



HAL
open science

La transcriptomique en cellule unique révèle les processus de maturation induits dans chaque type de cellule épithéliale intestinale lors de l'introduction de l'alimentation solide

Tania Malonga, Christelle Knudsen, Emeline Lhuillier, Patrick Aymard, Elodie Riant, Cédric Cabau, Nathalie Vialaneix, Martin Beaumont

► To cite this version:

Tania Malonga, Christelle Knudsen, Emeline Lhuillier, Patrick Aymard, Elodie Riant, et al.. La transcriptomique en cellule unique révèle les processus de maturation induits dans chaque type de cellule épithéliale intestinale lors de l'introduction de l'alimentation solide. CECED 2024, Club des Cellules Epithéliales Digestives, Mar 2024, Montpellier, France. pp.P12. hal-04527178

HAL Id: hal-04527178

<https://hal.inrae.fr/hal-04527178>

Submitted on 29 Mar 2024

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.

La transcriptomique en cellule unique révèle les processus de maturation induits dans chaque type de cellule épithéliale intestinale lors de l'introduction de l'alimentation solide

Tania Malonga^{1,2}, Christelle Knudsen¹, Emeline Lhuillier³, Patrick Aymard¹, Elodie Riant⁴, Cedric Cabau⁵, Nathalie Vialaneix², Martin Beaumont¹

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

2 - Université de Toulouse, INRAE, UR MIAT, 31326, Castanet-Tolosan, France.

3 - GeT-Sante, Plateforme Génome et Transcriptome, GenoToul, Toulouse, France.

4 – Plateau de cytométrie I2MC, INSERM, TRI-GenoToul, Université Paul Sabatier, Toulouse, France.

5 - Sigenae, GenPhySE, Université de Toulouse, INRAE, ENVT, F-31326, Castanet-Tolosan, France.

Introduction : La maturation de l'épithélium intestinal lors de la transition alimentaire du sevrage a des conséquences durables pour la fonction de barrière de l'intestin. Le but de ce travail était d'identifier les modifications transcriptomiques induites dans chaque type cellulaire de l'épithélium intestinal lors de l'introduction de l'alimentation solide.

Matériel et méthodes : Deux groupes de quatre lapereaux ont été allaités jusqu'à 25 jours d'âge et ont eu accès ou non à un aliment solide à partir du 12^e jour. Le transcriptome en cellule unique de l'épithélium du caecum a été étudié à 25 jours. Les données ont été analysées avec le logiciel Cell Ranger et avec le package R Seurat.

Résultats : L'introduction de l'alimentation solide a fortement modifié l'expression des gènes dans l'épithélium intestinal. Certains effets étaient observés dans la majorité des types cellulaires, tels que l'augmentation de l'expression de gènes impliqués dans les défenses de l'épithélium (PIGR, ISG15) ou dans le métabolisme de l'acide rétinolique (ALDH1A1). Les modifications transcriptomiques étaient particulièrement marquées dans les cellules absorbantes et suggèrent notamment une régulation de la respiration cellulaire et du métabolisme lipidique. L'alimentation solide a également modifié le transcriptome de la sous-population de cellules absorbantes matures BEST4⁺, récemment découverte chez l'homme, absente chez la souris, et décrite ici pour la première fois chez le lapin. Parmi les régulations observées spécifiquement dans ces cellules BEST4⁺, l'ingestion d'aliments solides a notamment augmenté l'expression de l'enzyme pro-oxydante DUOX2 et réduit l'expression de la cytokine IL33.

Conclusion : L'identification des modifications transcriptomiques induites dans chaque type de cellule épithéliale lors de l'introduction de l'alimentation permettra de mieux comprendre les mécanismes impliqués dans la maturation de l'intestin au début de la vie.

Mots clés : épithélium intestinal, cellules BEST4⁺, sevrage, transcriptomique en cellule unique