> Projet ROSEpigs: bilan et perspectives

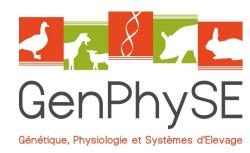
Regulation Of Satiety and Epigenetic mechanisms in pigs

Transversalité porcine, 2020-11-05

Guillaume Devailly







Context - 2

La régulation de la satiété est impliqué dans de nombreuses thématiques d'intérêt

- Obésité
- Efficacité alimentaire
- Comportement alimentaires données DAC
- Régulation thermique, adaptation à la chaleure
- Reproduction
- Alternatives au gavage

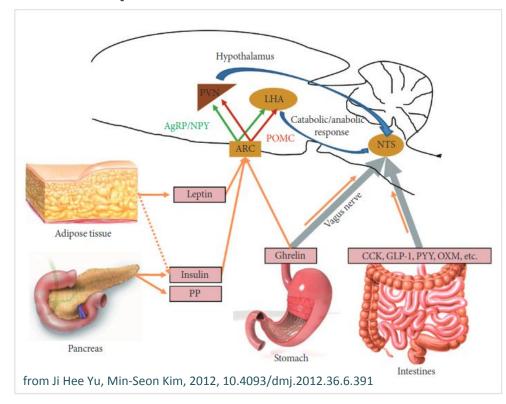
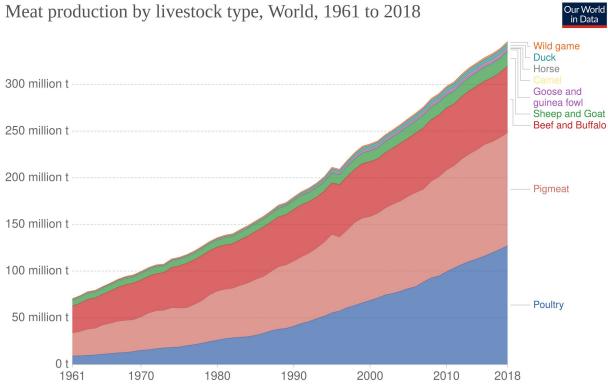


Fig. 2. A schematic representation of the multiple systems regulating appetite. AgRP, agouti-related peptide; ARC, arcuate nucleus; CCK, cholecystokinin; GLP-1, glucagon-like peptide 1; LHA, lateral hypothalamic area; NPY, neuropeptide Y; NTS, nucleus of the solitary tract; OXM, oxyntomodulin; POMC, pro-opiomelanocortin; PP, pancreatic polypeptide; PVN, paraventricular nucleus; PYY, peptide YY.



Contexte - 1

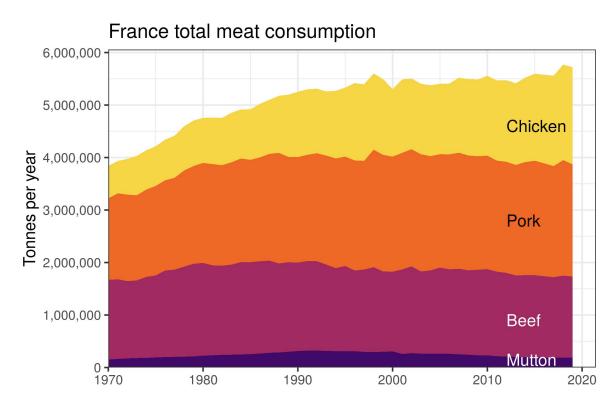
On mange beaucoup de viande de porc.



Source: UN Food and Agricultural Organization (FAO)

OurWorldInData.org/meat-production • CC BY

Note: Total meat production includes both commercial and farm slaughter. Data are given in terms of dressed carcass weight, excluding offal and slaughter fats.



Data: FranceAgriMer, 2020-02-02



Projet ROSEpigs 2020-11-05 / transversalité porcine / Guillaume Devailly

Introduction

ROSEpigs:

- Crédit incitatif GA 2019 (19 000€) + soutien de GenEpi / ModGen / GenPhySE (15 000 €)
- Objectif: Accumuler des connaissances et des compétences pour préparer un dépôt de projet ERC (mars 2021)
- Projet en deux parties :
 - mise en place de techniques d'éditions de l'épigénome sur lignées cellulaires intestinales de porcs
 - effet du passage du bol alimentaire sur le transcriptome et le méthylome du duodénum dans les lignée divergentes - efficacité alimentaire (G11)



Technique d'édition de l'épigénome

Objectif: venir réprimer l'expression d'un gène en hyper-méthylant spécifiquement son promoteur.

Transfection transitoire:

- ARN guide
- dCas9-DNMT3A (gauche)
- ou dCas9-sunTag + GCN4-DNMT3A (droite)

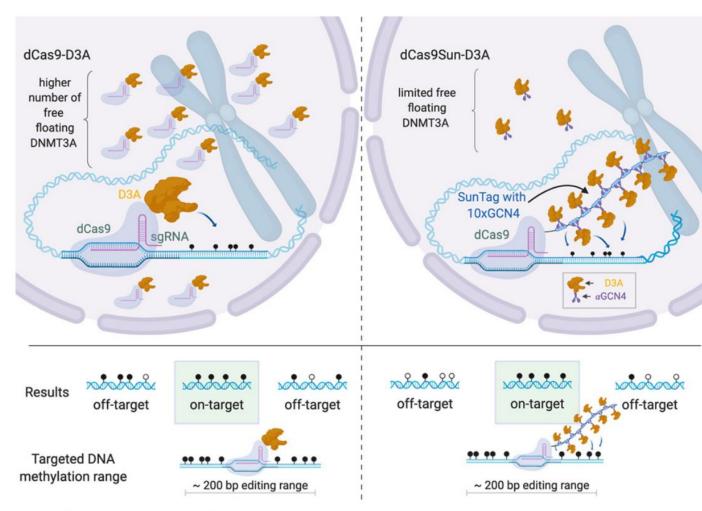


Figure 1. Overview of targeted DNA methylation editing technologies

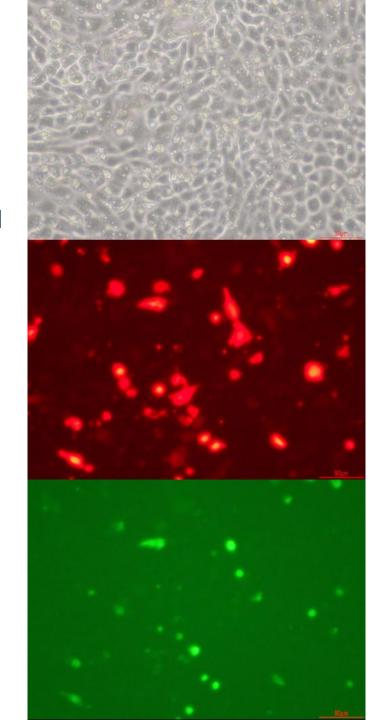
Comparison of targeted DNA methylation editing by dCas9-based direct fusion and modular systems. Solid black circles and open circles represent 5-methylcytosine and unmethylated cytosine, respectively, in the CpG context. Figure created with BioRender.com



Technique d'édition de l'épigénome

Lignées cellulaires immortalisées : IPEC-1 et IPEC-J2 (Intestinal Porcine Epithelial Cells)

Transfection transitoire : faible efficacité de transfection



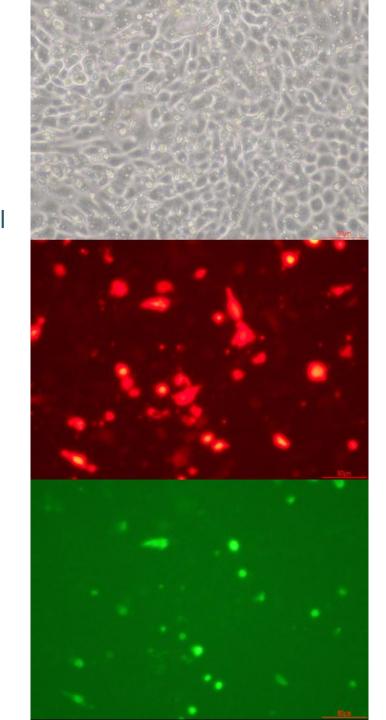


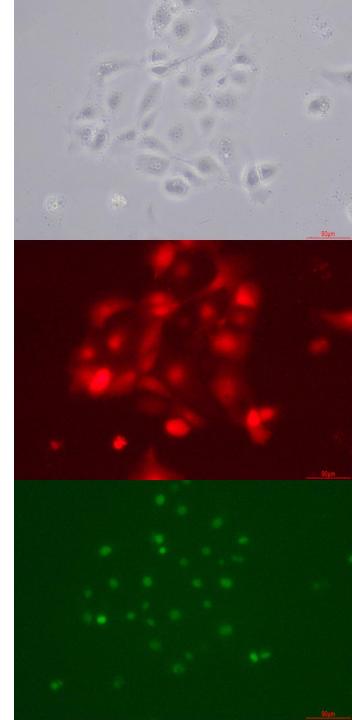
Technique d'édition de l'épigénome

Lignées cellulaires immortalisées : IPEC-1 et IPEC-J2 (Intestinal Porcine Epithelial Cells)

Transfection transitoire : faible efficacité de transfection

Tri cellulaire (FACS): fonctionne, mais mortalité cellulaire à 3 jours.





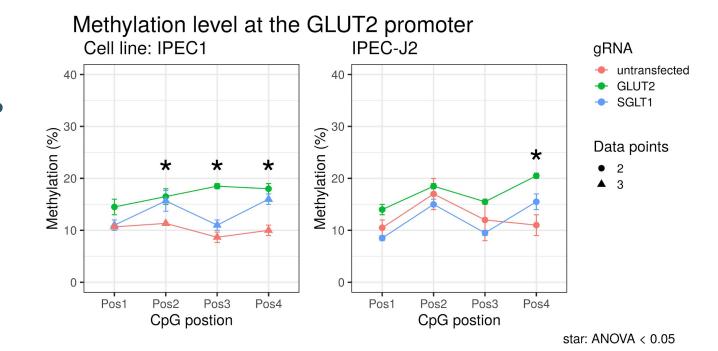
Premiers résultats laborieux mais prometteurs?

Deux lignées cellulaires: IPEC-1 (gauche) et IPEC-J2 (droite)

Deux ARN guides ciblant:

GLUT2 ou SGLT1, et un témoin non transfecté

Deux régions du génomes analysées: GLUT2 (en haut) et SGLT1 (en bas)



Premiers résultats laborieux mais prometteurs?

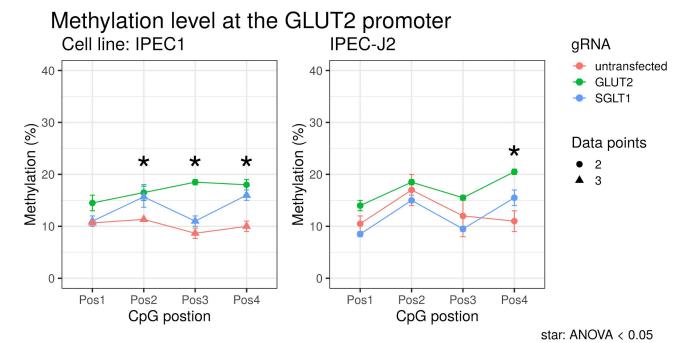
Deux lignées cellulaires: IPEC-1 (gauche) et IPEC-J2 (droite)

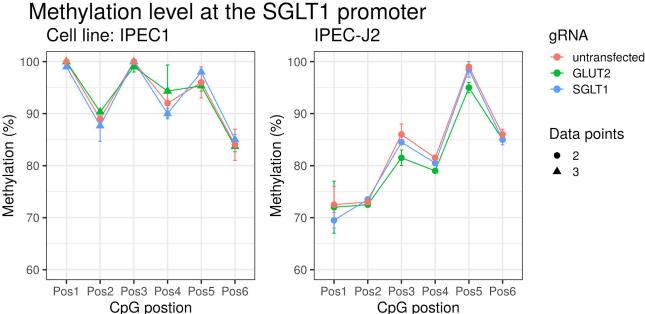
Deux ARN guides ciblant:

GLUT2 ou SGLT1, et un témoin non transfecté

Deux régions du génomes analysées:

GLUT2 (en haut) et SGLT1 (en bas)





star: ANOVA < 0.05



Perspectives

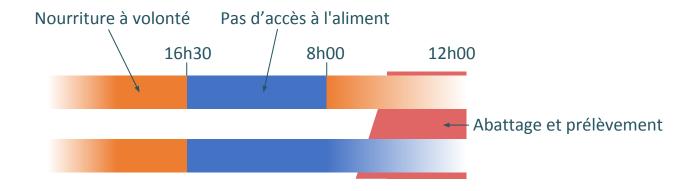
- Nouveaux plasmides
- Tester sur organoïdes
- Re-tester le tri cellulaire
- Re-tester la sélection puromycine



Dispositif expérimental

Prélèvement de sang, muqueuse du duodénum et muqueuse de l'estomac sur 24 animaux.

Chantier au Magneraud.



Plan expérimental réalisé:

Génétique	Portée	Sexe	Condition
CMJR+	1	F	à jeun
CMJR+	1	F	rassasié
CMJR+	1	M	à jeun
CMJR+	1	M	rassasié
CMJR+	2	F	à jeun
CMJR+	2	F	rassasié
CMJR+	2	M	à jeun
CMJR+	2	M	rassasié
CMJR+	3	F	à jeun
CMJR+	3	F	rassasié
CMJR+	3	M	à jeun
CMJR+	3	M	rassasié
CMJR-	4	F	à jeun
CMJR-	4	M	rassasié
CMJR-	4	M	à jeun
CMJR-	4	M	rassasié
CMJR-	5	F	à jeun
CMJR-	5	F	rassasié
CMJR-	5	M	à jeun
CMJR-	5	M	rassasié
CMJR-	6	F	à jeun
CMJR-	6	F	rassasié
CMJR-	6	M	à jeun
CMJR-	6	M	rassasié



Chantier









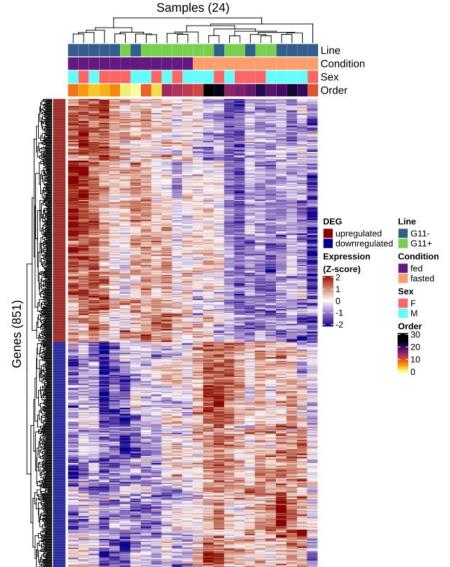


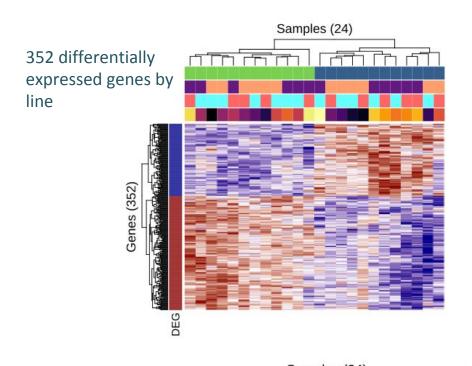


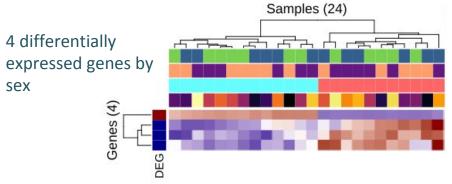
Analyses RNA-seq

nf-core/rnaseq, Salmon, tximport, limma voom. Modèle : ~Line + Condition + sex









Perspectives

- Analyses : M2 en Janvier 2021
- Méthylome (librairies en cours de préparation)

ERC starting 2021:

- **WP1**: single cell RNA-seq + DNA methylation, before/after a meal, in different breeds
- **WP2**: Epigenetic editing in cell lines & organoïds
- WP3: Engineering milk derived vesicles to deliver cargo to intestinal epithelial cells
- WP4: Using epigenetic editing to repress gut hormones in pigs in vivo?
- WP5: Social acceptability, economics, marketing, re-branding of epigenetic editing?



Remerciements

Katia Fève Yann Labrune Sophie Leroux Julie Demars Juliette Riquet Denis Milan Frédérique Pitel Annie Robic

Yvon Billon Laure Ravon Hélène Gilbert Martin Beaumont Christelle Marrauld Céline Noirot

Philippe Pinton Abdullah Khoshal

Jérôme Lluch Olivier Bouchez Sophie Valière

Toute l'équipe GenEpi Le département GA



Génétique, Physiologie et Systèmes d'Elevage

