

Identification des fonctions biologiques, spécifiques d'un tissu ou partagées entre tissus, associées aux différences d'efficacité alimentaire chez le porc en croissance

Florence GONDRET (1), Annie VINCENT (1), Magalie HOUÉE-BIGOT (2), Anne SIEGEL (3), Sandrine LAGARRIGUE (1),
David CAUSEUR (2), Hélène GILBERT (4), Isabelle LOUVEAU (1)

(1) PEGASE, Agrocampus-Ouest, INRA, 35590 Saint-Gilles, France

(2) Laboratoire de Mathématiques Appliquées, Agrocampus-Ouest, Université Rennes-1, 35000 Rennes, France

(3) IRISA, INRIA, CNRS, 35042 Rennes, France

(4) GenPhySE, INRA, INPT, ENVT, Université de Toulouse, 31326 Castanet-Tolosan cedex, France

Florence.gondret@inra.fr

Identification des fonctions biologiques, spécifiques d'un tissu ou partagées entre tissus, et associées aux différences d'efficacité alimentaire chez le porc en croissance

Cette étude vise à décrire les réponses moléculaires communes entre tissus ou spécifiques d'un tissu chez des porcs en croissance sélectionnés de manière divergente sur la consommation moyenne journalière résiduelle (CMJR), une mesure de l'efficacité alimentaire. Des données transcriptomiques ont été acquises dans le muscle long dorsal, le foie et deux tissus adipeux, et analysés pour l'effet de la lignée (n = 24 porcs par lignée). La divergence de CMJR affecte principalement le profil moléculaire du muscle, alors que le tissu adipeux sous-cutané est peu affecté. Des analyses de bio-informatique et de statistiques multidimensionnelles ont été mises en œuvre afin de déterminer les processus biologiques communs aux quatre tissus et les principaux gènes participant à la différence interindividuelle de CMJR. Les fonctions immunitaires, la réponse au stress oxydant et le métabolisme protéique sont les voies communes aux quatre tissus qui distinguent les porcs en fonction de la CMJR. De nombreux gènes immunitaires sont activés chez les porcs à CMJR élevée (les moins efficaces). Les gènes associés aux métabolismes du glucose et des lipides sont également affectés par la sélection mais d'une manière spécifique à chaque tissu. Ainsi, les gènes impliqués dans le métabolisme du glycogène sont activés dans le muscle des porcs à faible CMJR (les plus efficaces). Les gènes en lien avec l'oxydation des acides gras sont réprimés dans le muscle mais activés dans les deux tissus adipeux de ces mêmes porcs. Le métabolisme du cholestérol dans le foie et la panne semble également affecté par la sélection sur la CMJR. En conclusion, les fonctions non productives comme l'immunité et la défense contre le stress oxydant participeraient donc aux variations d'efficacité alimentaire.

Identification of biological functions specific to or shared by different tissues, associated with feed efficiency in growing pigs

This study aims to describe shared or specific molecular responses of different tissues in two lines of growing pigs divergently selected for residual feed intake (RFI), a measure of feed efficiency. Transcriptomics data were acquired in the longissimus muscle, liver and adipose tissues of two different anatomical locations, and analysed for the RFI line effect (n = 24 pigs per line). The most apparent effect of RFI divergence was seen in muscle, whereas subcutaneous adipose tissue was hardly affected. Molecular data were then analysed by bioinformatics and multidimensional statistics to unravel common biological processes across tissues and identify key genes participating in RFI difference. Immune response, response to oxidative stress and protein metabolism were the main biological routes across the four tissues that distinguished low and high RFI pigs. Many immune genes were over-expressed in tissues of high RFI pigs (less efficient). Different genes involved in energy use were also modulated by RFI difference but in a tissue-specific manner. The gene expression program related to glycogen utilization was specifically up-regulated in muscle of low RFI pigs (more efficient). Genes involved in fatty acid oxidation were rather down-regulated in the muscle of low RFI pigs, but were promoted in adipose tissues of the same pigs when compared with high RFI pigs. The cholesterol metabolism in liver and perirenal adipose tissue might also be affected by RFI difference. We conclude that non-productive functions such as immunity and defence against oxidative stress are involved in variations of feed efficiency.