



HAL
open science

Impact d'une restriction alimentaire durant le post-partum sur l'expression des gènes des cellules endométriales chez la vache laitière

Sandra Lignier, Wiruntita Chankeaw, Mariam Raliou, Theodoros Ntallaris, Christophe Richard, Yongzhi Guo, Göran Andersson, Olivier Sandra, Patrice Humblot, Gilles Charpigny

► To cite this version:

Sandra Lignier, Wiruntita Chankeaw, Mariam Raliou, Theodoros Ntallaris, Christophe Richard, et al.. Impact d'une restriction alimentaire durant le post-partum sur l'expression des gènes des cellules endométriales chez la vache laitière. Journées d'Animation Scientifique du Département PHASE, Apr 2018, Rennes, France. hal-02736380

HAL Id: hal-02736380

<https://hal.inrae.fr/hal-02736380>

Submitted on 2 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.



DEPARTEMENT PHYSIOLOGIE ANIMALE ET SYSTEMES D'ELEVAGE

4 ET 5 AVRIL 2018 JOURNEES D'ANIMATION SCIENTIFIQUE



RECUEIL
DES
RESUMES

Classement par unité.
Déplier l'arborescence
pour voir les titres des
résumés

Impact d'une restriction alimentaire durant le post-partum sur l'expression des gènes des cellules endométriales chez la vache laitière

Auteur/présentateur : Gilles Charpigny

Unité : BDR

Liste complète des auteurs – Affiliations : Sandra Lignier(1), Wiruntita Chankeaw(2), Mariam Ralou(1), Theodoros Ntallaris(2), Christophe Richard(1), Yongzhi Guo(2), Goran Andersson(3), Olivier Sandra(1), Patrice Humblot(2), Gilles Charpigny(1);

(1)UMR1198 Biologie du Développement, INRA, Jouy en Josas, France, (2)SLU Clinical Sciences, Uppsala, Sweden, (3)SLU Animal Breeding and Genetics, Uppsala, Sweden

Défis Phase : Défi 1 : des leviers pour orienter précocement les phénotypes et les produits et favoriser la coadaptation des animaux et du milieu

Champ Thématique Phase : Les animaux (CT A)

Résumé

La sélection génétique pour un potentiel élevé de production de lait a eu pour conséquence une baisse de la fertilité des vaches laitières de race Holstein. Le bilan énergétique négatif (NEB) des premières semaines après le vêlage a été identifié comme cause principale de la baisse des capacités reproductives des femelles en lactation. Il est corrélé à la non-fécondation de l'ovocyte, aux mortalités embryonnaires précoces et tardives. De nombreux travaux ont cherché à identifier les perturbations induites dans les différents compartiments du tractus génital. Néanmoins, s'il a été montré que le NEB a un effet néfaste sur l'involution utérine durant les toutes premières semaines post-partum, peu de travaux ont abordé la question de l'impact du NEB sur la physiologie utérine dans la période pré-implantatoire quand l'endomètre est responsable de la croissance importante du conceptus. Les études antérieures portant sur le transcriptome endométrial n'ont pas tenu compte de la complexité cellulaire de l'endomètre. Nos travaux ont eu pour objectif d'établir les modifications des transcriptomes respectifs des trois principaux types cellulaires constituant l'endomètre bovin (épithélium luminal et glandulaire et fibroblaste du stroma). Le modèle animal repose sur une alimentation différenciée chez des vaches en lactation. 24 animaux répartis dans 2 lots ont reçu une alimentation visant une production respective de 35 kg et 25kg de lait par jour. La diète a affecté le statut métabolique des animaux (Net energy balance entre -119 et + 89 Mj/jour ; Ntallaris et al, *Theriogenology*, 2017 ; 90: 276-283). Trois biopsies d'endomètre prélevées au 14e jour post-oestrus, ont été congelées, introduites dans un milieu d'inclusion (Optimal Cutting Temperature) puis coupées au cryostat. Les trois types cellulaires endométriaux ont été microdisséqués par laser (PixCell II LCM System) et les ARN ont été extraits. Une analyse quantitative du transcriptome a été obtenue par RNAseq (plateforme Genomeast). Les « reads » ont été mappés au moyen de Tophat 2. La quantification a été effectuée par HTSeq avec les annotations d'Ensembl. Les analyses en composantes principales et la recherche des gènes différentiellement exprimés ont été effectuées au moyen du package R DESeq2. Ce travail a permis d'établir les signatures transcriptomiques caractéristiques de chaque type cellulaire et ainsi de construire des hypothèses sur les fonctions spécifiques de chaque population de l'endomètre. Il a été montré que le statut métabolique de la mère affecte principalement les cellules fibroblastiques de l'endomètre (719 gènes différentiellement exprimés). Les transcriptomes des cellules épithéliales luminales et glandulaires sont beaucoup moins affectés (respectivement 24 et 20 gènes différentiellement exprimés) suggérant une plus grande robustesse des fonctions portées par ces deux compartiments épithéliaux. La suite de ce travail devra établir l'importance fonctionnelle du tissu stromal qui, jusqu'alors, avait été considéré principalement comme un tissu de soutien.

Références bibliographiques issues de ce travail

Wiruntita Chankeaw, Sandra Lignier, Mariam Raliou, Theodoros Ntallaris, Christophe Richard, Yongzhi Guo, Olivier Sandra, Goran Andersson, Patrice Humblot, Gilles Charpigny ; Specific impacts of mild feed restriction on gene expression of endometrial luminal, glandular and stromal cells in post-partum dairy cows. *Proceedings of the Annual Conference of the International Embryo Technology Society, Bangkok, Thailand, 13–16 January 2018, Reproduction, Fertility and Development, abstract 113.*

Mots-clés : fertilité, vache laitière, , transcriptome, cellules-endométriales, microdissection-laser