Etude par spectroscopie 1H-NMR du profil métabolique du liquide allantoïque au cours du développement embryonnaire de deux lignées de poulets divergentes pHu- et pHu+.

Lydie Nadal-Desbarats1, Angélique Petit2, Sophie Réhault-Godbert2, Cécile Martias1, Frédéric Montigny3, Elisabeth Le Bihan-Duval2, Sonia Metayer-Coustard2.

1 UMR 1253 iBrain, Université de Tours, Inserm, F-37000 Tours, France

2 UMR BOA,INRA, Université de Tours, F-37380 Nouzilly, France

3 PST-ASB, Université de Tours, F-37000 Tours, France

**Introduction:** Afin de répondre à une demande croissante en protéines animales au niveau mondial, la sélection des souches de poulet de chair a porté sur l’augmentation de la croissance et du rendement en viande. Cette sélection a conduit à un amenuisement des réserves énergétiques musculaires, évaluées au travers du Potentiel Glycolytique **[1-2]**. Ce caractère, héritable, détermine génétiquement le niveau du pH ultime (pHu) de la viande, pour lequel deux lignées divergentes (pHu+ et pHu-) ont été sélectionnées **[3-6]**. L’objectif de cette étude était d’identifier des indicateurs ou biomarqueurs précoces du statut énergétique des animaux *via* la caractérisation fine des fluides internes de l’œuf embryonné. Le liquide allantoïque, qui rassemble les déchets notamment azotés éliminés par l'embryon, pourrait être un reflet pertinent du métabolisme des embryons *in ovo*. Dans cette étude, les profils métaboliques du liquide allantoïque des lignées divergentes pHu- et pHu+ ont donc été analysés par spectroscopie 1H-NMR à 10, 14 et 17 jours de développement embryonnaire (E10, E14 et E17), sachant que le poussin éclot à 21 jours.

**Matériel et Méthodes :** Les liquides allantoïques ont été prélevés à E10, E14 et E17 puis centrifugés pour éliminer les débris cellulaires (3000g, 10 min, 4°C). Les surnageants ont été ultrafiltrés sur colonnes Amicon (Cutoff 3 kDa) puis conservés à -80°C. Les échantillons (150µL) ont été ajoutés à un tampon phosphate deutéré (pH=7,4) contenant du TSP comme référence (60µL). Les spectres 1H ont été réalisés sur un spectromètre Bruker 600MHz cryosonde. Après post-processing, les spectres ont été découpés en 64 variables spectrales avec AMIX (Bruker Biospin, Kalsruhe, Germany), les intensités spectrales ont été normalisées à l’aire de la référence pour une analyse statistique multivariée (SIMCA-P+, Umetrics, Umea, Sweden).

**Résultats :** L’analyse conjointe des 3 stades de développement montre des profils spectraux très différents (PLS-DA, R²Y=0,9, Q²=0,84, X=26) à E10, E14, ou E17, les échantillons à E17 apparaissant les plus riches métaboliquement. Si le facteur temps de développement apparaît plus discriminant que le facteur « lignée », les 2 souches se distinguent en fonction de leur profil métabolique au stade E14 (PLS-DA, R²Y=0,65, Q²=0,6, X=19, CV-Anova p=0,003) mais pas aux autres stades. A E14, parmi les principaux métabolites discriminants, on trouve l’hypoxanthine (p=0,001), la xanthosine (p=7,12E-5), la 3-HOKynurenine (p=0,005), ainsi que certains acides aminés (tels que glutamate, valine, lysine, glycine, histidine).

**Conclusion:** Cette étude illustre le changement de composition du liquide allantoïque au cours du développement embryonnaire pendant lequel les sources de nutriment évoluent. En effet, jusqu’à E11, la source majeure de nutriments pour l’embryon est le jaune (source de lipides, vitamines, minéraux), tandis que la deuxième moitié du développement embryonnaire (à partir de E13) est caractérisée par l’absorption orale des protéines du blanc d’œuf accumulées dans le liquide amniotique, pour accompagner la croissance rapide de l’embryon avant son éclosion. C’est à E14, âge auquel les embryons changent de source de nutriments, qu’une signature métabolique différente est mise en évidence entre les 2 lignées. Ceci suggère des mécanismes d’utilisation métabolique différents en fonction de la génétique de l’embryon et ouvre des perspectives d’une détection précoce, *in ovo*, du statut énergétique de l’animal.

**[1-2]**:Berri et al. 2001 ; Le Bihan-Duval et al. 2008 ; **[3-6]**: Alnahhas et al. 2014 et 2015 ; Beauclercq et al. 2016 et 2017.