

Transcriptome et méthylome du duodénum avant et après un repas chez deux lignées de porcs divergeant sur un critère d'efficacité alimentaire

Contexte

La régulation de la sensation d'appétit, et de son contraire la satiété, fait intervenir des acteurs hormonaux et non hormonaux, dans des tissus tels que l'hypothalamus, les cellules entéro-endocrines gastriques et intestinales, les adipocytes. Les cellules endocrines de l'intestin sécrètent, lors du passage du bol alimentaire, les hormones GLP-1, GLP-2, GIP, PYY, CCK, qui induisent une sensation de satiété. La plupart des études analysant l'expression de ces gènes dans l'épithélium intestinal ont eu lieu jusqu'à présent chez la souris ou le rat.

L'alimentation représente un des principaux postes budgétaires en élevage porcin. L'efficacité alimentaire des animaux est donc un critère de sélection pertinent pour la filière. Des animaux mangeant moins pour produire une même quantité de viande permettent aussi de réduire l'impact environnemental de l'élevage. L'INRA développe depuis une vingtaine d'années des lignées divergentes de porcs de race Large White sur un critère d'efficacité alimentaire, sélectionnant deux lignées produisant plus ou moins de viande pour une même quantité de nourriture ingérée.

Pour mieux caractériser les différences entre lignées efficace et peu efficace, nous comparerons le transcriptome et le méthylome du duodénum de porcs issus de ces deux lignées, à jeun ou après un repas. Nous pourrions ainsi identifier les gènes différenciellement exprimés dans le duodénum avant et après un repas, et comparer la réponse des deux lignées divergentes. Nous étudierons aussi dans quelle mesure les méthylomes (cartographie pangénomique de la méthylation de l'ADN) des deux lignées permettent d'expliquer ces différences de transcriptomes (n = 24).

Objectifs du stage

- Identifier les gènes différenciellement exprimés dans le duodénum de porcs avant et après un repas.
- Identifier les gènes différenciellement exprimés et les régions différenciellement méthylées dans le duodénum entre lignées de porcs à faible et forte efficacité alimentaire.
- Corréler différences de méthylation et différences d'expressions entre les lignées.

Compétences acquises durant le stage

- analyses de données RNA-seq

- analyses de données MeDIP-seq (ou MBD-seq)
- système de workflow bioinformatique (nextflow / snakemake)
- utilisation d'un cluster de calcul (genotoul)
- utilisation d'un langage de script d'analyse de données (R / python)
- rédaction d'un article scientifique

Environnement et conditions du stage

Le stage sera réalisé au sein de l'équipe GenEpi (Génétique et Epigénétique Moléculaires des espèces animales utilisées en croisement) du laboratoire GenPhySE de l'INRA, qui a pour thématique majeure la caractérisation des causes moléculaires de la variabilité des caractères chez les animaux domestiques. L'équipe est constituée de 6 chercheurs et 6 ingénieurs et techniciens, et accueille des stagiaires, apprentis, CDD et doctorants (2 thèses en cours). L'étudiant-e pourra s'appuyer sur les compétences en bioinformatique et statistique présentes au sein de l'équipe et du laboratoire. Il ou elle travaillera en outre dans un environnement propice à l'analyse de données haut-débit, en particulier grâce à la proximité des équipes bioinformatique de la plate-forme Genotoul (<http://bioinfo.genotoul.fr/>) et Sigенаe (www.sigенаe.org), auprès desquelles il ou elle trouvera un soutien efficace si nécessaire.

Contact

Guillaume Devailly

<https://gdevailly.netlify.com/>

email:

guillaume.devailly@inra.fr

Phone:

0561285435