



HAL
open science

Information documentaire dans le cadre de l'AIP "Génétique de l'hôte et résistance aux maladies infectieuses et parasitaires"

C Le Louëdec, N Laurenty

► To cite this version:

C Le Louëdec, N Laurenty. Information documentaire dans le cadre de l'AIP "Génétique de l'hôte et résistance aux maladies infectieuses et parasitaires". *Annales de Recherches Vétérinaires*, 1990, 21 (4), pp.299-300. hal-00901959

HAL Id: hal-00901959

<https://hal.science/hal-00901959>

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

«*disease resistance*» de 1984 à 1990 (février) dont 127 références ajoutées entre septembre 1989 et février 1990. Pour vérifier le contenu des autres bases, 8 références provenant de la base Cab ont été retenues par les participants à l'AIP. Les bases Medline et Biosis signalent chacune 4 références, Agricola et Scisearch, 3. Une référence (Czuprynski et Brown, 1987) est présente dans 6 bases de données sur 7 et une référence (Rotschild, 1985) est absente dans 7 bases. L'absence des références a été attribuée à la sélection du périodique ou de l'article. Ces bases sont interrogées avec des termes provenant des titres, d'un langage contrôlé, d'une liste de descripteurs ou d'un thésaurus. Le sens attribué à chaque terme varie selon l'auteur ou la base. D'autres outils de recherche sont spécifiques à chaque base, par ex : «*références citées*» et les «*research fronts*» (Scisearch). Parmi les 8 références retenues, 4 (Stone et Cundif, 1985; Fister, 1987; Watson *et al*, 1986; Coliger *et al*, 1986) n'ont pas été citées dans l'année suivant leur publication par les articles existant dans la base Scisearch. La base Cris/Usda, base factuelle, décrit des recherches en cours : objectif, approche, état du travail, références complètes ou incomplètes des publications, y compris les communications à des réunions scientifiques.

Références

- Cotter PF, Taylor RL Jr, Wing TL, Briles WE (1987) *Poult Sci* 66, 203
- Czuprynski CJ, Brown JF (1987) *Infect Immun* 55, 2061
- Fister RD (1987) *Dissert Abst Int* 47B, 4818
- Loliger HC, Hagen D voldem, Krieg R (1986) *Dtsch Tierarztl Wochenschr* 93, 44
- Rotschild MF (1985) *Pigs News Inf* 6, 277
- Stone RT, Cundif LV (1985) *Beef Res Prog Rep* 2, 25
- Warner CM, Meeker DL, Rotschild MF (1987) *J Anim Sci* 64, 394
- Watson TG, Baker RL, Harvey TG (1986) *Proc NZ Soc Anim Prod* 46, 23

Bilan de l'AIP «Génétique et résistance aux maladies infectieuses et parasitaires».

Génétique et pathologie virale des Salmonidés. M Dorson ¹, B Chevasus ² (¹ *Laboratoire d'ichtyopathologie virologie et immunologie moléculaires*; ² *Laboratoire de génétique des poissons, Centre de recherches de Jouy-en-Josas, 78352 Jouy-en-Josas Cedex, France*)

Bilan

Deux familles de virus dominent la pathologie virale des salmonidés en Europe : les Rhabdoviridae, agents des septicémies hémorragiques virales (SHV) et nécroses hématopoïétiques infectieuses (NHI), et les Birnaviridae, agents des nécroses pancréatiques infectieuses (NPI). La NPI n'affectant que les juvéniles, ce sont les rhabdovirus qui présentent l'incidence économique la plus importante. Bien que des vaccins (tué, efficace seulement par injection, et vivant, efficace par bain) soient disponibles contre la SHV, mais pas encore commercialisés, l'approche génétique a été envisagée depuis plus de 10 ans dans nos laboratoires avec un regain d'intérêt depuis 1984, dans le but d'obtenir des poissons présentant les qualités zootechniques de l'espèce la plus fréquemment élevée en France, la truite Arc-en-ciel (*Oncorhynchus mykiss*), avec une résistance plus élevée aux viroses citées plus haut auxquelles cette espèce est très sensible. Deux voies différentes ont été explorées dès le départ : recherche d'une *variabilité quantitative intraspécifique d'une part*, recherche d'une *variabilité interspécifique de type monofactorielle d'autre part*.

Variabilité quantitative intraspécifique

Afin d'évaluer la variabilité génétique additive, des lots d'ovules équivalents provenant des mêmes femelles ont été inséminés par le sperme de mâles différents. Les alevins étaient ensuite éprouvés par le virus de la NPI (sérotypage Sp) ou de la SHV (sérotypage 1). Le plus souvent possible, des fratries ont été éprouvées indépendamment par les 2 virus.

Dans le cas de la NPI, une 1^{re} série d'expériences trop ambitieuses (50 mâles) a révélé une faible variabilité (0 à 6% de survie dans un premier temps, 1 à 19% dans une seconde expérience). Une 2^e série d'expériences portant sur 14 mâles pris au hasard dans une souche synthétique a conduit à une variabilité plus importante (6 à 46% de survie), qui s'est cepen-