



HAL
open science

Génétique de l'Épigénétique chez les ovins

Laurence Drouilhet, Florence Plisson-Petit, Dominique Hazard, Didier Marcon, Frédéric Bouvier, Carole Moreno-Romieux, Stéphane Fabre

► **To cite this version:**

Laurence Drouilhet, Florence Plisson-Petit, Dominique Hazard, Didier Marcon, Frédéric Bouvier, et al.. Génétique de l'Épigénétique chez les ovins. 1. Journée de Séminaires du Département Phase sur l'Épigénétique EpiPhase, May 2018, Nouzilly, France. hal-02788338

HAL Id: hal-02788338

<https://hal.inrae.fr/hal-02788338>

Submitted on 5 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.

Drouilhet Laurence^{1*}, Plisson-Petit Florence¹, Marcon Didier², Bouvier Frédéric², Moreno Carole¹
Fabre Stéphane¹, Hazard Dominique¹

¹ INRA, UMR1388 GenPhySE, Castanet Tolosan

² INRA, UE0332 Domaine de la Sapinière, Osmoy,

*laurence.drouilhet@inra.fr

De récentes études mettent en évidence que les modifications biochimiques de l'ADN ou des histones, appelées modifications épigénétiques, ont des effets sur les phénotypes de production et/ou d'adaptation. En revanche le déterminisme génétique de l'épigénétique et les variations phénotypiques dues aux mécanismes épigénétiques restent inconnus.

Notre projet s'articule autour de deux grands axes. Le premier consiste à caractériser un nouveau phénotype chez le mouton permettant une évaluation du taux global de méthylation de l'ADN (TGMA) dans les cellules du sang et d'autres tissus, sa variabilité pour le même animal au cours de sa croissance, entre animaux au sein d'une même race et entre différentes races. Le TGMA a été obtenu par une approche de pyroséquençage de type LUMA (Luminometric Methylation Analysis). Vingt animaux par race, issus de trois races ovines (Romane, BlackBelly et Charolaise), ont été élevés simultanément sur l'unité expérimentale de Bourges afin de réaliser les prélèvements de sang au même moment et dans un environnement commun. Six prélèvements sanguins mensuels par animal ont été réalisés de la naissance à 5 mois d'âge. En parallèle de l'analyse du TGMA, la formulation sanguine de chaque échantillon a été effectuée sans mise en évidence notable de corrélation entre TGMA et les paramètres de la formulation. Une sous sélection de 30 animaux représentative de la variabilité du TGMA a été abattue (15 Romanes et 15 Black Belly, représentant 16 mâles et 14 femelles) pour constituer une tissuthèque de 16 tissus par animal et comparer le TGMA entre ces différents tissus et celui des cellules sanguines. Ces dosages sont actuellement en cours.

Le second axe est une preuve de concept qu'un déterminisme génétique existe pour ce phénotype et qu'il pourrait être sélectionné. Pour cette preuve de concept, nous avons traité le phénotype TGMA du sang comme un caractère quantitatif. Ce phénotype a été mesuré dans les échantillons de sang conservés d'un dispositif génétique ovin de recherche de QTL dont les animaux (n=940 individus Romane) ont été préalablement phénotypés pour des caractères de production et d'adaptation et génotypés (50k SNP). Le TGMA apparaît variable entre animaux (moyenne de $70.7 \pm 6.0\%$, variant de 23.0 à 87.9%). Parmi les facteurs de variation testés, seuls les effets du sexe et du père sur le TGMA sont significatifs. Une première estimation de l'héritabilité de ce caractère en utilisant un modèle animal est de 0.20 ± 0.05 indiquant qu'une sélection génétique serait possible sur le TGMA. Une étude de détection de QTL est actuellement en cours par plusieurs méthodes telles que l'analyse de liaison, l'analyse d'association, ou encore l'analyse combinée de liaison et d'association afin de trouver des marqueurs génétiques associés.

Financement : Méta programme SelGen

Références :