

L. DROUILHET, F. PLISSON-PETIT, D. MARCON, F. BOUVIER, C. MORENO, S. FABRE and D. HAZARD
GenPhySE, Université de Toulouse, INRA, INPT, ENVT, Castanet Tolosan, France

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 les variations phénotypiques dues aux mécanismes épigénétiques et plus particulièrement le déterminisme génétique de l'épigénétique restent largement méconnus.

Notre étude consiste à caractériser le taux global de méthylation de l'ADN (TGMA) pris en compte comme un nouveau phénotype quantitatif chez le mouton. Le TGMA a été obtenu par une approche de pyroséquençage de type LUMA (Luminometric Methylation Analysis).

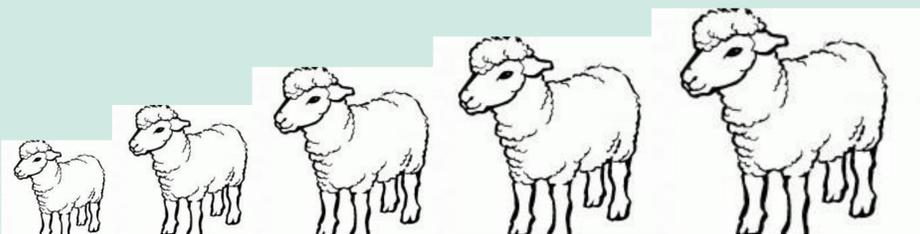
Caractérisation du taux global de méthylation de l'ADN



BlackBelly

Romane

Charollais



naissance 1 mois 2 mois 3 mois 4 mois

- TGMA peu répétable pour un même animal en croissance
- ❖ cofacteurs de variation de la formulation sanguine

paramètre sanguin	unité	valeur estimée	P value
nombre d'éosinophiles	Giga/L	-7,99	<.0001
taux d'éosinophiles	%	0,67	0,0002
taux d'hémoglobine	g/100mL	0,38	0,0001
teneur corpusculaire moyenne en hémoglobine	pg	-0,31	0,02
volume moyen de plaquettes	fL	0,35	0,049

- 20 animaux par race étudiés en même temps dans un environnement commun
- Prélèvement sanguin mensuel + formulation sanguine

- ❖ facteurs de variation

Faible effet sexe (+0,5%) significatif ($P=0.03$). Pas d'effet race

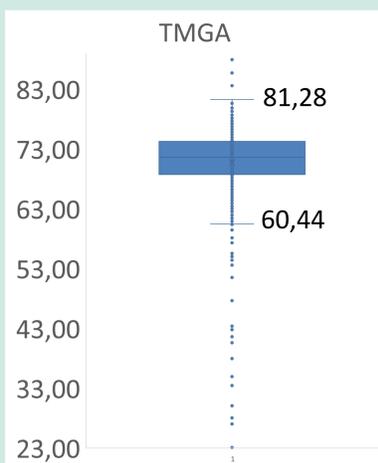
sexe	LSmeans	SE
male	80,46	0,17
femelle	80,99*	0,16

Le taux global de méthylation de l'ADN considéré comme un caractère quantitatif

Phénotype TGMA mesuré chez 1050 moutons Romane (prise de sang autour de 105 jours d'âge) issus d'un dispositif génétique de recherche de QTL avec phénotypes de caractères de production et génotypages 50k SNP

- ❖ Variabilité du caractère

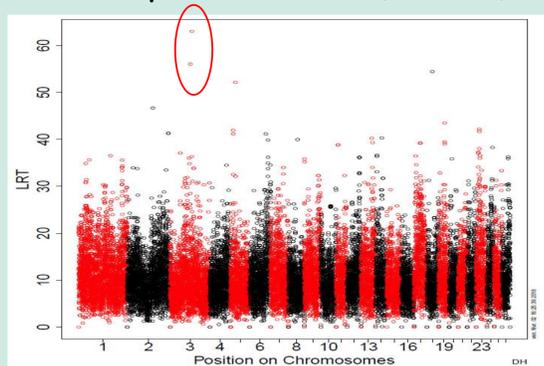
N	moyenne	écart-type	min	max
1050	70,73	5,97	23,08	87,94



- ❖ Facteurs de variation

	P value	male	femelle
Sexe	<0,0001	69,1	72,2
Père (année)	<0,0001		

- ❖ Analyse de liaison (GWAS)



- ❖ Paramètres génétiques

Variable	Animal (h^2)	Perm (m^2)	Residual (e^2)
TMGA	0.20 (±0.05)	0.02 (±0.03)	0.78 (±0.05)

Modèle animal (ASREML)

TGMA = génétique direct +
environnement permanent brebis +
effets fixes

TGMA est un caractère variable, influencé par le sexe et moyennement héritable

Ces premières approches montrent que le TGMA sanguin dans le jeune âge semble peu répétable au cours du temps. Le TGMA dans d'autres types de tissus est en cours pour une mise en corrélation avec le TGMA sanguin. Un déterminisme génétique semble cependant exister pour le TGMA mesuré autour de 105 jours d'âge et une sélection génétique serait possible. Un séquençage bisulfite tout génome pourrait ouvrir de nouvelles pistes.