

# Study of the gene expression patterns in Eurasian perch (*Perca fluviatilis* Linnaeus, 1758) eggs related to their quality and to the domestication process

*Etude du pattern d'expression des gènes dans les ovocytes de la perche eurasiennne (Perca fluviatilis Linnaeus, 1758) en fonction de leur qualité et du processus de domestication*

## Abstract

In the aquaculture context, increase on production are expected for the next years and yet, many reproductive issues are reported, including high mortality during early life stages. It concerns mostly species for which the domestication process is at the very beginning. My PhD work aimed at better understanding and potentially helping improving reproductive performance by investigating eggs the transcriptomic content of the Eurasian perch (*Perca fluviatilis*) eggs in association with their quality which may constitute one of the sources for embryonic mortality. Eurasian perch is a species, in process of domestication, with strong importance for aquaculture diversification in inland Europe.

We employed microarray and RT-qPCR analyses to characterize gene expression patterns of Eurasian perch eggs presenting different potential to develop properly after fertilization. The experiments were conducted in two scientific contexts. In the first one, different methods to access egg quality were employed and their potential impacts on the transcriptomic results were evaluated. Therefore, when eggs were classified into the respective quality groups (high or low) using early embryonic survival as criteria, we were always able to identify distinct patterns of gene expression between quality groups. However, the number and nature of the differentially expressed genes (DEG) were variable and only one gene was commonly differentially expressed no matter the methods employed. This shows how transcriptomic results are sensitive to methods and should be deeply considered for intra- and inter-species comparisons. The second context consisted of investigating whether females presenting different histories of domestication would differ in their eggs mRNA content, and how it affects egg quality. In this study, females closest to wild populations presented better egg quality. In addition, two distinct patterns of gene expression were observed and more than 300 DEG were identified between populations. Because not much is known about the causes of high variability in reproductive performance in species in process of domestication, this finds could open new hypothesis of investigation. Finally, it became important to determine the moment until which the gene identified in the previous approaches were exclusively supporting embryonic early development. With this purpose, a preliminary study allowed making a first evaluation of the zygotic genome activation (ZGA) in this species.

As a whole, this study identified numerous maternal-effect genes which implication in embryos early development should be further investigated. In addition, these results suggest that more comparable methods to investigate egg quality in Eurasian perch could be established. These methods will make possible more precise studies in the variation of the development success under the influence of distinct factors, such the domestication process. Similar methods could also be established in other species considering their own common or divergent characters. It would help understanding molecular mechanisms species specific or widely found in finfish species.

**Keywords:** *microarray, egg content, gene ontology, mRNA, fish populations, reproductive cycle, oogenesis*

## Résumé

Avec le déclin grandissant des prises de pêches, une augmentation de la production piscicole est attendue pour les prochaines années. Cependant, de nombreux problèmes de reproduction sont observés dans les élevages, principalement une mortalité élevée au début de la vie. Cela concerne principalement des espèces piscicoles pour lesquelles le processus de domestication commence. Mon travail de thèse a visé à mieux comprendre et potentiellement aider à améliorer les performances de reproduction en étudiant le contenu transcriptomique des œufs de perche commune (*Perca fluviatilis*) en lien avec leur qualité. Ces résultats participent à la compréhension des mécanismes moléculaires impliqués dans la mortalité embryonnaire précoce. Cette espèce, en cours de domestication, revêt une grande importance dans le contexte de la diversification des espèces d'intérêt aquacole en Europe continentale.

J'ai utilisé des analyses par puce à ADN et RT-qPCR pour caractériser les profils d'expression génique dans les œufs de perche de qualité variables. Les expériences ont été menées dans deux contextes scientifiques. Dans un premier temps, j'ai comparé l'effet des méthodes d'évaluation de la qualité des œufs sur les résultats transcriptomiques obtenus. Ainsi, les œufs ont été classés dans des groupes de qualité (bonne ou mauvaise) en utilisant divers critères liés au développement embryonnaire (taux de survie, taux de malformation) et divers seuils limites pour borner ces groupes. L'utilisation de critères de survie embryonnaire précoces a permis d'identifier des profils d'expression génique distincts entre les groupes de qualité. Cependant, le nombre et la nature des gènes exprimés de manière différentielle (DEG) étaient variables. Un seul gène était exprimé de manière différentielle dans toutes les analyses, quelles que soient les conditions. Cela montre à quel point les résultats transcriptomiques sont sensibles aux méthodes d'évaluation qui doivent être sérieusement pris en compte en amont de comparaisons intra et inter-espèces. Dans un deuxième temps, j'ai comparé le contenu transcriptomique d'œufs de femelles avec des histoires de domestication différentes. Dans cette étude, les femelles les plus proches des populations sauvages présentaient une meilleure qualité d'œufs. En outre, deux modèles distincts d'expression génique ont été observés et plus de 300 DEG ont été identifiés entre les populations. Étant donné que les causes de la variabilité élevée des performances de reproduction des espèces en cours de domestication sont mal connues, cette découverte pourrait ouvrir de nouvelles hypothèses d'investigation. Enfin, il devenait important de déterminer le moment où le gène identifié dans les approches précédentes soutiendrait exclusivement le développement embryonnaire précoce. Dans ce but, une étude préliminaire a permis de faire une première évaluation de l'activation du génome zygotique (ZGA) chez cette espèce.

L'ensemble de ces résultats ouvre la voie vers l'établissement de nouvelles méthodes d'investigation de la qualité des gamètes chez la perche commune. Ces méthodes permettront de faire des études précises de l'évolution du succès de développement à chaque génération au cours d'un processus de domestication. Des méthodes similaires pourraient être établies chez d'autres espèces en prenant en compte leurs particularités. Il serait alors intéressant de tenter d'étudier des espèces présentant des caractères communs ou divergents. Nous pourrions alors tenter de comprendre les régulations propres à chaque espèce ou au contraire largement retrouvés chez plusieurs espèces de poisson.

**Mots clés :** *puces à ADN, contenu de l'ovocyte, ontologie des gènes, ARNm, populations de poissons, cycle de reproduction, oogenèse*