Utilisation du pyroséquençage pour des analyses de méthylation tout génome

Sophie Leroux, Florence Plisson-Petit, Dominique Hazard, Laurence Drouilhet, Frederique Pitel

▶ **To cite this version:**

Sophie Leroux, Florence Plisson-Petit, Dominique Hazard, Laurence Drouilhet, Frederique Pitel. Utilisation du pyroséquençage pour des analyses de méthylation tout génome. 1. Journée de Séminaires du Département Phase sur l'Epigénétique EpiPhase, 2018, 2018. hal-02785724

HAL Id: hal-02785724
https://hal.inrae.fr/hal-02785724

Submitted on 4 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.

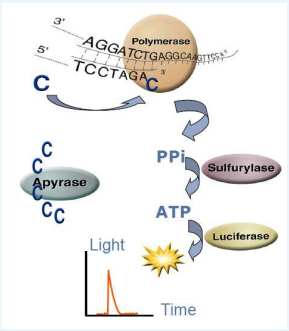
L'archive ouverte pluridisciplinaire **HAL**, est destinée au dépôt et à la diffusion de documents scientifiques de niveau recherche, publiés ou non, émanant des établissements d'enseignement et de recherche français ou étrangers, des laboratoires publics ou privés.

UTILISATION DU PYROSÉQUENÇAGE POUR DES ANALYSES DE MÉTHYLATION TOUT GÉNOME

SOPHIE LEROUX, FLORENCE PLISSON-PETIT, DOMINIQUE HAZARD, LAURENCE DROUILHET, FRÉDÉRIQUE PITEL
UMR1388, INRA-ENSAT-ENVT, GENPHYSE, 31326 CASTANET-TOLOSAN

Principe du pyroséquençage

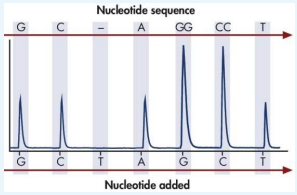
Technologie de séquençage direct par incorporation des bases les unes après les autres.



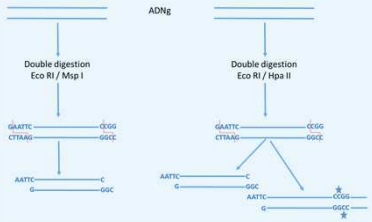
Si base = OK →

Si base ≠ OK →

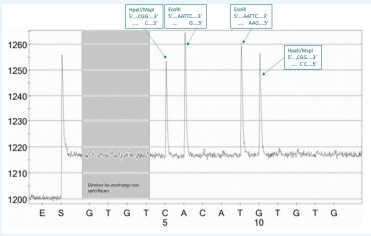
Si 2 bases = OK →



LUMA : LUminometric Methylation Assay



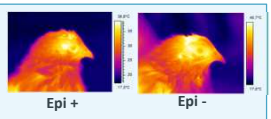
→ Pyroséquençage



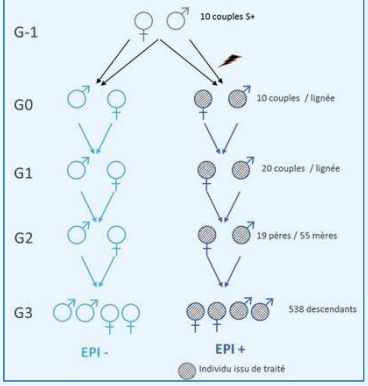
Taux de méthylation =
1- [(HpaII(G)/EcoRI(T)) / (MspI(G)/EcoRI(T))]

Jessica A. Head et all, Molecular Ecology Resources, 2014

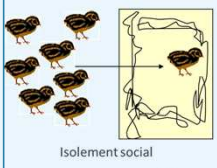
Projet EpiBird : observer des différences de méthylation de l'ADN potentiellement dues à des phénomènes épigénétiques transgénérationnels.

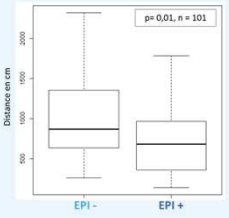


Protocole

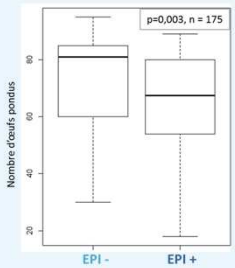


Mesures phénotypiques





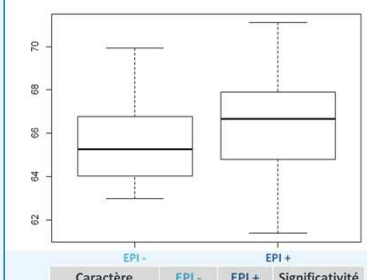
Mesure de comportement



Caractère	EPI -	EPI +	Significativité
Age au 1er oeuf	80,67 jours	88,96 jours	*** (p = 0.0007)

Caractères de reproduction

Analyse du taux de méthylation globale



Caractère	EPI -	EPI +	Significativité
Taux de méthylation	65.61	66.54	p=0.132646

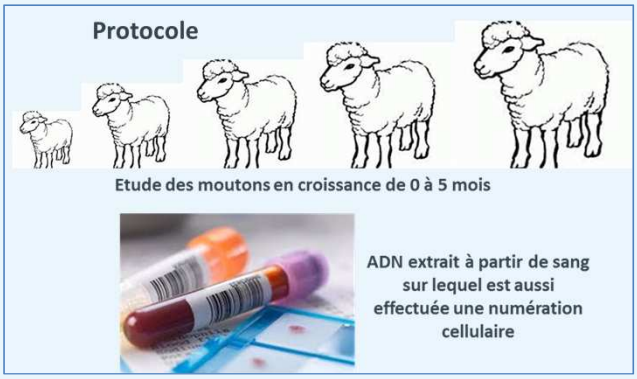
→ Différences significatives entre les 2 lignées sur des caractères de reproduction et de comportement, mais pas de différence significative du taux de méthylation globale.

Projet GenEpiGen : étudier le déterminisme génétique du taux de méthylation globale de l'ADN chez les moutons.

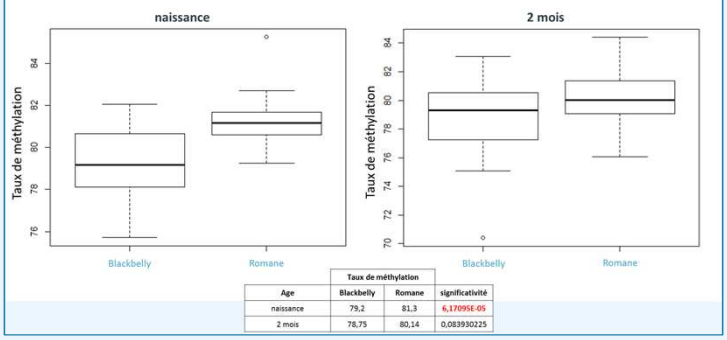
Blackbelly

Romane

Protocole



Analyse du taux de méthylation globale



Taux de méthylation			
Age	Blackbelly	Romane	significativité
naissance	79,2	81,3	6,17095E-05
2 mois	78,75	80,14	0,083930225

→ Il existe une différence significative du taux de méthylation entre les Blackbelly et les Romane à la naissance. Mais, les corrélations entre les taux successifs sont très faibles.

Centre Occitanie-Toulouse
Chemin de Borde Rouge
CS 52627 • 31326 Castanet-Tolosan cedex

GenPhySE
Génétique Physiologie et Systèmes d'Elevage

épiPhase, 14 – 15 mai 2018