



HAL
open science

Dimorphisme sexuel chez les blastocystes équins

Emilie Derisoud, Luc Jouneau, C Dubois, A Margat, C Gourtay, Catherine Archilla, Y Jaszczyszyn, Michèle Dahirel, N Daniel, Nathalie N. Peynot, et al.

► **To cite this version:**

Emilie Derisoud, Luc Jouneau, C Dubois, A Margat, C Gourtay, et al.. Dimorphisme sexuel chez les blastocystes équins. 5ème congrès de la SF-DOHAD, Nov 2021, Jouy-en-Josas, France. . hal-03469695

HAL Id: hal-03469695

<https://hal.science/hal-03469695v1>

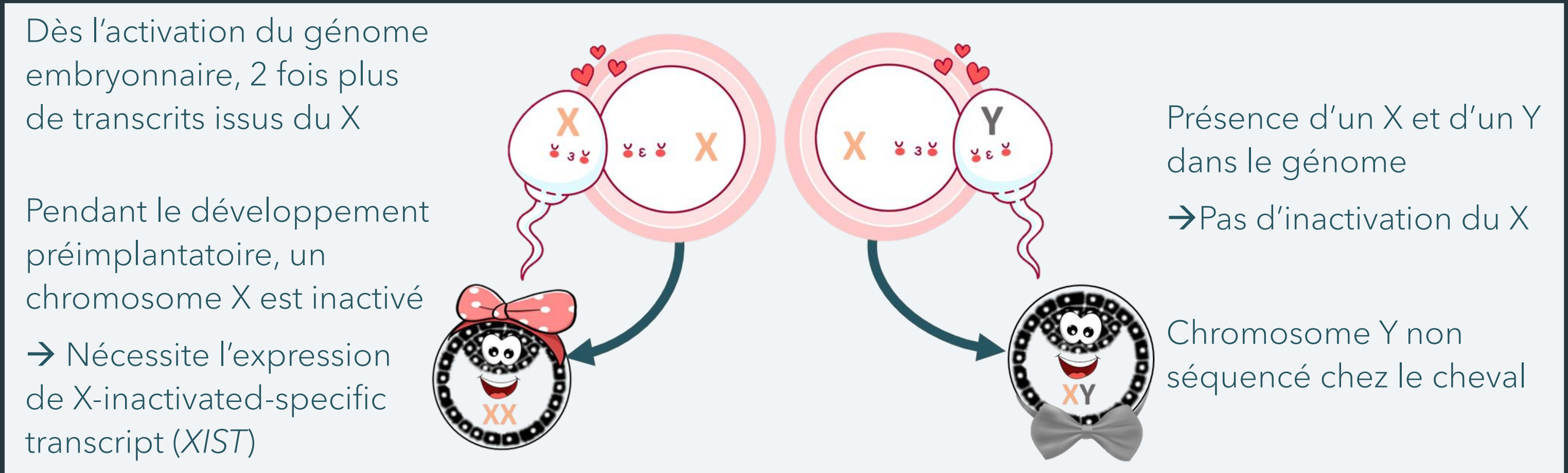
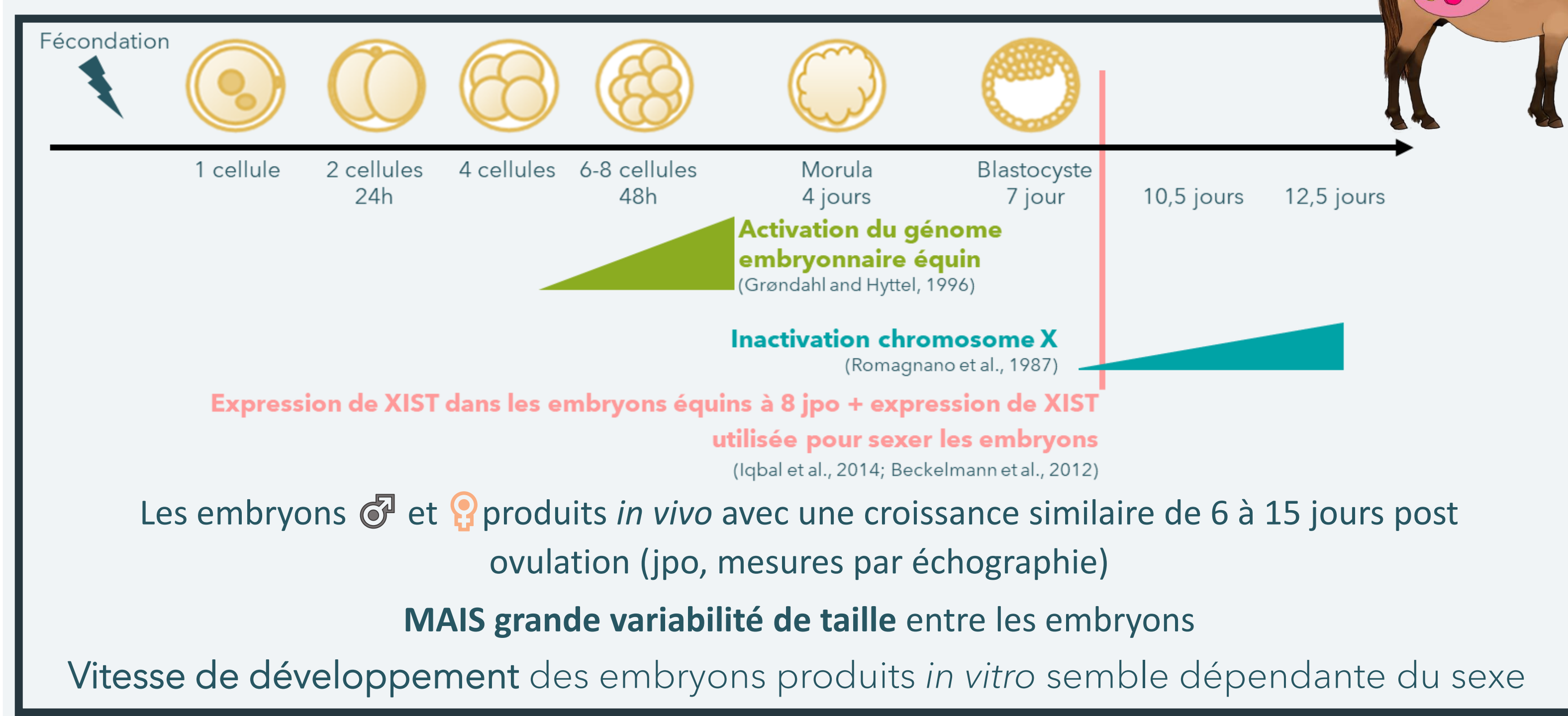
Submitted on 7 Dec 2021

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.



INTRODUCTION



Les embryons ♂ se développent plus rapidement que les ♀ dans différentes espèces

Différences d'expression de gènes sexe-spécifique dès les stades précoces de développement embryonnaire → LONGTEMPS AVANT LE DÉVELOPPEMENT DES GONADES

Chromosomes sexuels modulent la machinerie génétique :

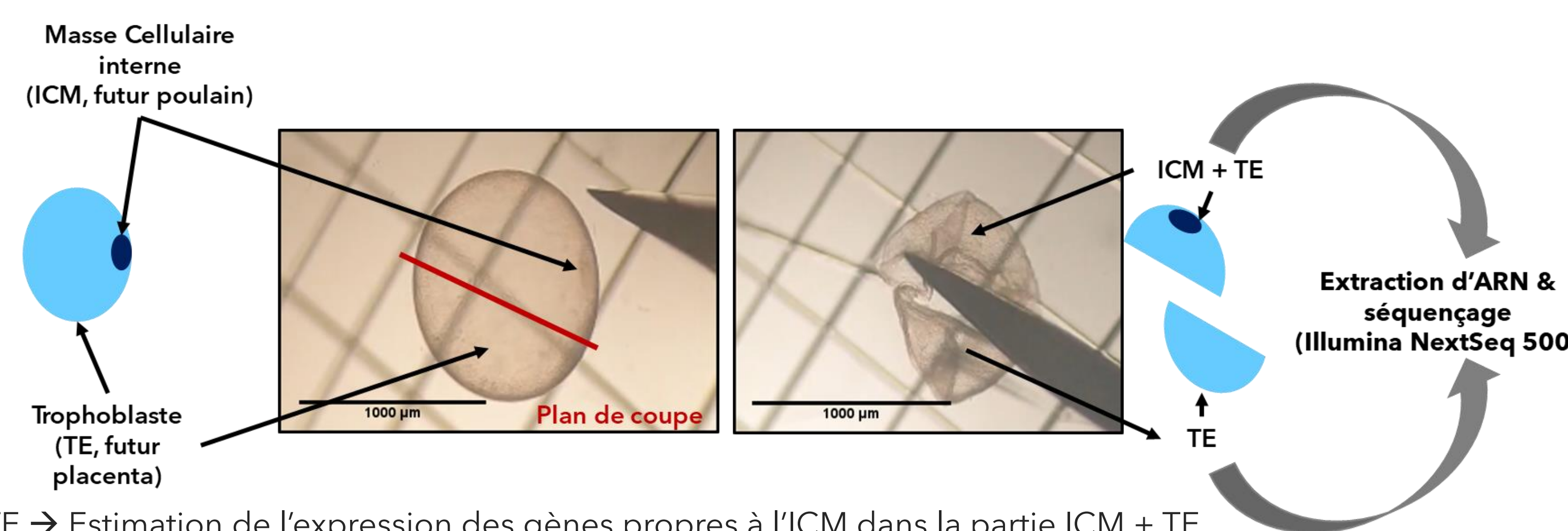
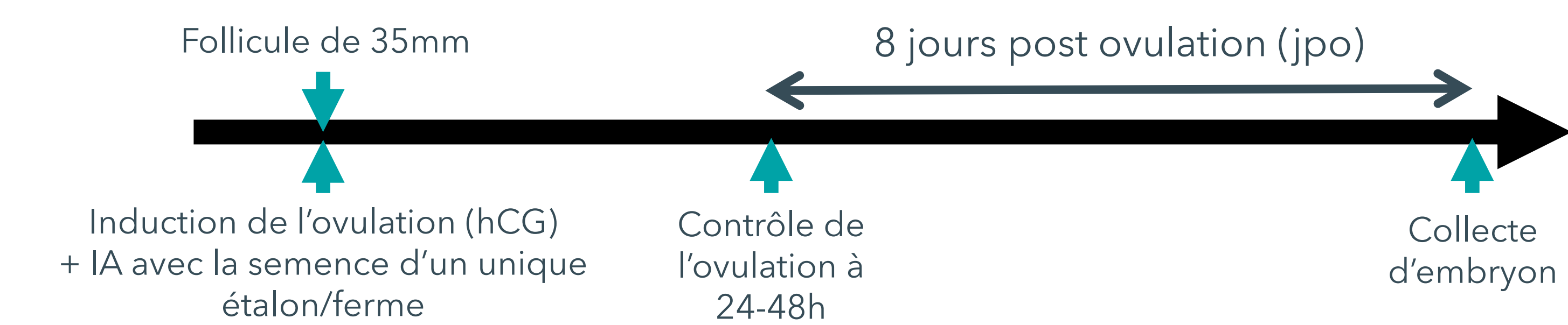
- Différences de statut épigénétique → Différences d'expression des gènes du X & autosomaux
- Différences métaboliques dans les embryons → Différentes réponses à un même environnement

OBJECTIFS: VÉRIFIER QUE L'EXPRESSION DE XIST PEUT ÊTRE UTILISÉE POUR SEXER LES EMBRYONS ÉQUINS

ANALYSER L'EXPRESSION DES GÈNES DANS L'EMBRYON ÉQUIN EN FONCTION DE LEUR SEXE

COLLECTES & MANIPULATIONS DES EMBRYONS

Juments de selle non suitées d'âge et de parité différentes, sur deux fermes expérimentales



STATISTIQUES

Déconvolution : package DeMixT; estimation de la proportion de cellules de l'ICM & TE dans la partie ICM + TE → Estimation de l'expression des gènes propres à l'ICM dans la partie ICM + TE

Analyse différentielle RNAseq : package DESeq2 (R) avec la taille de l'embryon, la ferme de collecte et l'âge/parité des juments lors de la collecte en cofacteurs; Significativité quand $p_{adj} < 0.05$

Analyse d'enrichissement des ensembles de gènes (GSEA) : Logiciel du Broad Institute avec les banques de données KEGG, GO biological process (BP), molecular function (MF) & cellular component (CC)

Significativité pour False Discovery rates (FDR)

Dans les analyses, les « mâles » sont le groupe de référence

RÉSULTATS

EXPRESSION DE XIST

	Ferme 1		Ferme 2	
	ICM	TE	ICM	TE
17 embryons				
E1	3034	2461	2383	3579
E2	32	67	55	32
E3	2577	2863	4167	3882
E4	24	37	3615	2907
E5	2792	2780	16	48
E6	9	23	24	21
E7	3888	3447	3596	3582
E8	3344	4135	3686	3262
E9	3211	3139	2474	2885
E10	40	42	13	23
E11	3830	2513	3010	3938
E12	593	30		
E13	41	53		
E14	3186	4580		
E15	56	26		
E16	2808	2165		
E17	13	9		

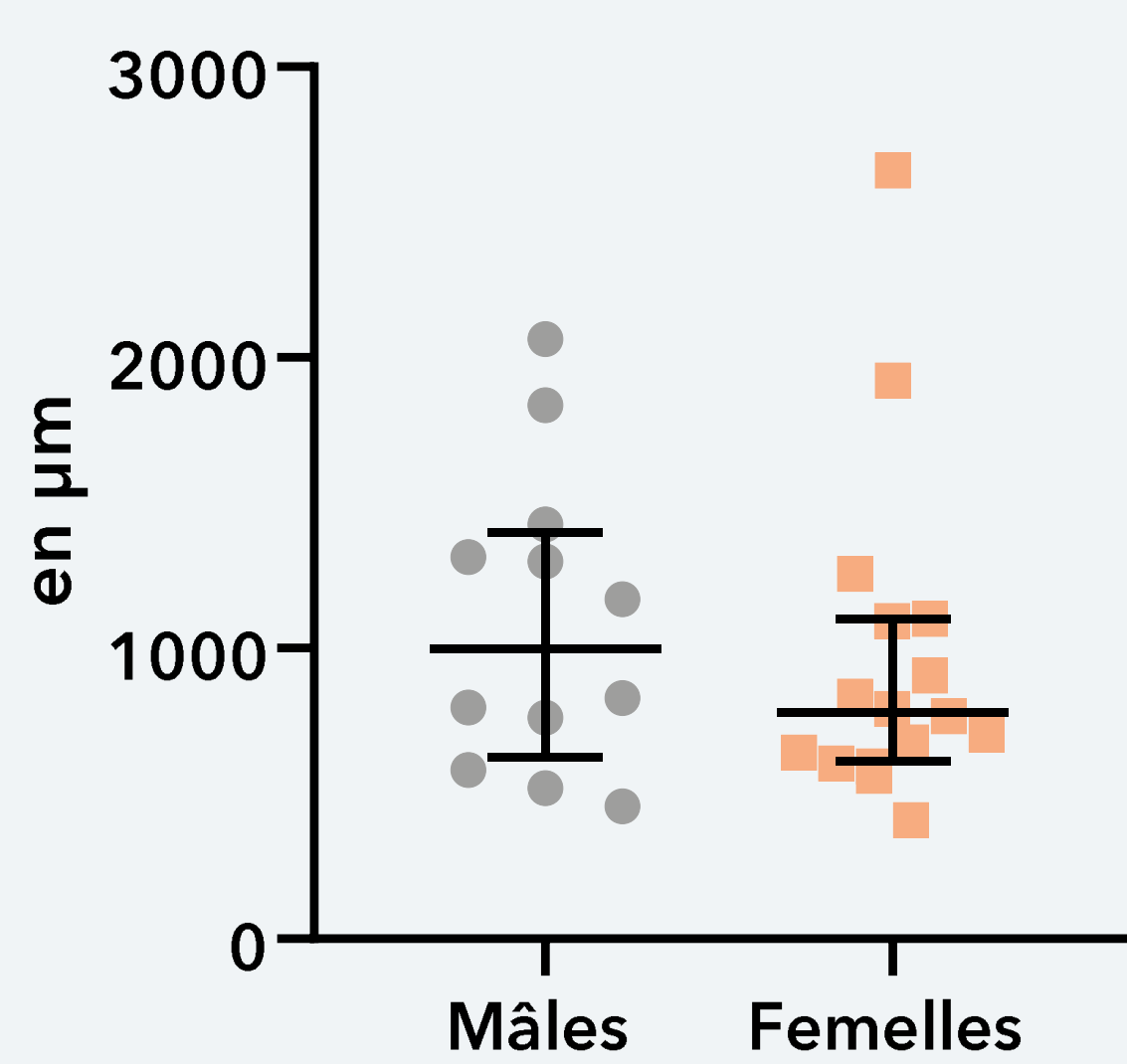
4 ♂ + 7 ♀

→ Expression de XIST cohérente entre l'ICM et le TE

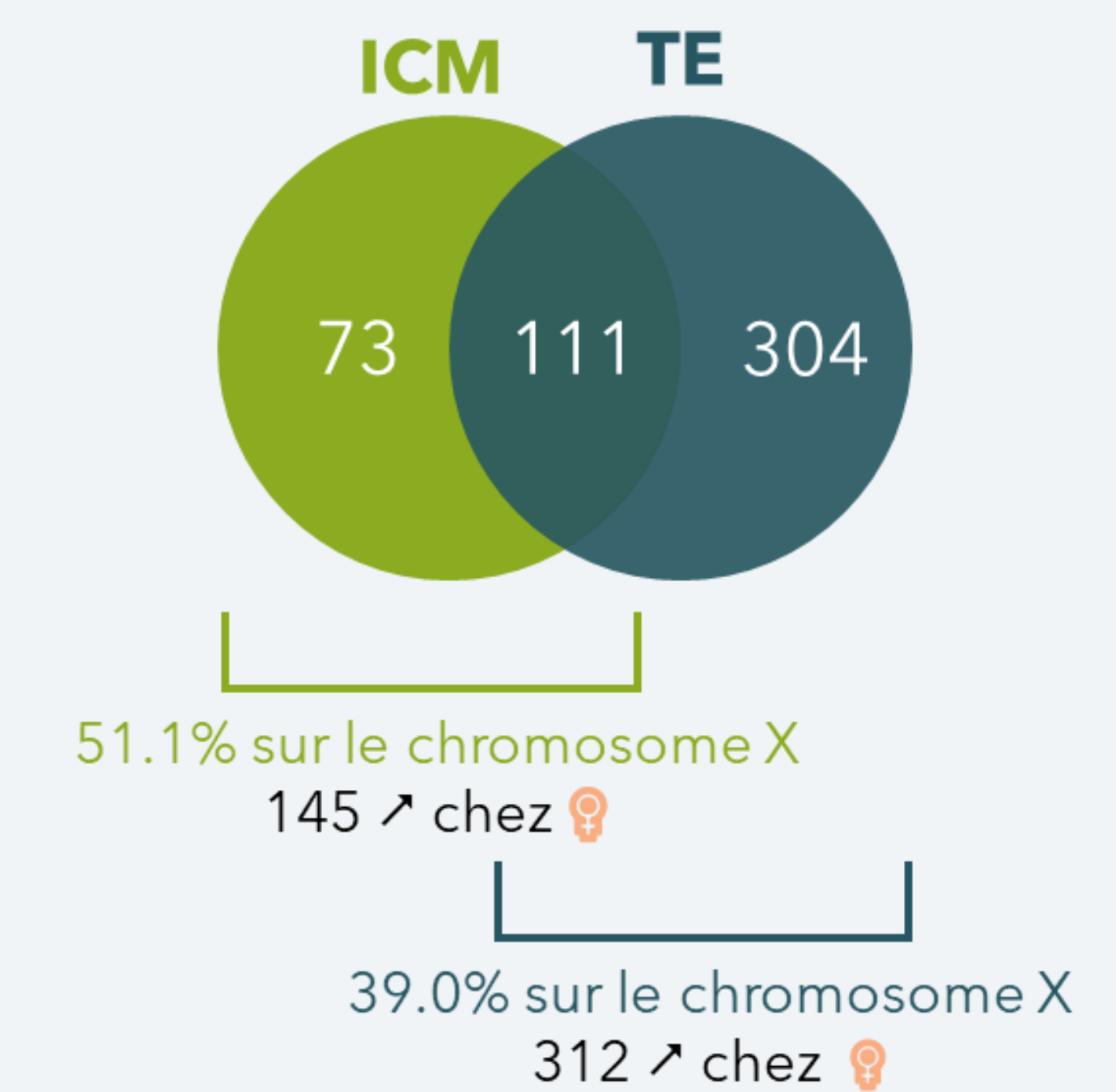
→ L'expression de XIST peut être utilisée pour sexer les embryons

8 ♂ + 9 ♀

TAILLE DES EMBRYONS



ANALYSE DIFFÉRENTIELLE



G6PD (glucose-6-phosphate dehydrogenase)
↑ dans ICM & TE des ♀

→ Gène sur le chromosome X
→ Important pour le métabolisme énergétique
→ Chez les bovins, G6PD + exprimés dans les embryons femelles
Hypothèse : limite le développement embryonnaire en contrôlant les espèces réactives de l'oxygène (ROS)

KDM5C (Lysine Demethylase 5C)
↑ dans ICM & TE des ♀

→ Gène sur le chromosome X
→ H3K4 déméthylase impliquée dans l'activation de la transcription
→ Régule certaines marques sur la chromatine particulièrement importantes pour le développement embryonnaire préimplantatoire

ANALYSE D'ENRICHISSEMENT DES ENSEMBLES DE GÈNES

ICM:	16 GO BP + 1 KEGG enrichis
TE:	27 GO BP + 6 KEGG enrichis
La plupart communs entre ICM & TE : traduction, spliceosome, biogénèse des ribosomes, mitochondries, organisation du cytosquelette & métabolisme des acides aminés	
Enrichissement des ensembles de gènes liés à la croissance cellulaire et au développement embryonnaire	
ICM:	3 KEGG enrichis
TE:	No gene set
→ Krebs cycle, glycosaminoglycan degradation and lysosome	

CONCLUSIONS

L'expression des gènes de l'embryon équin à 8 jpo est partiellement dépendante du sexe

Des gènes & ensembles de gènes liés à la croissance de l'embryon sont altérés

MAIS le sexe n'a pas d'effet sur la taille des embryons dans cette étude

- Expliqué par la forte variabilité dans la taille des embryons équins ?
- Est-ce assez pour altérer la croissance embryonnaire chez les équins ?