

Nutrigénétique et nutriginomique : définitions et exemples chez les oiseaux

Michel DUCLOS, INRA UR83 Recherches Avicoles, 37380 Nouzilly

L'étude des interactions entre génétique et nutrition est une préoccupation ancienne, qui a pris un nouvel essor avec le développement des approches de génomique à haut débit. Celles-ci permettent d'avoir une approche globale de la variabilité de séquence (génomique structurale) ou d'activité (génomique fonctionnelle) des gènes. La nutriginomique étudie l'impact de la nutrition sur l'activité des gènes et ses conséquences sur l'expression des phénotypes. Cet impact peut s'exprimer au travers des nutriments ou de leurs dérivés, y compris les métabolites issus du microbiote digestif. La nutrigénétique étudie les déterminants génétiques (polymorphismes de séquence de certains gènes) de la variabilité des réponses individuelles à la nutrition. Les recherches dans ces domaines sont encore émergentes pour les animaux d'élevage. Quelques illustrations de travaux passés, en cours, ou prévus chez les volailles seront présentées, ainsi que les perspectives qui en découlent.

L'étude du transcriptome (l'ensemble des gènes exprimés à un moment donné) permet d'identifier des gènes sensibles à des régulations nutritionnelles. Par exemple, en comparant l'expression des ARN messagers hépatiques chez des poulets à jeun et des poulets nourris, on observe que certains gènes sont activés lors du jeûne, parmi lesquels ceux impliqués dans la production d'énergie à partir des lipides, alors que d'autres sont réprimés, notamment ceux impliqués dans la synthèse des acides gras (Desert et al, 2008).

La recherche de loci à effet quantitatif (QTL) est une démarche qui permet l'identification de gènes candidats positionnels impliqués dans le contrôle des caractères d'intérêt agronomique. Une telle approche a été conduite pour identifier les déterminants génétiques de la croissance et la qualité de la viande. Elle a permis d'identifier un polymorphisme dans le gène codant pour l'enzyme β -carotène 15,15'-monooxygénase 1 (BCMO1) contrôlant la coloration jaune de la viande et sa teneur en pigments xanthophylles au travers de l'activité expressionnelle de ce gène dans le muscle du filet (AA>GG) et dans le duodénum (AA<GG). Les animaux sélectionnés sur leur allèle au locus BCMO-1 réagissent de manière différente à l'apport nutritionnel en β -carotène (Jlali et al, 2014). Un régime supplémenté en β -carotène réduit les concentrations plasmatiques, hépatiques et duodénales en lutéine chez les animaux GG alors qu'il n'a pas d'effet sur ce paramètre chez les AA.

Un travail est actuellement en cours pour identifier les déterminants génétiques de l'aptitude à la digestion. Grâce au développement et à la caractérisation d'une population issue de croisement entre deux lignées expérimentales de poulets bons ou mauvais digesteurs, des régions chromosomiques contrôlant ce caractère ont été identifiées (Tran et al, 2014). L'identification de polymorphismes de gènes candidats positionnels et la recherche de gènes candidats fonctionnels sont engagées. Cette dernière se fera en étudiant le transcriptome de différents segments du tube digestif prélevés sur des animaux extrêmes repérés dans la population croisée (programme de recherche soutenu par le GIS AGENAVI). La méthodologie retenue est basée sur une approche de séquençage systématique des ARN pour identifier des gènes candidats dont la régulation nutritionnelle sera ensuite étudiée.

A terme, les outils de la nutrigénétique pourraient permettre de prédire le potentiel d'adaptation des génotypes à des aliments variés. La nutriginomique, en permettant une meilleure compréhension des mécanismes par lesquels la nutrition agit sur l'activité des gènes, devrait permettre de proposer de nouvelles stratégies nutritionnelles pour orienter les phénotypes.