



HAL
open science

Étude génétique et moléculaire de la résistance aux tumeurs induites par le virus du sarcome du Rous

P Thoraval, Am Chaussé, F Coudert, C Auffray, G Dambrine

► **To cite this version:**

P Thoraval, Am Chaussé, F Coudert, C Auffray, G Dambrine. Étude génétique et moléculaire de la résistance aux tumeurs induites par le virus du sarcome du Rous. *Annales de Recherches Vétérinaires*, 1990, 21 (4), pp.299-299. hal-00901958

HAL Id: hal-00901958

<https://hal.science/hal-00901958v1>

Submitted on 11 May 2020

HAL is a multi-disciplinary open access archive for the deposit and dissemination of scientific research documents, whether they are published or not. The documents may come from teaching and research institutions in France or abroad, or from public or private research centers.

L'archive ouverte pluridisciplinaire **HAL**, est destinée au dépôt et à la diffusion de documents scientifiques de niveau recherche, publiés ou non, émanant des établissements d'enseignement et de recherche français ou étrangers, des laboratoires publics ou privés.

Étude génétique et moléculaire de la résistance aux tumeurs induites par le virus du sarcome du Rous. P Thoraval ¹, AM Chaussé ¹, F Coudert ¹, C Auffray ², G Dambrine ¹ (¹ *Station de pathologie aviaire et de parasitologie, INRA, CR de Tours Nouzilly, 37380 Monnaie;* ² *Institut d'embryologie, CNRS, 49bis, av de la Belle-Gabrielle, 94130 Nogent-sur-Marne, France*)

L'infection de poulets par le virus du sarcome de Rous qui appartient au groupe des rétrovirus aviaires provoque l'apparition de tumeurs du tissu conjonctif dont l'évolution est variable d'un oiseau à l'autre. On peut ainsi observer des poulets sensibles au développement des tumeurs, dits «progressseurs» par opposition aux poulets résistants, dits «régresseurs», chez lesquels la taille de la tumeur va diminuer au cours du temps. De nombreuses études ont montré que le phénomène de progression/régression peut être génétiquement contrôlé par le complexe majeur d'histocompatibilité ou complexe B (Collins *et al*, 1977; Schierman *et al*, 1977; Plachy *et al*, 1979).

Au sein d'une population d'animaux B19, typés par les techniques de sérologie classique, nous avons sélectionné par croisements successifs 2 groupes de poulets, l'un appelé «progressseur» et l'autre «régresseur». Une seule opération de sélection a conduit à l'obtention de 2 lignées divergentes, ce qui suggère que le nombre de gènes contrôlant la résistance aux tumeurs est faible.

Le complexe B du poulet comporte 3 classes de gènes dénommés B-F (analogue de la classe I des mammifères), B-L (équivalent de la classe II des mammifères) et B-G (classe IV, exclusivement présente chez le poulet) pour lesquels des sondes moléculaires ont été récemment clonées (Bourlet *et al*, 1988; Goto *et al*, 1988; Guillemot *et al*, 1988). À l'aide de ces sondes, nous avons étudié le polymorphisme des gènes du complexe B chez les poulets B19 afin de déterminer si ces gènes comportaient des différences qui pourraient rendre compte du phénomène de progression/régression.

Nous avons analysé 31 sujets identifiés comme progressseurs ou régresseurs à la suite d'une inoculation expérimentale de virus. Les

profils de restriction des gènes de classe IV sont identiques chez tous les poulets B19 et sont ainsi en accord avec les données sérologiques. En revanche, les résultats des hybridations obtenues avec les sondes de classes I et II permettent de définir, au sein de la population B19, 6 sous-types différents. L'ensemble de ces données n'a pas encore permis d'établir une corrélation entre la présence d'un sous-type et le phénomène de progression/régression. Ces études devront être complétées par l'analyse d'autres gènes associés au complexe B qui viennent d'être identifiés, ainsi que par celle du gène α de classe II qui n'a pas encore été isolé, dont le polymorphisme pourrait être responsable des phénomènes de progression/régression.

Références

- Bourlet *et al* (1988) *Embo J*, 1031-1039
 Collins W/M *et al* (1977) *Immunogenetics* 5, 333-343
 Goto *et al* (1988) *Immunogenetics* 27, 102-109
 Guillemot *et al* (1988) *Embo J*, 7, 2775-2786
 Plachy J *et al* (1979) *Fol Biol (Praha)* 25, 335-336
 Schierman LW *et al* (1977) *Immunogenetics* 5, 325-332

Information documentaire dans le cadre de l'AIP «Génétique de l'hôte et résistance aux maladies infectieuses et parasitaires». C Le Louëdec, N Laurenty (*Pathologie de la reproduction, INRA, 37380 Nouzilly, France*)

La recherche d'information écrite commence par l'analyse d'une liste de références puis par la consultation des articles. Cette liste est obtenue à partir de base de données. Chaque base s'adresse à l'utilisateur type défini par son producteur, d'où sa caractérisation par un domaine couvert, un contenu et une structure. Les informations correspondant à l'AIP peuvent exister dans au moins 7 bases de données bibliographiques: Agricola, Biosis, Cab, Casearch, Embase, Life Sciences, Medline, Scisearch et une base factuelle, Cris/Usda. Dans les sous-fichiers «animaux» de la base Cab, par exemple, 1 076 références ont été indexées avec le descripteur