

L'épigénétique en « Phase »

Auteur/présentateur : N. Beaujean et V. Coustham

Unité (acronyme) : CSC/BOA

Liste complète des auteurs – Affiliations :

Nathalie Beaujean¹ et Vincent Coustham²

¹ Univ Lyon, Université Claude Bernard Lyon 1, Inserm, INRA, Stem Cell and Brain Research Institute U1208, USC1361, 69500 Bron, France.

² BOA, INRA, Université de Tours, 37380, Nouzilly, France

Résumé :

Les phénotypes observés chez les animaux d'élevage sont déterminés par leur génétique mais résultent également des interactions avec l'environnement (température, alimentation, stress...). Un nombre croissant d'études suggère que ces effets environnementaux sont médiés par des mécanismes épigénétiques qui orchestrent dans les noyaux des cellules l'organisation de la chromatine contrôlant l'expression des gènes. En effet, l'épigénétique se réfère aux changements de l'expression des gènes réversibles et héréditaires lors de la mitose (et potentiellement, la méiose) sans altération de la séquence d'ADN.

Dans ce contexte, l'étude et le pilotage des mécanismes épigénétiques figurent dans les fronts de science du département Phase (Schéma Stratégique 2016-2020), notamment dans le Défi 1 pour orienter précocement les phénotypes en fonction des conditions d'élevage.

En 2015, suite aux Journées d'Animation Scientifique du département Phase, une journée de séminaire sur l'épigénétique a été mise en place à la demande des participants. L'objectif de cette rencontre, qui se tient annuellement et réunit une cinquantaine de chercheurs, est de permettre d'échanger sur diverses questions (principes, méthodologie...) liées à l'épigénétique.

De nombreuses interactions ont émergé entre différentes équipes du département Phase mais aussi avec d'autres départements dont GA et AlimH, conduisant à 10 collaborations concrétisées sous forme de projets et plusieurs autres collaborations informelles. Bien qu'une cinquantaine de publications en lien avec l'épigénétique aient été produites par les chercheurs Phase au cours des 5 dernières années, plusieurs verrous restent cependant à débloquer, parfois spécifiques aux animaux d'élevage, parfois liés à la complexité des questions abordées ou aux mécanismes épigénétiques eux-mêmes et aux outils nécessaires pour les étudier.

Nous vous présenterons un résumé des connaissances fondamentales et appliquées acquises notamment en lien avec la programmation nutritionnelle et thermique ainsi qu'avec la fonction de reproduction. Nous aborderons également les challenges rencontrés en termes de positionnement scientifique, de réalisation des travaux de recherche, de méthodes et d'intégration des données.