



HAL
open science

Etude de la variabilité génétique de la méthylation de l'ADN en réponse à un stress de température précoce chez la truite arc-en-ciel

Delphine Lallias, A. Fricot, Jingwei Liu, Lucie Marandel, Nicolas Dechamp, Céline Ciobotaru, Jean-Michel Le Calvez, Marjorie Bideau, Lionel Goardon, Laurent Labbé, et al.

► To cite this version:

Delphine Lallias, A. Fricot, Jingwei Liu, Lucie Marandel, Nicolas Dechamp, et al.. Etude de la variabilité génétique de la méthylation de l'ADN en réponse à un stress de température précoce chez la truite arc-en-ciel. 5. Journée d'Animation Scientifique du réseau épiPhase, Jun 2019, Toulouse, France. 2019. hal-02734890

HAL Id: hal-02734890

<https://hal.inrae.fr/hal-02734890>

Submitted on 16 Sep 2022

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.

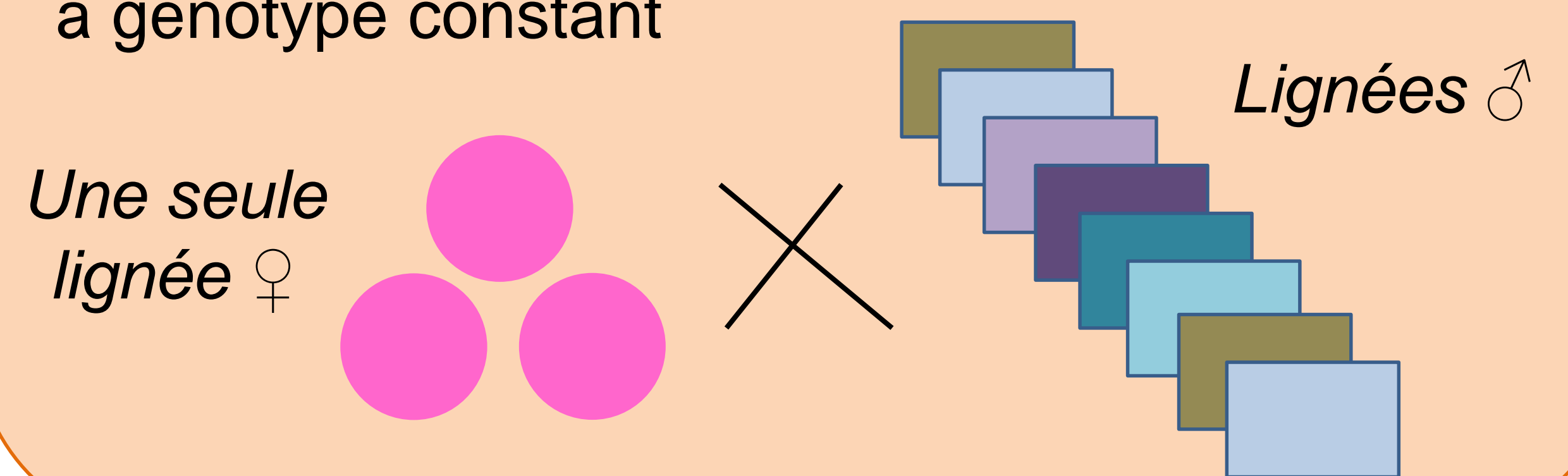
Objectif : Caractériser l'expression des ADN méthyltransférases (*dnmt*), enzymes impliquées dans la méthylation de l'ADN, chez 8 lignées isogéniques de truite afin de mieux comprendre comment s'établissent les profils de méthylation différentielle pendant un stress thermique précoce

Contexte scientifique

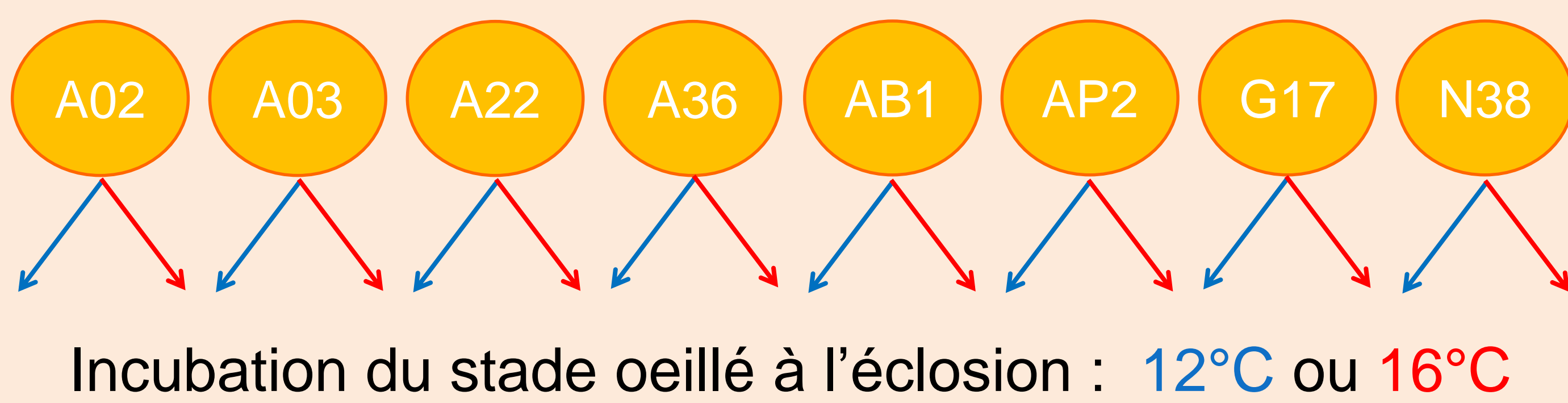
- Mécanismes épigénétiques sont impliqués dans la réponse d'un organisme à des changements de son environnement
- Jeunes stades de vie (stades embryo-larvaires chez les poissons) sont particulièrement sensibles
- Température, facteur d'induction de marques épigénétiques chez les poissons (sexe gonadique)
- Expression des *dnmt* peut être modulée par des stimuli environnementaux pendant les phases précoces du développement chez les poissons

Lignées hétérozygotes de truite

- Animaux génétiquement identiques
- Produites par croisement entre lignées isogéniques homozygotes
- Permet de comparer les marques épigénétiques à génotype constant



Dispositif expérimental



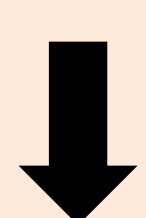
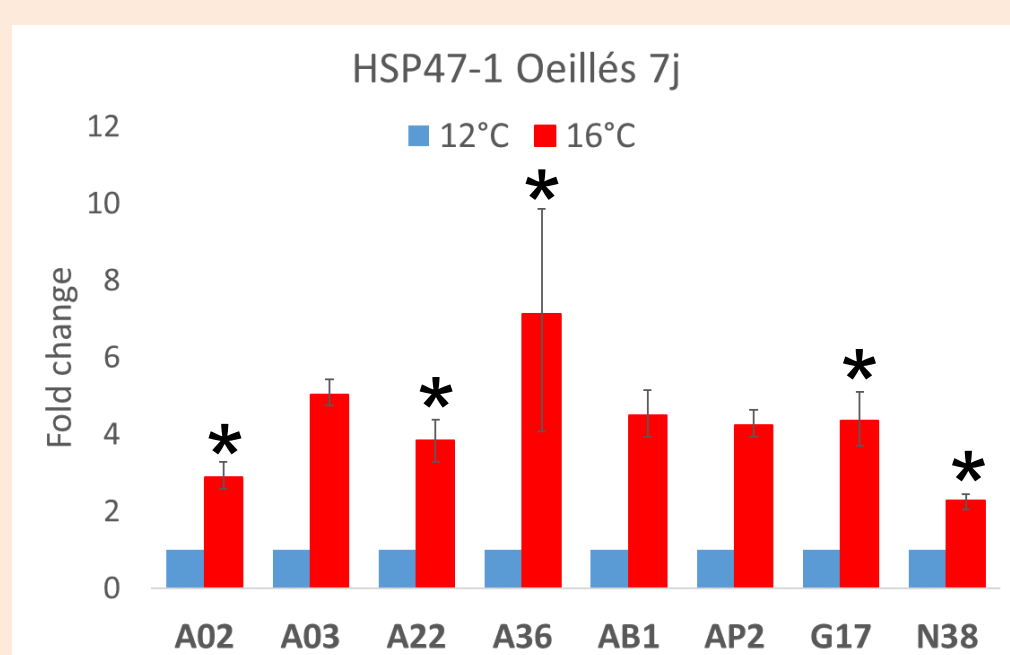
- 3 pools de 5 oeillés par lignée et par T°C, prélevés 3 et 7 jours après le début du stress thermique
- Expression de gènes par qPCR
 - ✓ HSP47 (marqueur de stress thermique)
 - ✓ 8 gènes *dnmt3* (méthylation *de novo*)
- Analyse de la méthylation de l'ADN : LUMA et EpiRAD-seq

Le régime thermique appliqué pendant les phases précoces entraîne-t-il des modifications épigénétiques ?

Résultats

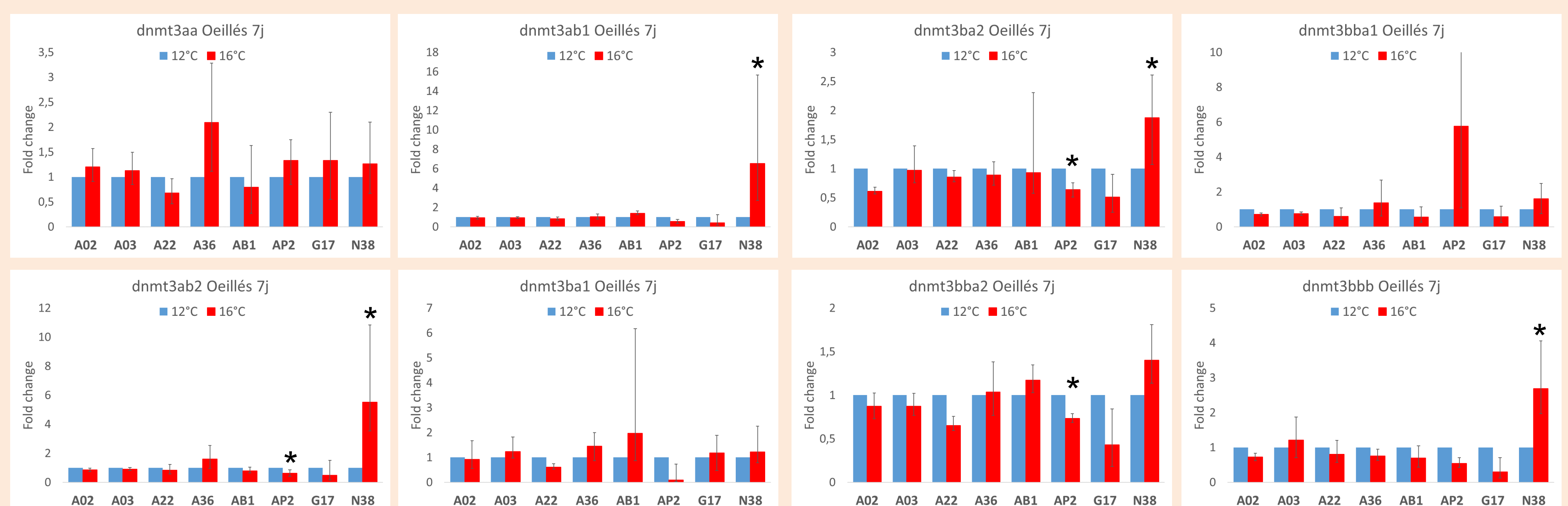
HSP47

FC 12°C	FC 16°C	P-value
1	4,119 (2,840-6,004)	0,001



➤ Surexpression de HSP47 à 16°C

Gène	FC 12°C	FC 16°C	P-value
<i>dnmt3aa</i>	1	1,112 (0,436-2,774)	0,588
<i>dnmt3ab1</i>	1	1,033 (0,383-3,674)	0,901
<i>dnmt3ab2</i>	1	1,065 (0,418-2,593)	0,760
<i>dnmt3ba1</i>	1	0,813 (0,333-2,040)	0,426



- Pas d'impact majeur de la température d'incubation sur l'expression des *dnmt*
- Différences entre lignées (N38 : 4 gènes surexprimés; AP2 : 3 gènes sous-exprimés)