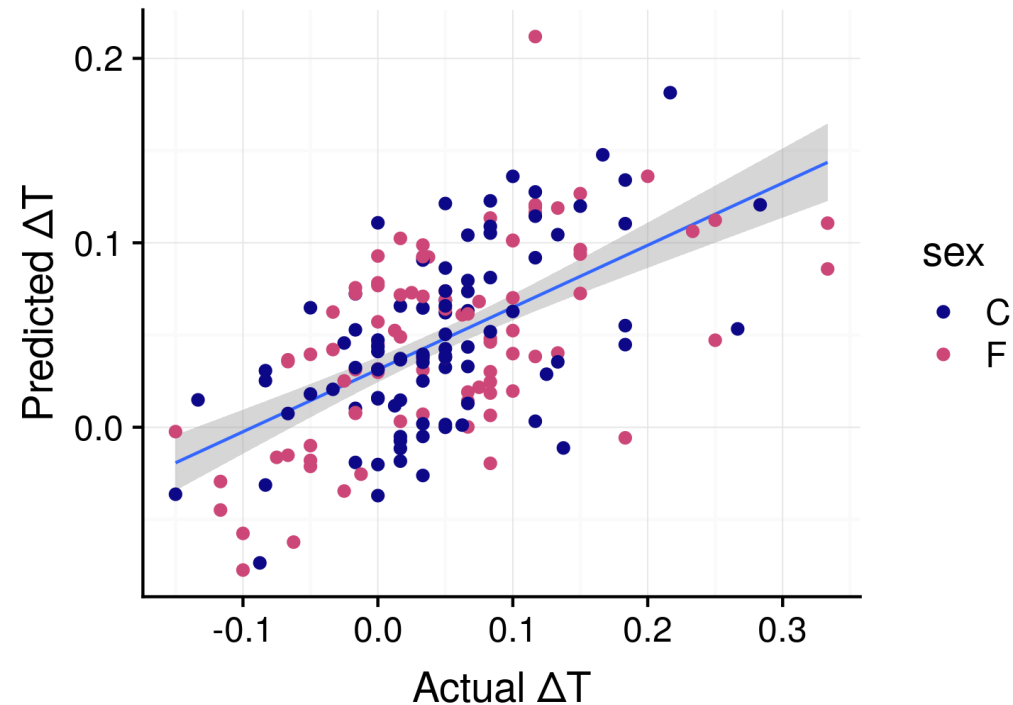


Combiner les marqueurs ?

Fraction of variance explained



Using expression values from 5 genes to predict ΔT



Conclusions

- Les différences entre les deux élevages ont un effet sur le transcriptome sanguin.
- Nombreux eQTL détectés, majoritairement près du gène régulé.
- Des interactions GxE dans la régulation de l'expression des gènes.
- Identifications de gènes marqueurs ?

Perspectives

- Utiliser les données transcriptomiques pour "annoter" les QTL phénotypiques identifiés (*cf* poster de Yann Labrune).
- Analyses sur la réponse transcriptomique au stress :
 - corrélation changements phénotypiques et changements transcriptomiques
 - eQTL de réponse au stress

Remerciements



- Yann Labrune
- Katia Feve
- Laure Gress
- Jean-Luc Gourdine
- H l ne Gilbert
- David Renaudeau
- Juliette Riquet
- Nathalie Vialaneix
- Yvon Billon, Mario Giorgi et l'ensemble du personnel des UE du Magneraud et de PTEA
- et toute l' quipe GenEpi !