

Génomique expressionnelle et fonctionnelle de la spermatogenèse chez la truite. Etude comparée inter-espèces des profils d'expression génique au cours de la spermatogenèse et analyse fonctionnelle dans des lignées de poissons géniques

(SPERMGEN)

Responsable Scientifique du Projet : Mme Florence LE GAC
Florence.legac@rennes.inra.fr

Unité 1047 SCRIBE
INRA de Rennes
Campus de Beaulieu , 35048 Rennes cedex

Mots clés : Transcription des genes, bioinformatique, génomique comparative, spermatogenèse, poisson.

Résumé

Notre projet a pour objectif à long terme d'identifier les réseaux transcriptionnels régulant un processus de développement fondamental pour la reproduction des espèces : la gamétogenèse ; ceci chez un poisson d'intérêt aquacole - la truite – chez laquelle nous avons contribué à créer les connaissances physiologiques et les outils moléculaires rendant possible le développement de ce type d'approche. Bien que le projet décrit ici se concentre sur les aspects fondamentaux, il a un fort potentiel pour de futures applications technologiques et sociétales. En effet, la maîtrise des fécondités et le contrôle de l'âge de la maturation sexuelle chez les poissons d'intérêt aquacole constituent des enjeux importants pour la compétitivité des filières agro-industrielles. Par ailleurs, du point de vue de la protection de l'environnement, il apparaît important de disposer de techniques pour prévenir toute reproduction d'espèces aquacoles allochtones ou génétiquement sélectionnées. Les objectifs spécifiques immédiats concernent l'analyse des profils d'expression génique aux étapes clé de la spermatogenèse à l'aide de puces à ADN. L'exploitation des microarrays génériques « truite », produites par le CRB Gadie avec l'équipe demandeuse Reproduction des Poissons et SIGENAE, doit permettre la description à grande échelle des gènes potentiellement impliqués dans le développement spermatogénétique chez la truite.

La communauté scientifique a relativement peu de recul concernant l'exploitation de telles données chez un poisson éloigné phylogénétiquement des espèces modèles traditionnelles et dont on ne connaît pas le génome. Pour réaliser ce programme nous mettons en synergie les analyses morpho-physiologiques des gonades et l'étude à grande échelle du transcriptome testiculaire chez la truite, développées dans le laboratoire INRA, les savoir faire et outils d'annotation de gènes et d'exploitation des données du transcriptome développées par des équipes hautement compétentes de Ouest Génomique-INSERM Nantes et du Biozentrum de Bâles. Nous explorons les complémentarités d'autres espèces modèles pour l'étude du transcriptome de la spermatogenèse (exploitation des données du Gerhm-INSERM Rennes sur homme, rat, souris), pour les recherches *in silico* (génomiques de tétraodon, fugu, zébrafish) ou pour l'étude de la fonction des gènes (médaka et zébrafish; plateforme transgène Gif sur Yvette).

Les études de transcriptomique comparée avec d'autres modèles (notamment méiose levure et spermatogenèse mammifère), l'étude de la *régulation des gènes* d'intérêt par des approches *in silico* (recherche d'éléments de régulation) et expérimentales (influence de traitements hormonaux) et *l'analyse fonctionnelle* des meilleurs candidats permettra de repérer des gènes fondamentalement impliqués dans l'initiation de la spermatogenèse ou dans la méiose, et dans la régulation de ces étapes clés chez les poissons. Ces objectifs nécessitent des bioanalyses et des développements bioinformatiques adaptés à l'exploitation des données du transcriptome chez une espèce originale (annotation fine des gènes, génomique *in silico*, transcriptomique comparative entre espèces) et méthodologiques (des données de puces, analyse fonctionnelle des gènes) qui seront d'utilité pour l'ensemble des programmes actuels ou à venir en génomique des poissons, voire pour les autres modèles agronomiques.



INRA

Programme dont la gestion et l'animation sont confiées à l'INRA

Partenaires du projet

Equipe 1 (Equipe du Responsable Scientifique du projet) : INRA, U1037, Station Commune de Recherche en Ichtyophysiologie, Biodiversité et Environnement (SCRIBE), Rennes
Responsable scientifique : Le Gac Florence

Equipe 2 :
INSERM, U533, Institut du Thorax , Nantes
Responsable scientifique : Houlgatte Rémi

Equipe 3 :
INSERM, U625, Groupe d'étude de la reproduction chez l'homme et les mammifères (GERHM),
Rennes
Responsable scientifique : Jégou Bernard

Equipe 4 :
UPR 2197 DEPSN, CNRS, Gif-sur-Yvette
Responsable scientifique : Joly Jean Stéphane

Equipe 5 :
Biozentrum and Swiss Institute of Bioinformatics, Basel, Switzerland
Responsable scientifique : Primig Michael



INRA

Programme dont la gestion et l'animation sont confiées à l'INRA