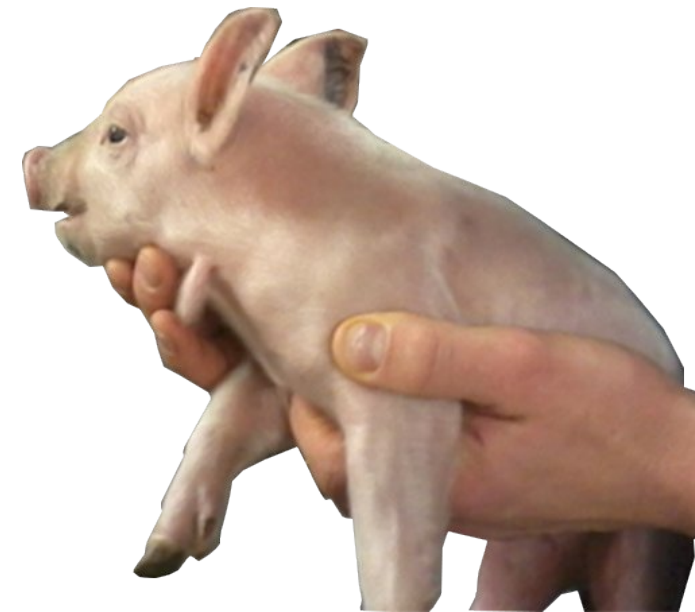


# ➤ Etude génomique de l'adaptation à la chaleur chez le porc croisé Large white & Créole

Arthur Durante (GENEPI)

Encadrant : Guillaume Devailly



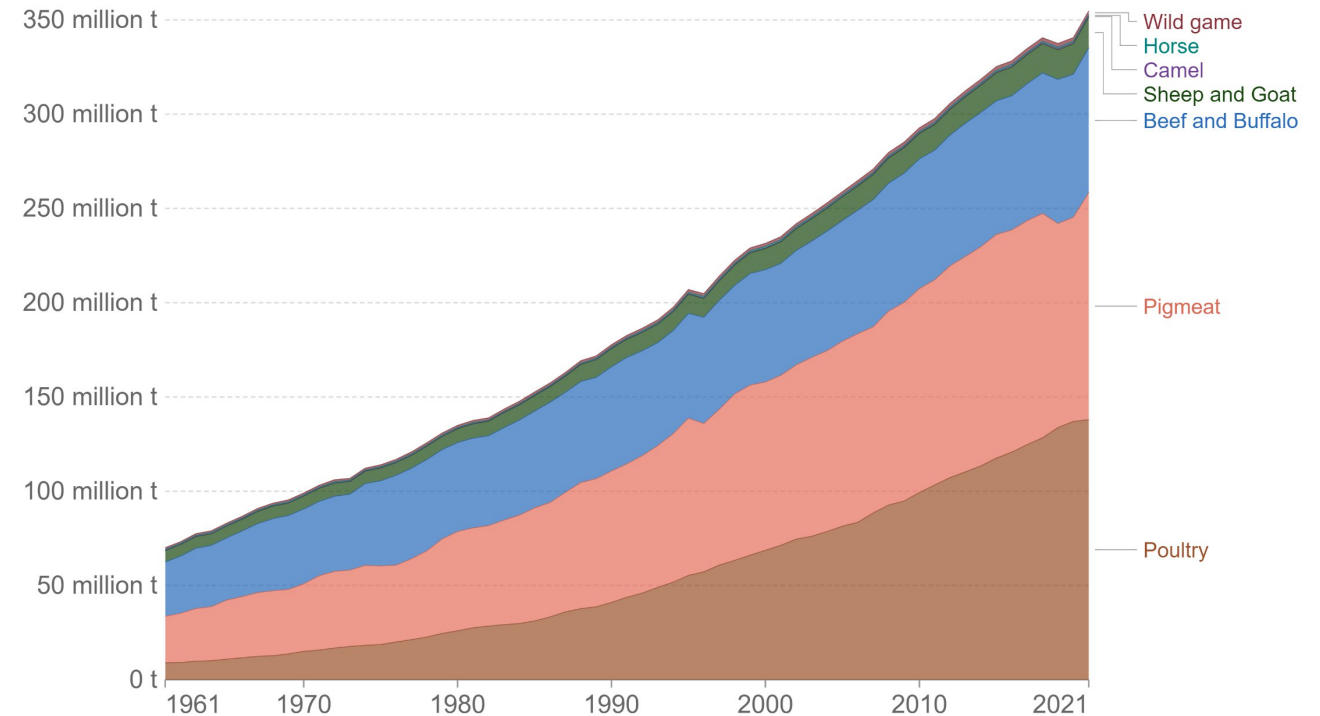
## ➤ Introduction

### Contexte :

- Consommation de porc qui augmente
- Porcs particulièrement sensibles à la chaleur
- Augmentation du nombre de vagues de chaleur

**Comprendre la sensibilité et l'adaptation à la chaleur du porc, pour un élevage plus durable**

Meat production by livestock type, World, 1961 to 2021



Source: Food and Agriculture Organization of the United Nations

OurWorldInData.org/meat-production • CC BY

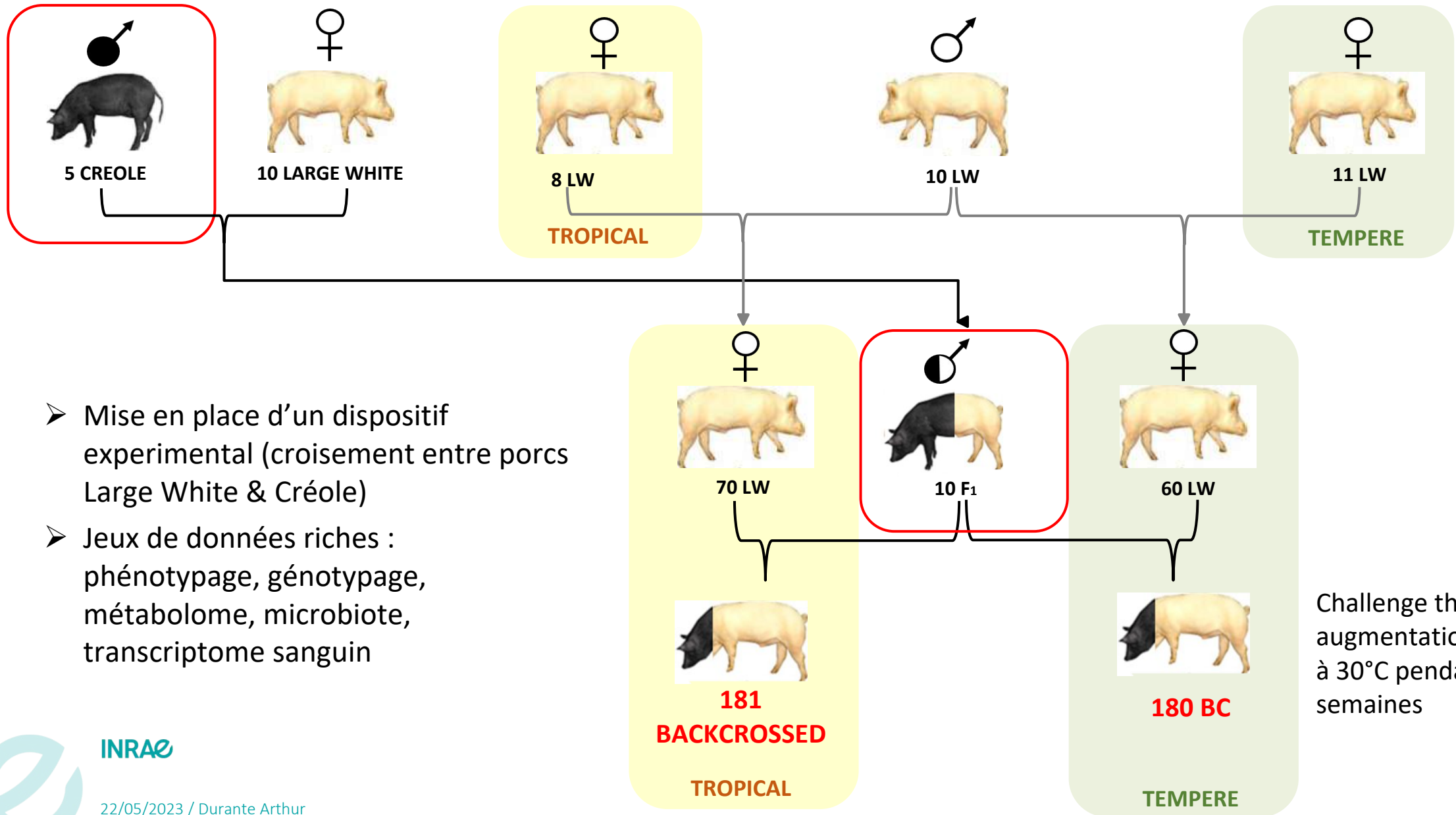
Note: Total meat production includes both commercial and farm slaughter. Data are given in terms of dressed carcass weight, excluding offal and slaughter fats.



INRAE

22/05/2023 / Durante Arthur

## ➤ Présentation du dispositif



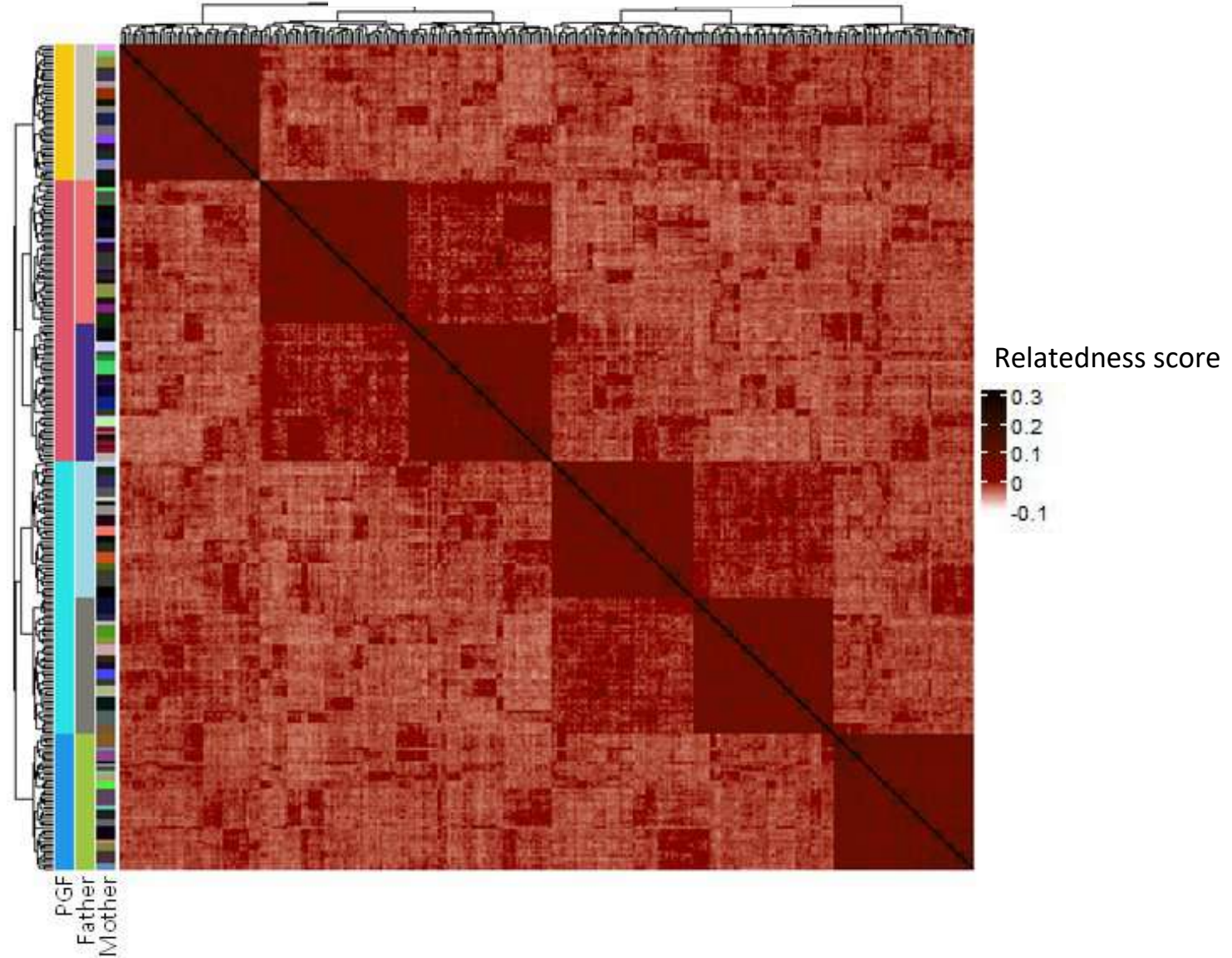
## ➤ Jeux de données à disposition

- Porcs génotypés & dont le transcriptome sanguin a été obtenu : 358
- Disponibilité du transcriptome sanguin à partir de la puce Agilent (SurePrint G3)
  - 47 549 SNP exploitables
  - 32 076 transcrits exploitables (dont 21 927 annotés)

### Grandes étapes d'analyse :

- Le climat a-t-il un effet sur le transcriptome sanguin ?
- Les variations génétiques ont-elles un impact sur le transcriptome sanguin ?

Matrice d'apparentement génomique  
Number of animals : 358

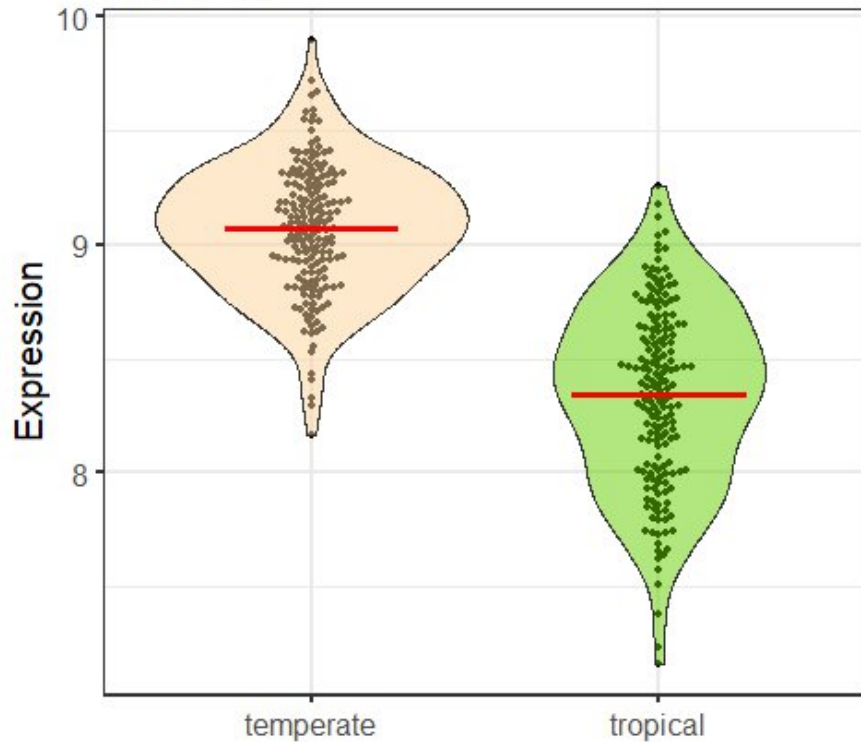


# ➤ Quelles différences transcriptomiques entre un élevage tropical et tempéré ?

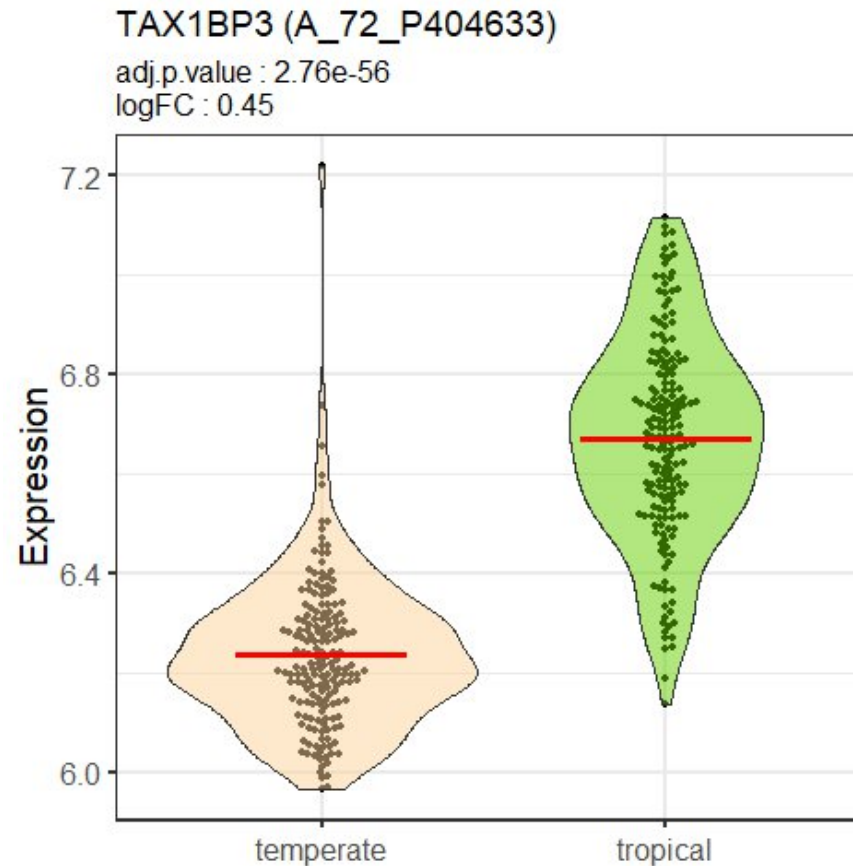
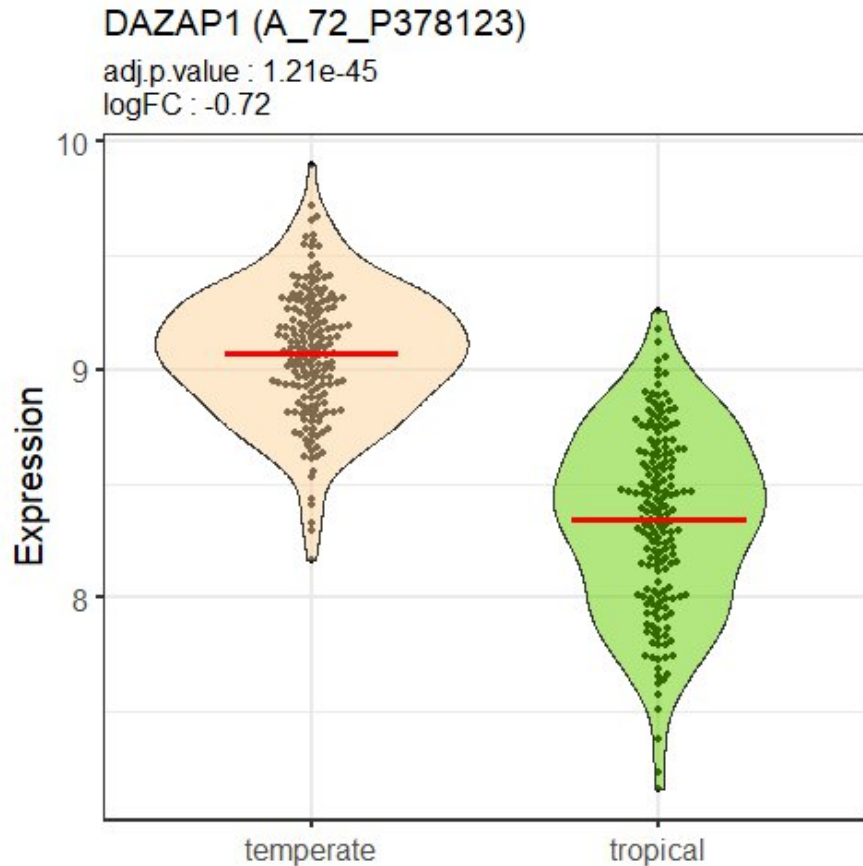
DAZAP1 (A\_72\_P378123)

adj.p.value : 1.21e-45

logFC : -0.72



# ➤ Quelles différences transcriptomiques entre un élevage tropical et tempéré ?

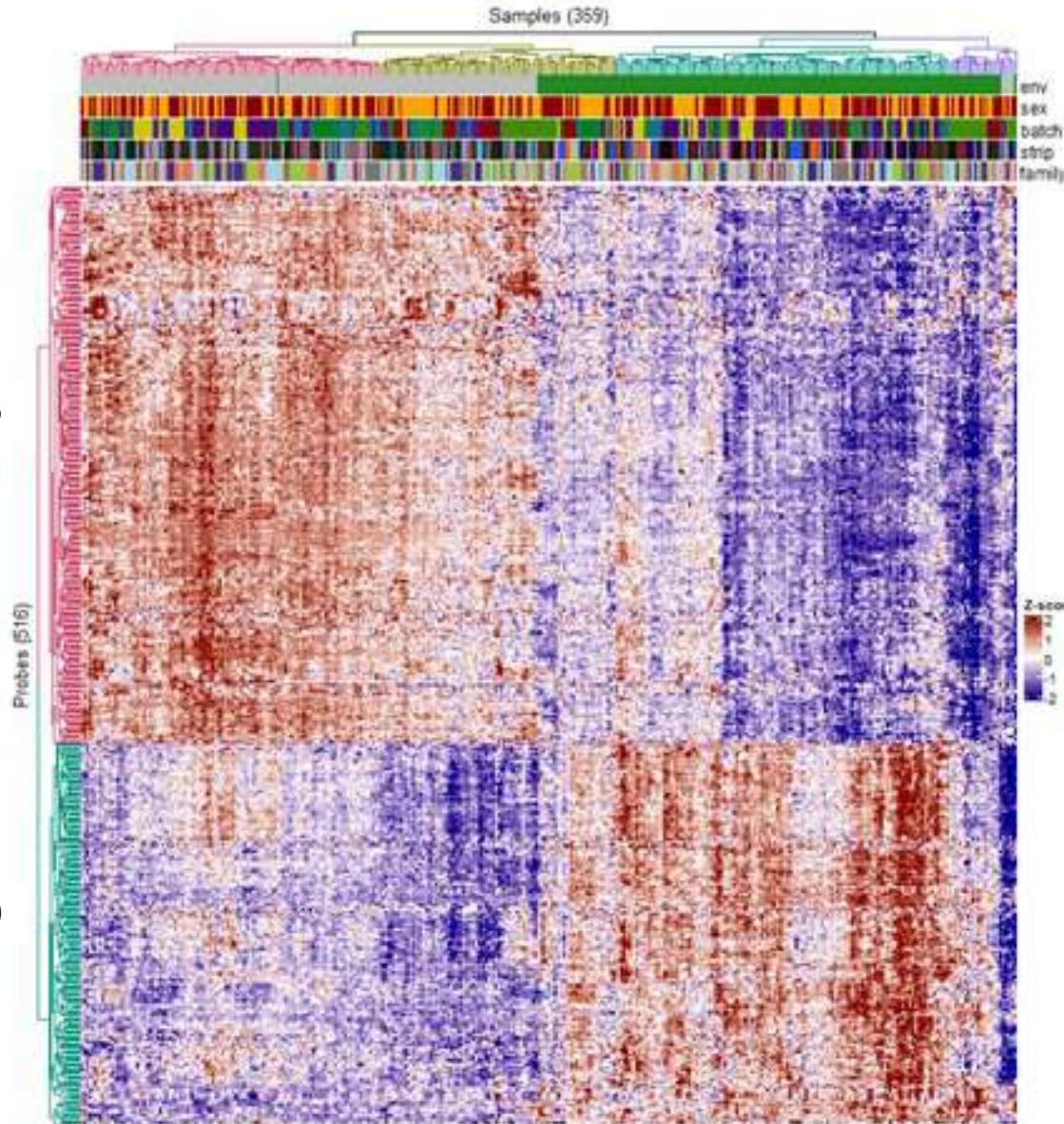


Analyse des Gènes différentiellement exprimés grâce à l'outil Limma

Modèle linéaire de l'expression :

$\text{Expr} \sim \text{elevage} + \text{sexe} + \text{lot}$   
transcriptomique

# ➤ Quel impact d'un stress thermique en élevage tempéré sur le transcriptome sanguin ?

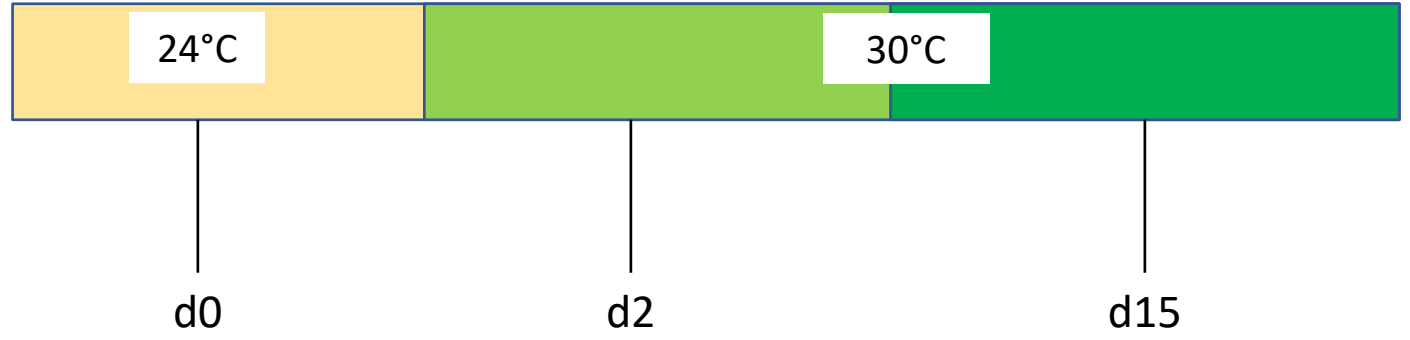
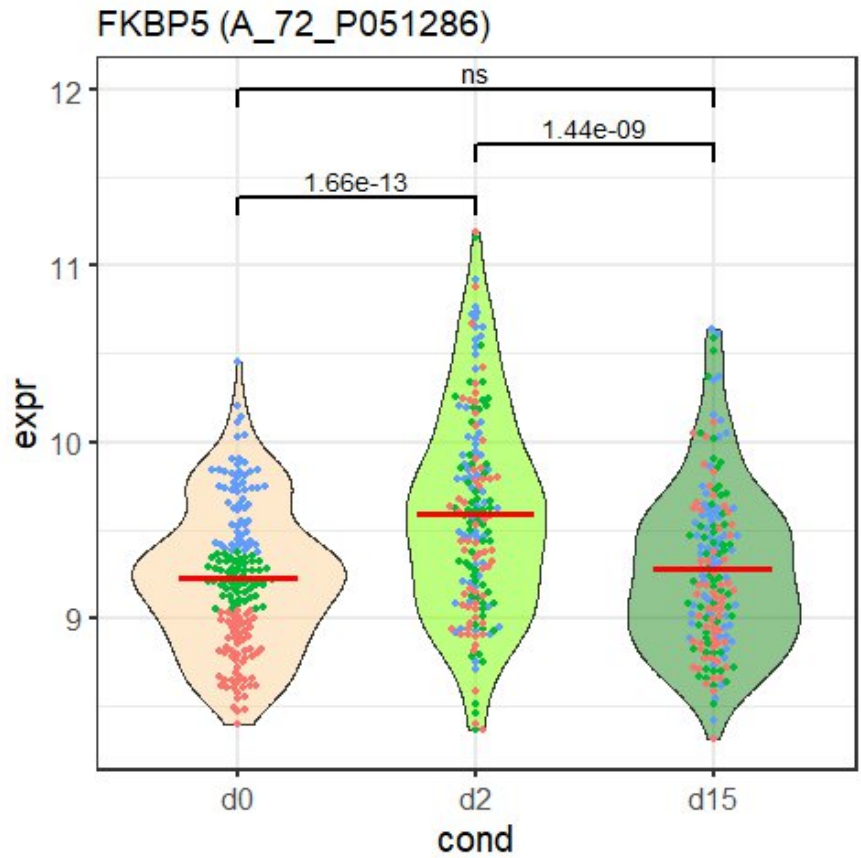


Fort impact de l'élevage (tropical ou tempéré) sur le transcriptome sanguin

## Enrichissements fonctionnels

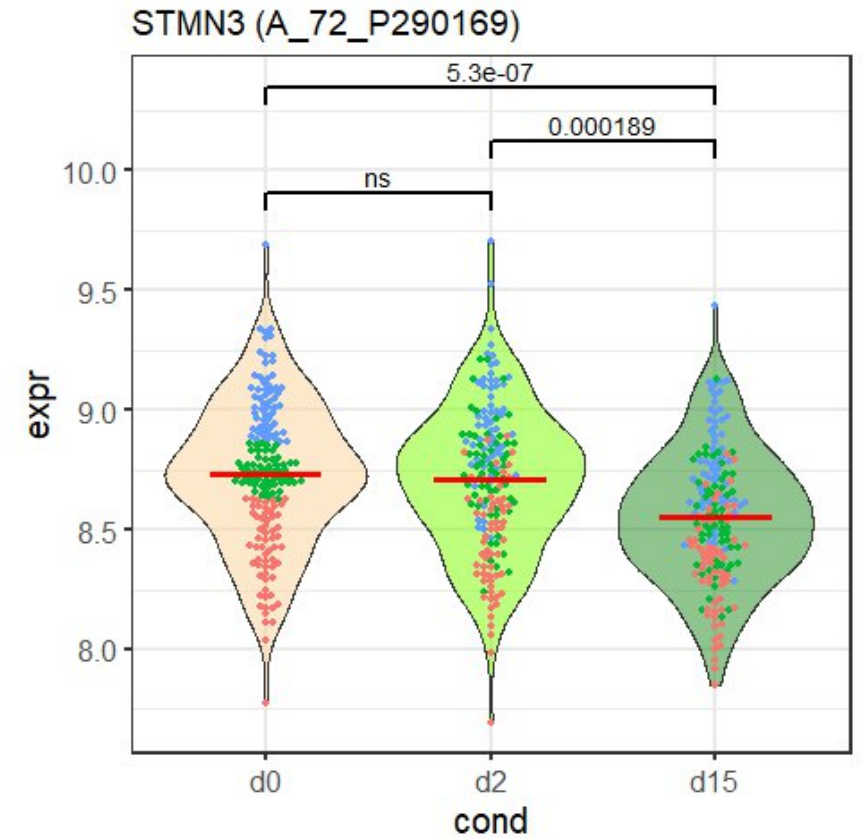
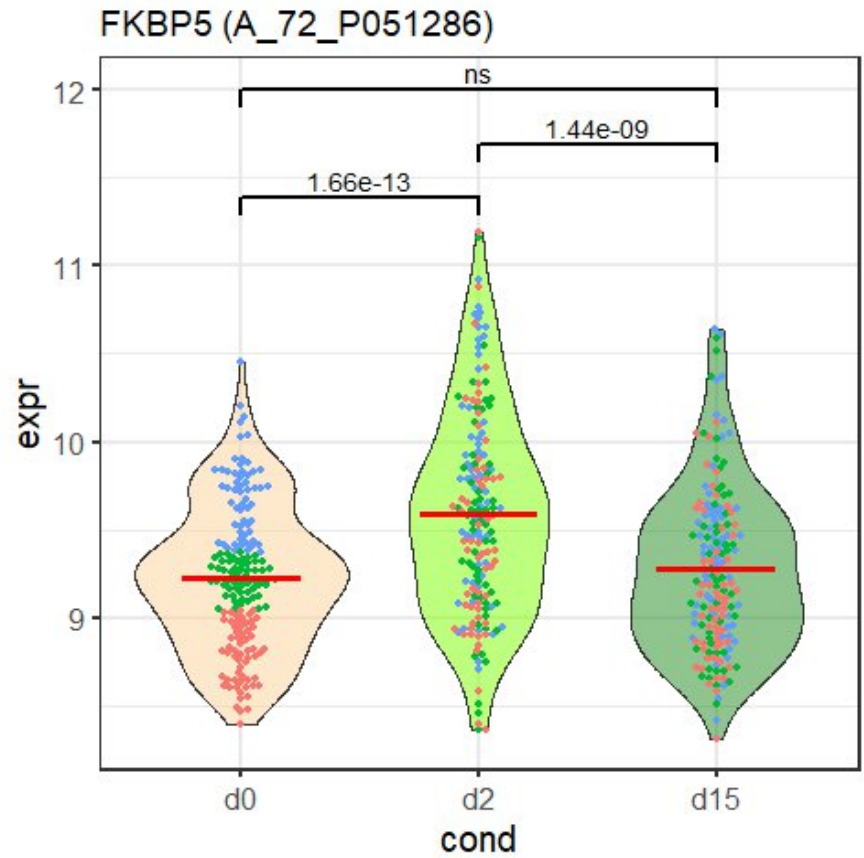
- Différentiellement exprimées :
  - voie de signalisation de la prolactine
  - organelles intercellulaires
- Spécifique de l'élevage tropical :
  - voie de signalisation TGF-beta, Rho GTPase
  - lymphocytes B et T
  - métabolisme
- Spécifique de l'élevage tempéré :
  - synthèse/maturation des ARNm

# ➤ Quel impact d'un stress thermique en élevage tempéré sur le transcriptome sanguin ?



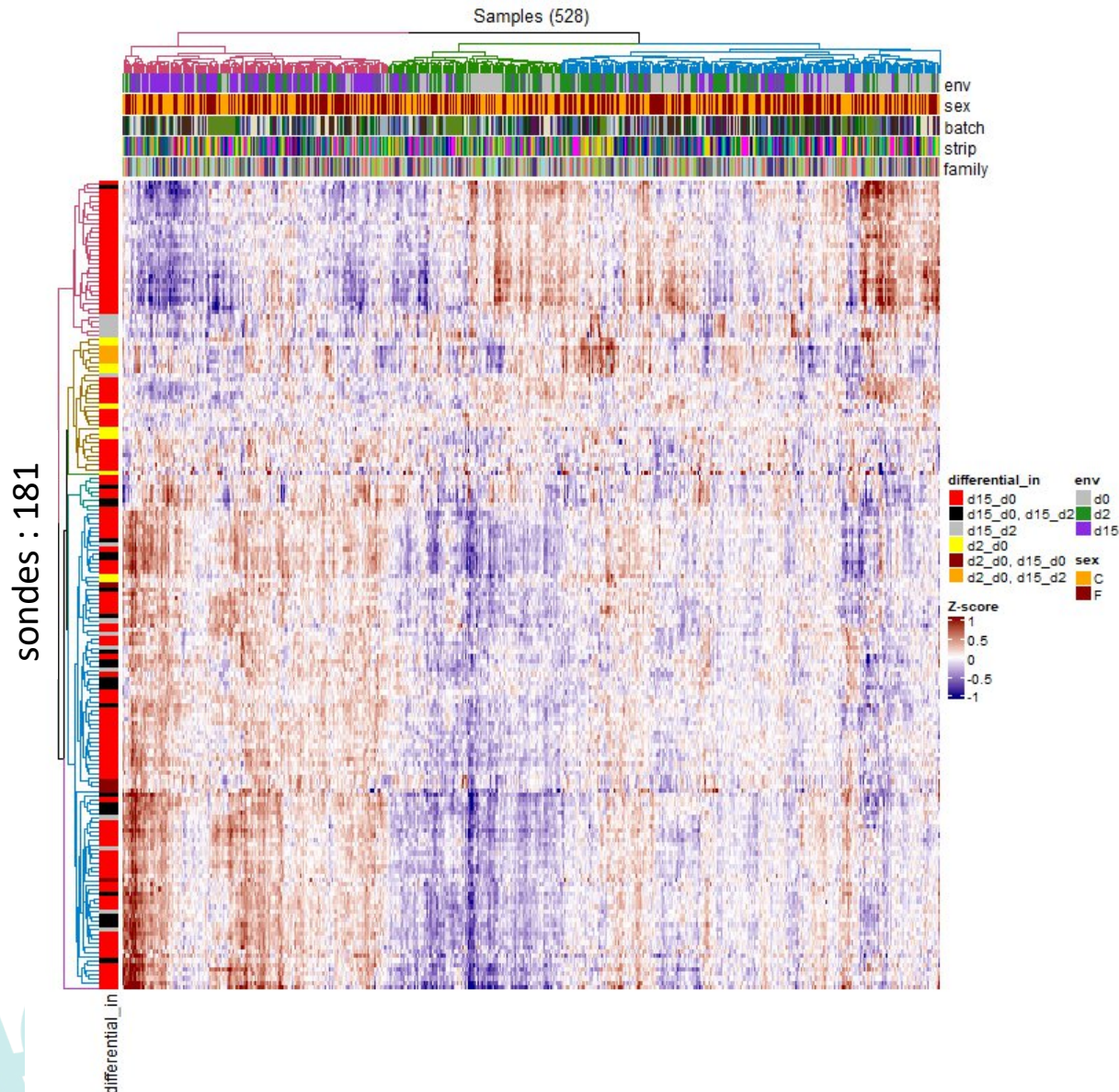


# ➤ Quel impact d'un stress thermique en élevage tempéré sur le transcriptome sanguin ?



Expr ~ condition + sex + animal + lot transcriptomique

# ➤ Quel impact d'un stress thermique en élevage tempéré sur le transcriptome sanguin ?

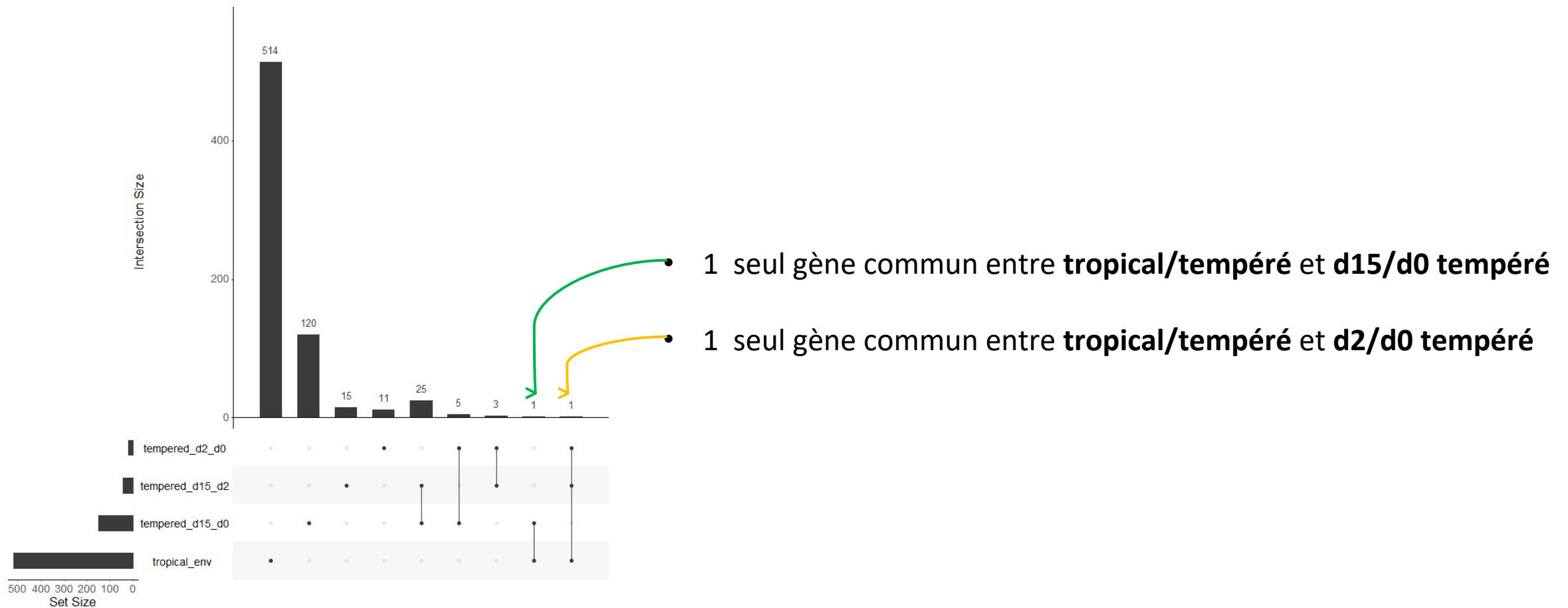


Impact mesurable mais limité sur le transcriptome sanguin, masquée par de fortes variations dans la réponse individuelles

## Enrichissements fonctionnels

- Différentiellement exprimées :
  - voie de signalisation G Alpha
  - micro ARN let-7e

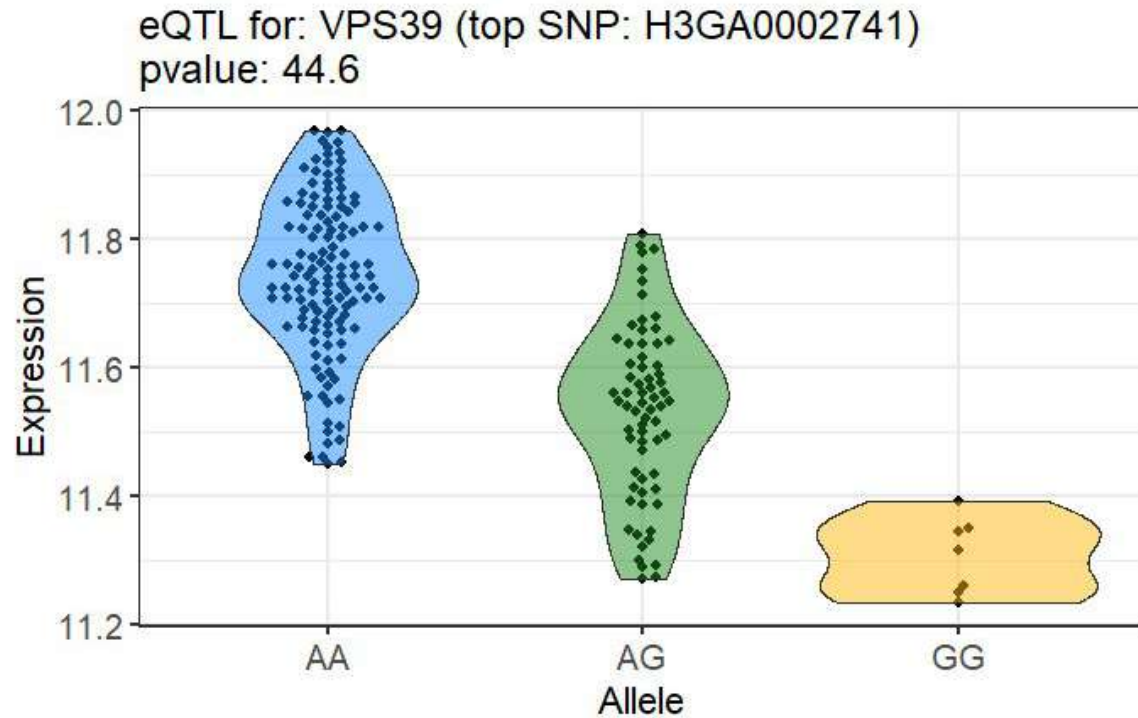
# ➤ Les réponses au stress thermique et à l'acclimatation sont elles les mêmes ?



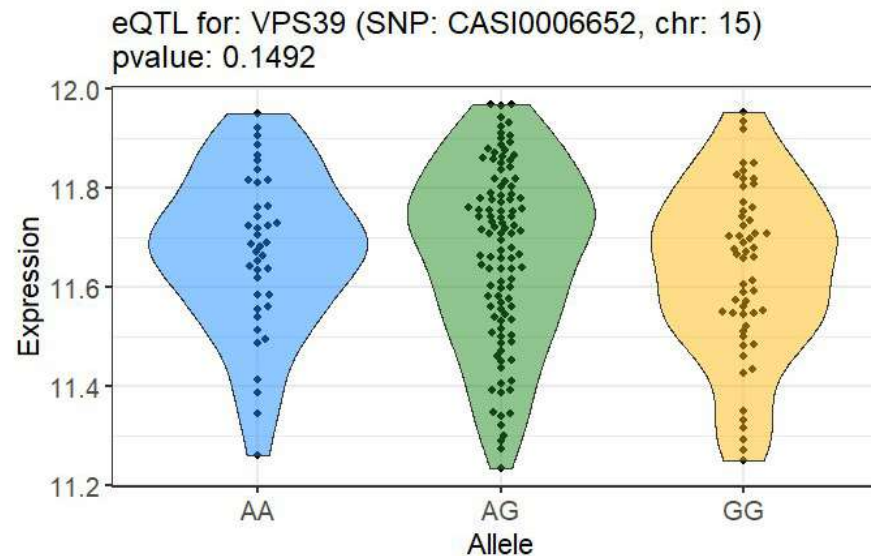
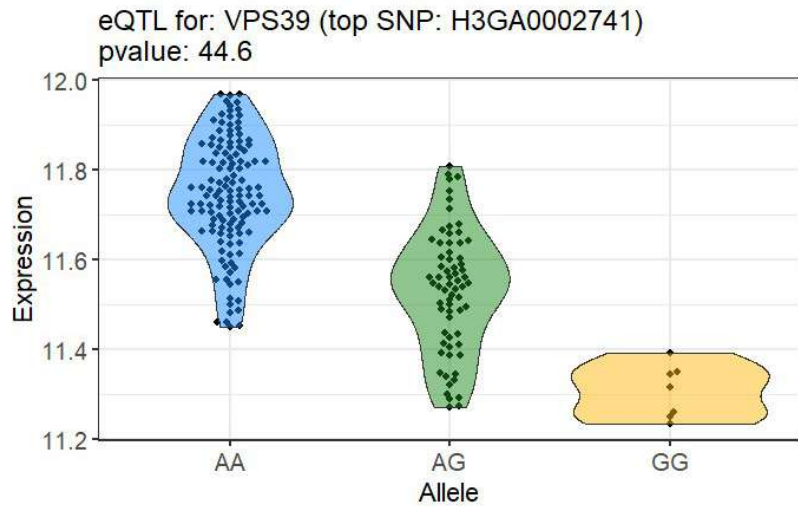
Sondes d'expression différentiellement exprimées selon la condition



# ➤ Quels impacts de la diversité génétique sur le transcriptome sanguin ?



# ➤ Quels impact de la diversité génétique sur le transcriptome sanguin ?



➤ Identification d'eQTL (QTL d'expression) par GWAS

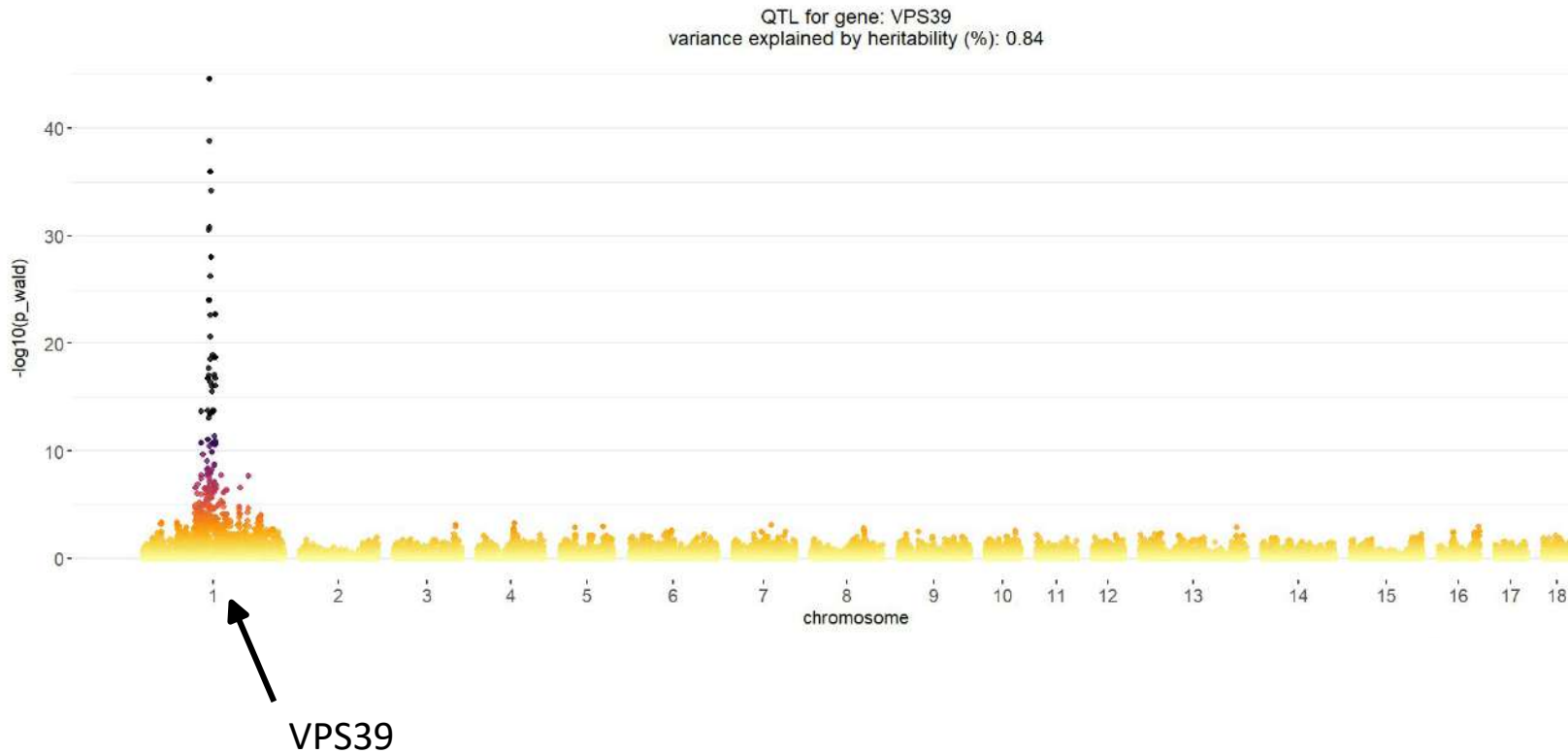
Outil : Gemma

➤ Modèle linéaire mixte de l'expression avec pour variables : la condition, le sexe, la bande et la position sur la puce Agilent

appliqué aux 30k sondes de la puce transcriptomique par rapport aux 40k SNPs génotypés



# ➤ Quels impact de la diversité génétique sur le transcriptome sanguin ?



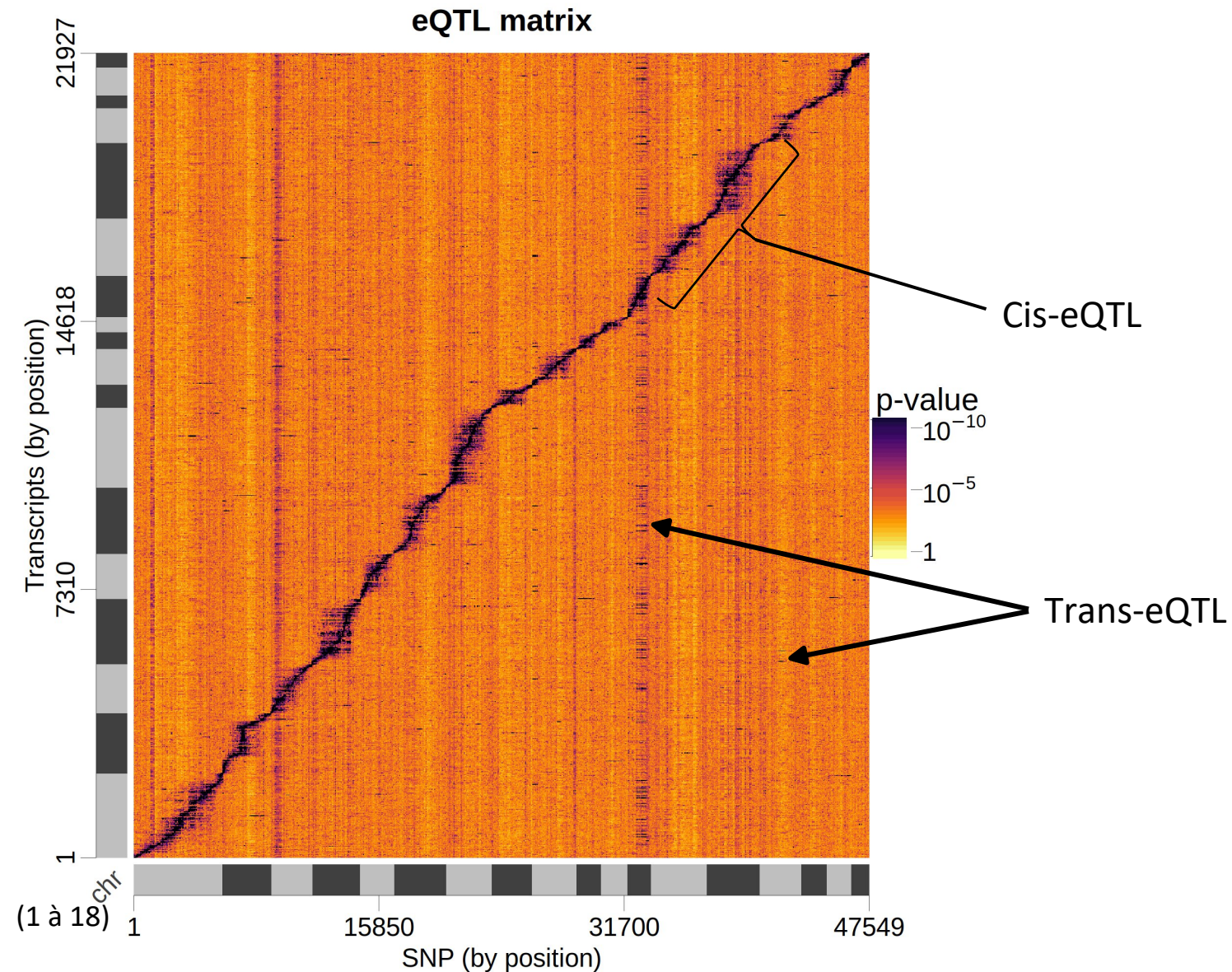
➤ Identification d'eQTL (QTL d'expression) par GWAS

Outil : Gemma

➤ Modèle linéaire mixte de l'expression avec pour variables : la condition, le sexe, la bande et la position sur la puce Agilent

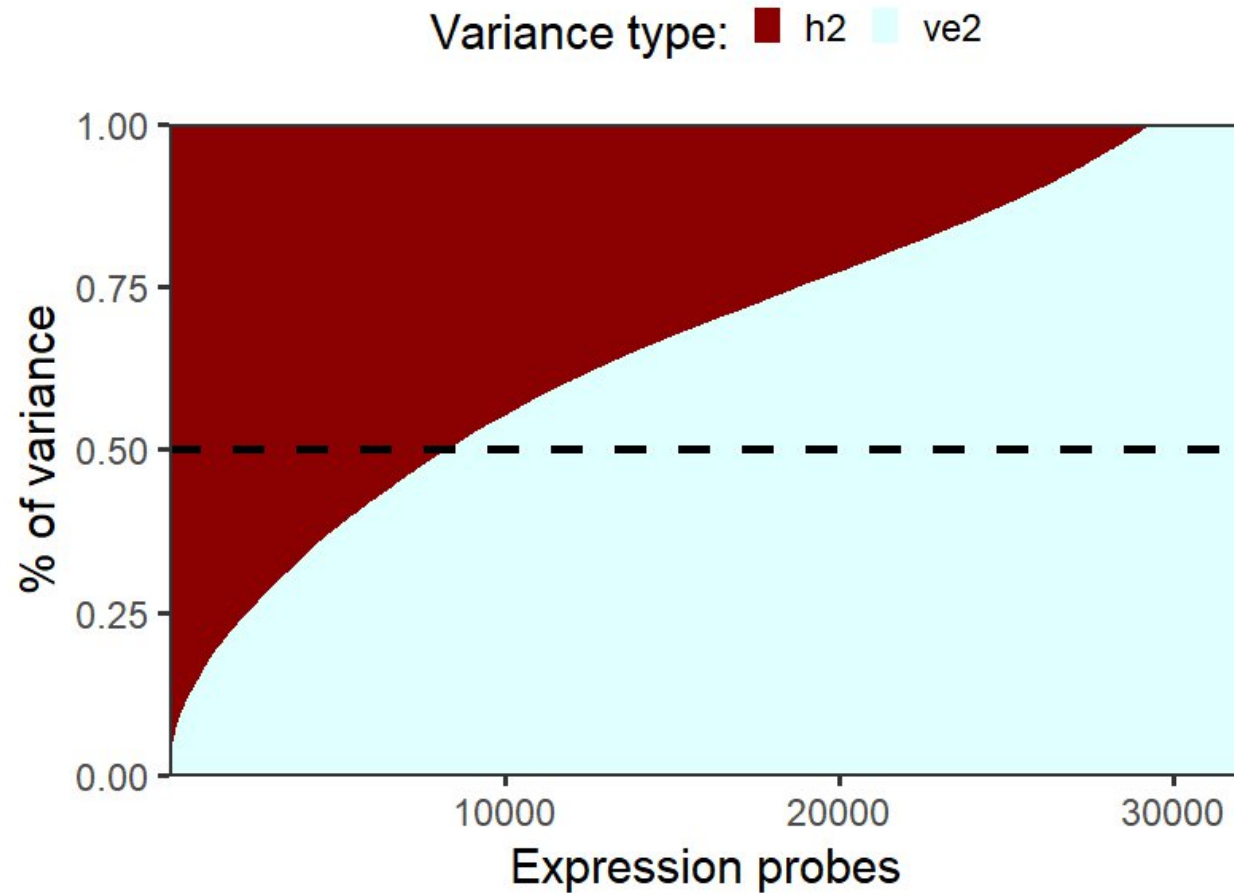
appliqué aux 30k sondes de la puce transcriptomique par rapport aux 40k SNPs génotypés

# ➤ Les eQTL sont-ils proches des gènes qu'ils régulent ?



- Compilation des  $-\log_{10}$  p-values de chaque SNP de chaque sonde (par rapport à leurs positions respectives)

# ➤ Quelle part de la génétique dans la variance de l'expression des gènes ?



- Pour 22% des gènes : variance génétique majoritaire
- Pour 78% des gènes : variance résiduelle majoritaire



## > Conclusion & perspectives

- Différences importantes du transcriptome sanguin entre élevage tempéré et élevage tropical
  - Transcriptome sanguin lors d'un stress thermique en climat tempéré est différent du transcriptome « tropical ». Acclimatation vs stress ?
  - La majorité des eQTL sont a proximité du gène régulé
  - La variabilité génétique au sein du dispositif a une influence majeure sur l'expression de 22% des gènes
- **Perspective immédiate :**
- nombre d'eQTL régulant un même gène, nombre de gènes régulés par chaque eQTL ?
  - regarder plus en détails les trans eQTL : gènes régulateurs, erreurs d'annotations ?
  - QTL de réponse transcriptomique au stress thermique : « regulation QTL »
- **Perspective pour un projet de thèse :**
- colocalisation des eQTL et des QTL de caractères de production / de thermorégulation
  - apport du génotypage par séquençage ?
  - méthylation de l'ADN : impact de l'environnement et QTL de méthylation
- **Perspective de long terme :**
- comprendre et adapter la production porcine aux changements environnementaux



## ➤ Remerciements

- **Guillaume devailly**
- **Yann Labrune**
- **Laurence Liaubet**
- **Noémien Millard, Mathilde Perret, Lea le Berre, Elora Bohuon**
- **Denis Milan**



INRAE

22/05/2023 / Durante Arthur

## ➤ Annexes

