

UR1213 Herbivores

Equipe Alimentation Génomique Lactation (AGL)

Nutrigénomique des femelles laitières

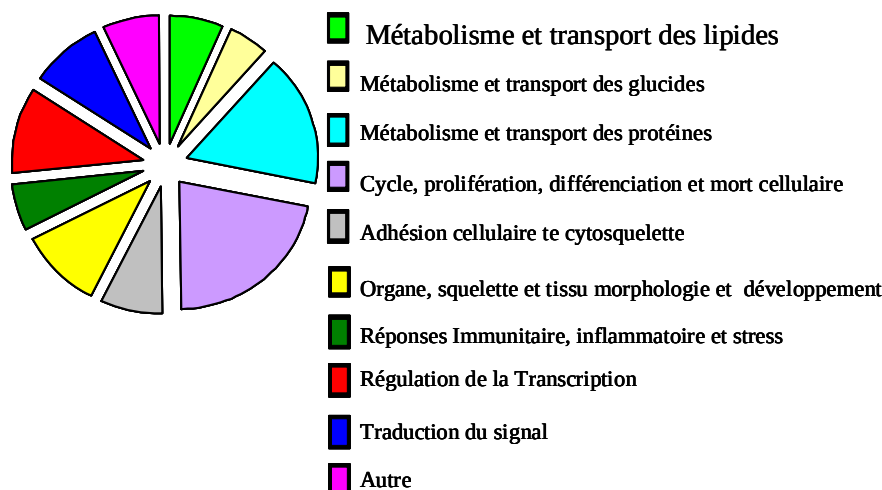


Figure : Importance relative des différents processus biologiques modifiés dans les tissus adipeux périrénal et omental de chèvres laitières ayant subi un jeûne de 48h.

L'efficacité productive de femelles laitières dépend entre autres de la mobilisation des tissus adipeux lorsque l'animal est en bilan énergétique négatif (en début de lactation ou lors de restriction alimentaire). Lors d'un jeûne, les gènes impliqués dans le métabolisme lipidique sont sous-exprimés alors que d'autres, impliqués dans les processus inflammatoire, sont surexprimés.

Chez les femelles laitières, l'efficacité productive dépend notamment de la mobilisation des tissus adipeux lorsque l'animal est en bilan énergétique négatif (en début de lactation ou lors de restriction alimentaire). Le métabolisme du tissu adipeux implique un grand nombre de gènes dont la régulation nutritionnelle reste peu documentée chez le ruminant. Aussi une première étude globale de l'expression génique des tissus adipeux a-t-elle été réalisée chez des chèvres en lactation placées dans des conditions nutritionnelles extrêmes.

Nous avons comparé le transcriptome adipocytaire de chèvres nourries *ad-liditum* (n=5) avec celui de chèvres non-alimentées pendant 48h (n=5) en utilisant une « puce » à ADN bovine sur laquelle 8 379 gènes sont représentés. Cette comparaison a permis d'identifier 456 et 199 gènes, respectivement dans les tissus adipeux périrénal et omental, différemment exprimés entre les 2 conditions, dont 97 communs. La répartition de l'ensemble de ces gènes selon le processus biologique dans lequel ils sont impliqués est similaire dans les 2 sites (Fig.1). Concernant le métabolisme des lipides, nous avons observé une diminution de l'expression de gènes impliqués dans la synthèse d'acides gras (ex : ACACA) et des triglycérides (ex : GPAM), la désaturation (ex : SCD), l'élongation ou l'activation des acides gras (ex : ELOVL5, ACSL1, ACSS2) ou le prélèvement des lipides (ex : LPL) (Fig.2). A l'inverse, une augmentation de l'expression de gènes spécifiant certains facteurs de leur transcription (ex : SREBP1 et 2) est observée dans le tissu adipeux omental. De plus, cette étude a permis de mettre en évidence une augmentation de l'expression de gènes impliqués dans le processus inflammatoire (ex : HIF1A, B2M, SPP1,...).

Ces études, complémentaires de celles réalisées au niveau mammaire, seront appliquées aux caprins puis aux bovins ayant reçu différents régimes alimentaires. De même, les effets sur les activités enzymatiques et les paramètres sanguins seront parallèlement analysés. L'ensemble de ces études permettra de progresser dans la connaissance des mécanismes de régulation de la fonction adipocytaire dans son rôle d'adaptation des ruminants laitiers lors de bilan énergétique négatif.

Partenaires (scientifique et/ou professionnel) : Plateforme d'Exploration du Métabolisme, Inra, Theix

Référence : Faulconnier Y, Chilliard Y, Torbati MB, Leroux C. 2011. Comp Biochem Physiol Part D Genomics Proteomics, 6, 139-49.

Faulconnier Y., Domagalski J., Montazer Torbati M. B., Bany D., Chilliard Y., Leroux C., 2009. 3èmes Journées d'Animation Scientifique du Département Phase, Tours, p.145.

Faulconnier Y., Domagalski J., Montazer Torbati M. B., Gaudron Y., Bany D., Chilliard Y., Leroux C., 2009. in Ruminant physiology. Digestion, metabolism, and effects of nutrition on reproduction and welfare. Proceedings XIth ISRP, Clermont-Ferrand, France. September 6-9 2009, p502-3.

Contact : Faulconnier Yannick yannick.faulconnier@clermont.inra.fr et Christine Leroux christine.leroux@clermont.inra.fr, UR1213 Herbivores, F-63122 Saint-Genès-Champanelle, France.