



HAL
open science

Maturité foétale à l'interface foeto-maternelle : contribution des génomes foetal et maternel et perturbations des métabolismes tissulaires

Agnès Bonnet, Alyssa Imbert, Julien Guibert, Gwendaelle Cardenas, Laure Gress, Sarah Maman-Haddad, Céline Bravo, Nathalie Marty-Gasset, Amandine Suin, Cécile Canlet, et al.

► To cite this version:

Agnès Bonnet, Alyssa Imbert, Julien Guibert, Gwendaelle Cardenas, Laure Gress, et al.. Maturité foétale à l'interface foeto-maternelle : contribution des génomes foetal et maternel et perturbations des métabolismes tissulaires. Journées Scientifiques Département Génétique animale, Sep 2022, Bordeaux, France. hal-04796005

HAL Id: hal-04796005

<https://hal.science/hal-04796005v1>

Submitted on 21 Nov 2024

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.



Agnès BONNET¹, Alyssa IMBERT¹, Julien GUIBERT¹, Gwendaelle CARDENAS¹, Laure GRESS¹, Sarah MAMAN-HADDAD^{1,2}, Céline BRAVO¹, Nathalie MARTY-GASSET¹, Amandine SUIN³, Cécile CANLET⁴, Laurianne CANARIO¹, Sabrina LEGOUX¹, Yvon BILLON⁵, Nathalie VIALANEIX⁶, Cécile MD BONNEFONT¹, Laurence LIAUBET¹

¹ GenPhySE, Université de Toulouse, INRAE, ENVT, 24 chemin de Borde Rouge, 31326 Castanet-Tolosan, France
² SIGENAE, Université de Toulouse, INRAE, ENVT, 24 chemin de Borde Rouge, 31326 Castanet-Tolosan, France
³ GeT-PlaGe, Genotoul, INRAE Auzeville, Castanet-tolosan F-31326, France
⁴ Axiom Platform, MetaToul-MetaboHUB, National Infrastructure for Metabolomics and Fluxomics, Toulouse F-31027, France
⁵ GenESI, INRAE, Le Magneraud, 17700 Surgères, France, doi : 10.15454/1.5483257052131956E12
⁶ Université de Toulouse, INRAE, UR MIAT, Castanet-Tolosan F-31326, France

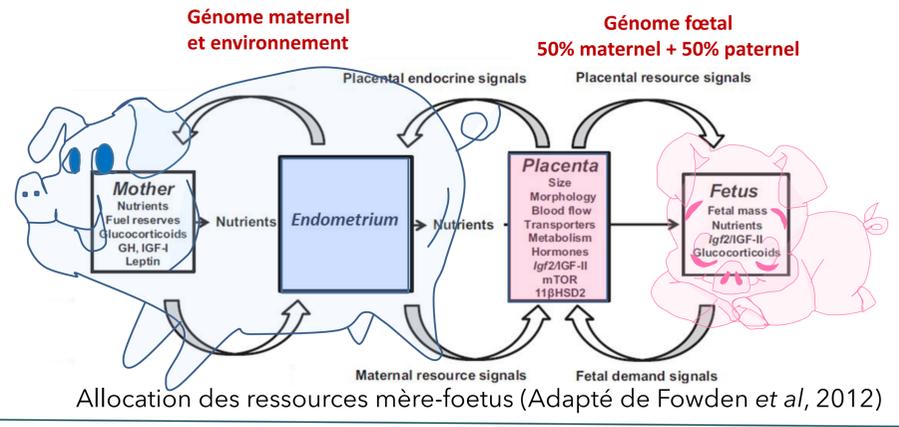
Contexte

La mortalité néonatale des porcelets est partiellement liée à un retard de maturité à la naissance

(Canario et al, 2014; Voillet et al, 2014)

Le processus de maturité fœtale se met en place à la fin de gestation (90-110 jours de gestation (jdg), terme à 114 jdg) et demande des besoins nutritionnels importants

Allocation des ressources fœtaux-maternelles
Endomètre ↔ Placenta interface clé qui régule la répartition des ressources nutritionnelles entre la mère et le fœtus, impactant le développement fœtal, la santé, le bien-être du nouveau-né ainsi que ses performances futures.



Objectifs

Aborder la complexité des phénotypes de maturité par l'étude du compromis entre croissance fœtale et survie néonatale en se focalisant sur les interactions tissulaires et influences génétiques à l'interface fœto-maternelle.

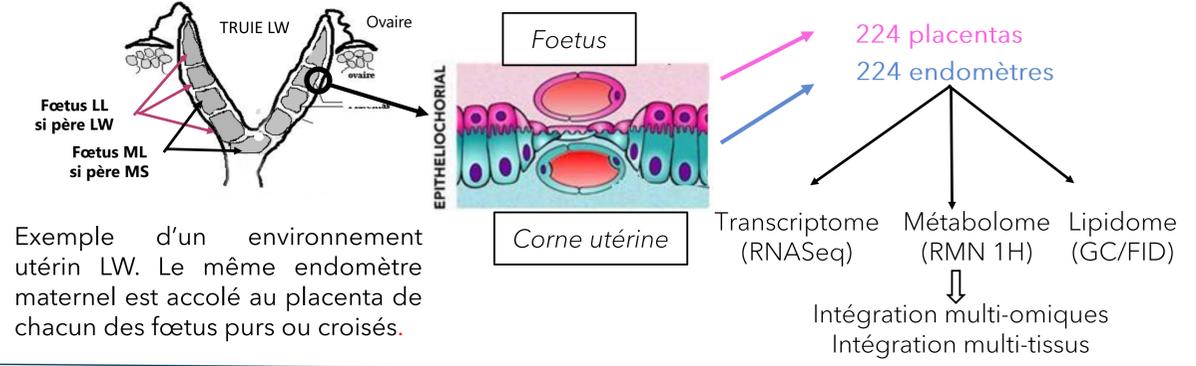
Matériels

Protocole expérimental PORCINET:

14 truies MS et LW inséminées avec MS et LW



4 génotypes fœtaux (Gfoet):
 Large White (LL) maturité réduite
 Meishan (MM) meilleure maturité, mortalité faible;
 et des croisés MSxLW (ML) et LWxMS (LM)
 7 échantillons d'endomètre par génotype, sexe, jdg et degré de maturité (+, N et -, uniquement pour LL et ML)

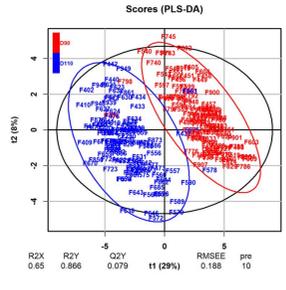


Exemple d'un environnement utérin LW. Le même endomètre maternel est accolé au placenta de chacun des fœtus purs ou croisés.

Résultats

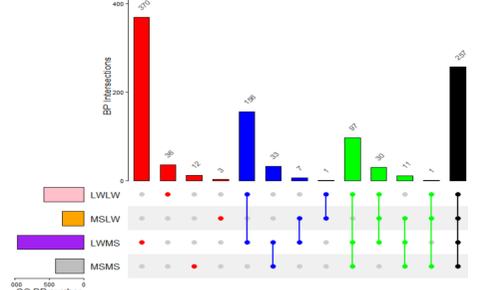
1- Evolution du placenta entre 90 et 110 jdg

1-a Métabolome



La PLS-DA sépare les 2 jdg selon la 1^{ère} variable latente et identifie 20 métabolites discriminants incluant 13 acides aminés (VIP>1).

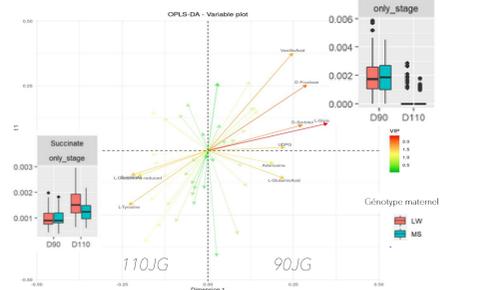
1-b Transcriptome



Processus biologiques enrichis en fin de gestation et spécifiques ou communs entre génotypes (sur sélection de 4192 transcrits différentiels (DEG) pour le jdg (FC>|0,5|, FDR 0,001).

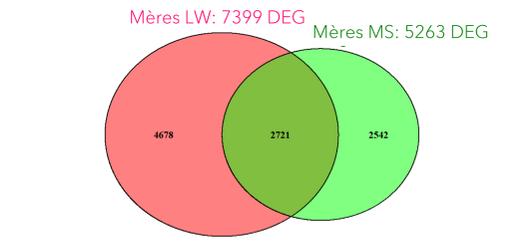
3- Evolution de l'endomètre entre 90 et 110 jdg

2-a Métabolome



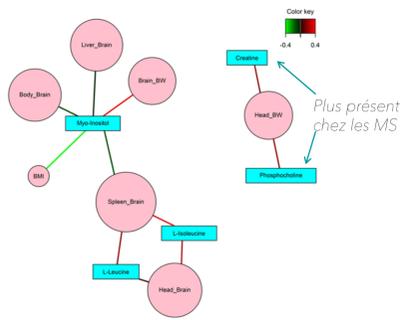
L'OPLS-DA sépare les 2 jdg selon la 1^{ère} variable latente et identifie 15 métabolites (VIP>1) discriminants comme le fructose plus abondant à 90 jdg qu'à 110 jdg.

2-b Transcriptome

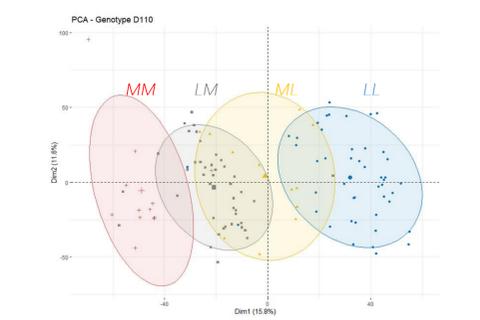


L'analyse différentielle entre jdg pour chaque race identifie 47% et 26% de DEG spécifiques respectivement pour les mères LW et MS (test de Ward, FDR <0,01).

2- Influence des génotypes fœtaux dans le placenta

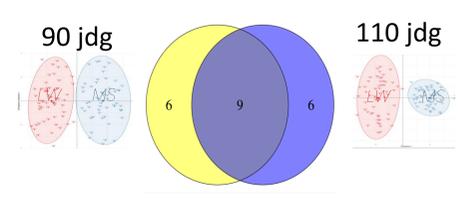


Le réseau de covariations (spls, seuil 0,35) montre que des phénotypes fœtaux liés à la maturité covarient avec des métabolites dont les concentrations diffèrent selon les Gfoet (PLS, VIP >1 à 110 jdg).

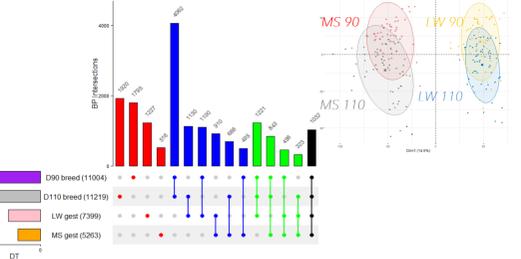


L'axe 1 de l'analyse en composantes principales (ACP) explique 15,8% de la variabilité totale à 110 jdg et sépare les 4 génotypes (sur 6681 DEG pour les 8 comparaisons).

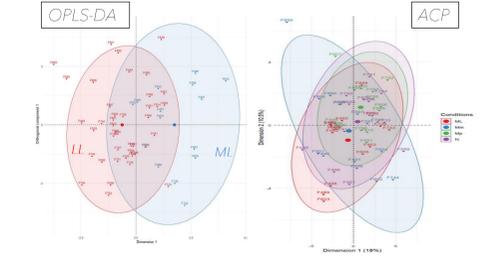
4- Influence des génotypes dans l'endomètre



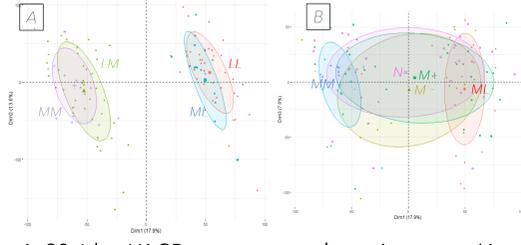
L'OPLS-DA montre une plus grande variabilité des LW à 110 jdg et identifie 21 métabolites discriminants pour le génotype maternel.



L'analyse différentielle identifie un grand nombre de DEG entre les génotypes de la mère (17718 DEG pour les 4 comparaisons, FDR<0,01) dont 50% sont communs aux 2 jdg. L'ACP illustre aussi ces différences.



A 90 jdg, L'OPLS-DA montre que les génotypes des fœtus influencent le métabolisme de l'endomètre LW et l'ACP sépare les fœtus de mères LW selon leur degré de maturité sur l'axe 2.



A 90 jdg, L'ACP montre que les génotypes (A, axe 2) et la maturité des fœtus (B, axe 3) influencent l'expression des transcrits.

Conclusion

Le génotype fœtal influence le métabolisme et l'expression des transcrits dans le placenta et l'endomètre.
Perspectives => Approfondir les analyses génotypes et maturité => Intégration muti-omiques et multi-tissus