



**HAL**  
open science

## Programmation nutritionnelle du métabolisme hépatique chez le canard mulard

Aurelie Secula, Loys Bodin, Hervé Chapuis, Alexis Cornuez, Marie-Dominique Bernadet, Lisa Bluy, Emilie Cobo, Josette Barrieu, Cécile Bonnefont, Michel Lessire, et al.

► **To cite this version:**

Aurelie Secula, Loys Bodin, Hervé Chapuis, Alexis Cornuez, Marie-Dominique Bernadet, et al.. Programmation nutritionnelle du métabolisme hépatique chez le canard mulard. 3. Journées scientifiques GDR 3606 REPRO : ReproSciences 2019, Apr 2019, Toulouse, France. 2019. hal-02789601

**HAL Id: hal-02789601**

**<https://hal.inrae.fr/hal-02789601>**

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.

**Nom et prénom: SECULA Aurélie**

**Candidat au prix poster**     **NON**

**5 mots-clé:** Canard, Programmation nutritionnelle, Méthionine, Performances de ponte, Métabolisme hépatique.

**Programmation nutritionnelle du métabolisme hépatique chez le canard mulard**

A. Sécula<sup>1</sup>, L. Bodin<sup>1</sup>, H. Chapuis<sup>1</sup>, A. Cornuez<sup>2</sup>, M-D. Bernadet<sup>2</sup>, L. Bluy<sup>1</sup>, E. Cobo<sup>1</sup>, J. Barrieu<sup>2</sup>, C.M.D. Bonnefont<sup>1</sup>, M. Lessire<sup>3</sup>, C. Bravo<sup>1</sup>, H. Manse<sup>1</sup>, L. Gress<sup>1</sup>, A. Bonnet<sup>1</sup>, F. Pitel<sup>1</sup> J-M. Brun<sup>1</sup>, M. Morisson<sup>1</sup>

1: GenPhySE, Université de Toulouse, INRA, ENVT, Castanet-Tolosan, France.

2: UEPFG, (Unité Expérimentale Palmipèdes à Foie Gras), Domaine d'Artiguères 1076, route de Haut Mauco, F-40280 Benquet, France

3: BOA, INRA, Université de Tours, 37380 Nouzilly, France

[mireille.morisson@inra.fr](mailto:mireille.morisson@inra.fr)

Les effets de la nutrition maternelle sur les phénotypes des descendants sont très documentés chez les mammifères et, de façon plus récente, chez les oiseaux. Nous avons étudié les effets d'un régime alimentaire restreint en méthionine (0.25% vs 0.40%) sur les performances de ponte des canes Pékin et sur le phénotype de leurs descendants mulards des deux sexes.

La restriction en méthionine n'affecte pas la croissance ni la courbe de ponte des canes. La fertilité et le taux d'éclosion ne sont pas non plus altérés. En revanche, le poids de l'œuf ( $P < 0,001$ ), le poids du blanc ( $P < 0,001$ ) et le pourcentage de matière sèche du blanc ( $P < 0,01$ ) sont réduits. Ainsi, les canetons issus des canes ayant reçu le régime restreint en méthionine ont eux-mêmes subi une carence en nutriments lors de leur développement embryonnaire. Ils présentent un poids à l'éclosion réduit ( $P < 0,001$ ) et la couleur de leur duvet est modifiée en particulier sur le ventre ( $P < 0.05$  pour les deux indices des couleurs rouge  $a^*$  et jaune  $b^*$ ). De plus, certains paramètres plasmatiques tels que l'activité de l'alanine transaminase (ALT) et les taux de glucose, de triglycérides et d'acides gras libres sont modifiés. Au niveau hépatique, une étude ciblée sur 170 gènes d'intérêt montre un différentiel d'expression pour plus de 70 gènes. A l'âge de 12 semaines, ces animaux présentent un taux de lipides du foie et un poids de gras abdominal diminués ( $P = 0,005$  et  $P < 0,04$  respectivement). Enfin, à 14 semaines et après gavage, le poids de leur foie gras est diminué et quelques gènes sont différentiellement exprimés dans le foie.

La restriction alimentaire appliquée aux canes lors de la production des gamètes, puis la moindre disponibilité en nutriments lors du développement embryonnaire peuvent être impliquées dans les changements phénotypiques observés. Les mécanismes épigénétiques mis en jeu dans cette programmation nutritionnelle seront étudiés.