



**HAL**  
open science

## **ADN satellites : structure, fonction et évolution**

Y Bigot

► **To cite this version:**

Y Bigot. ADN satellites : structure, fonction et évolution. *Veterinary Research*, 1994, 25 (6), pp.586-587. <hal-00902268>

**HAL Id: hal-00902268**

**<https://hal.science/hal-00902268v1>**

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.



HAL Authorization

D'autre part, la présence de différences interspécifiques touchant des sites de restriction d'endonucléases paraît prometteur pour l'application en diagnostic (Gasser *et al*, 1994). Toutefois, l'absence de variation intraspécifique détectée semble indiquer que cette région de l'ADN ribosomique présente peu d'intérêt pour déceler la résistance aux anthelminthiques.

## Références

- Gasser RB, Chilton NB, Hoste H, Beveridge I (1993) Rapid sequencing of rDNA from single worms and eggs of parasitic helminths. *Nucleic Acids Res* 21, 2525-2526
- Gasser RB, Chilton NB, Hoste H, Stevenson LA (1994) Species identification of trichostrongyle nematodes by PCR-linked RFLP. *Int J Parasitol* (sous presse)
- Hoste H, Gasser RB, Chilton NB, Mallet S, Beveridge I (1993) Lack of intraspecific variation in the second internal transcribed spacer (ITS-2) of *Trichostrongylus colubriformis* ribosomal DNA. *Int J Parasitol* 23, 1069-1071

**Typage par RAPD de souches de *Trichinella*.** J Dupouy-Camet <sup>1</sup>, F Robert <sup>1</sup>, C Soulé <sup>2</sup> (<sup>1</sup> Laboratoire de parasitologie, CHU Cochin, 27, rue du Fbg-Saint-Jacques, 75014 Paris; <sup>2</sup> Laboratoire central de recherches vétérinaires, CNEVA, 94703 Maisons-Alfort, France)

Le typage des isolats de *Trichinella* repose actuellement sur l'analyse de plusieurs systèmes isoenzymatiques. Ces techniques sont longues et nécessitent de grandes quantités de protéines, mais elles ont permis de définir récemment 5 espèces dans le genre *Trichinella* (*T spiralis*, *T nelsoni*, *T pseudospiralis*, *T nativa*, *T britovi*) et 3 types isoenzymatiques (*Trichinella* T5, T6 et T8) n'ayant pas rang d'espèce (Pozio *et al*, 1992). Les techniques d'analyses génomiques conventionnelles des isolats soit nécessitent l'emploi de grandes quantités d'ADN et de sondes marquées (*restriction fragment length polymorphism*), soit ne sont pas suffisamment résolutive (*polymerase chain reaction*).

Nous rapportons ici l'utilisation d'une technique dérivée de la PCR, le RAPD, pour étudier 18 souches de *Trichinella* typées par analyse isoenzymatique comme appartenant aux 5 espèces mentionnées ci-dessus et au type T5. Les ADN ont été extraits par une technique classique et amplifiés après adaptation de la technique RAPD décrite par Williams *et al* (1990). Avec certains oligonucléotides, plusieurs fragments d'ADN amplifiés ont été obtenus et ont permis de définir des profils caractéristiques d'espèce (Dupouy-Camet *et al*, 1993). La comparaison des différents profils a été effectuée par le calcul des coefficients de similitude.

Cette technique rapide, simple, utilisant de très faibles quantités d'ADN, est donc une méthode d'avenir pour le typage des isolats de *Trichinella*. Elle autorise l'analyse génomique de larves uniques : cela a permis de montrer la présence de 2 espèces sympatriques sur le même hôte (Bandi *et al*, 1993) et d'identifier sur une biopsie musculaire l'agent causal de la récente épidémie de trichinellose d'origine équine comme étant *T spiralis* (Dupouy-Camet *et al*, 1994).

## Références

- Bandi C, La Rosa G, Comincini S, Damiani G, Pozio E (1993) Random amplified polymorphic DNA technique for the identification of *Trichinella* species. *Parasitology* 107, 419-424
- Dupouy-Camet J, Robert F, Soulé C (1993) RAPD in the genus *Trichinella*. *Parasitol Today* 9, 463-464
- Dupouy-Camet J, Soulé C, Ancelle T (1994) Recent news on trichinellosis: another outbreak due to horse meat consumption in France in 1993. *Parasite* 1, 99-103
- Pozio E, La Rosa G, Murrell KD, Lichtenfels JR (1992) Taxonomic revision of the genus *Trichinella*. *J Parasitol* 78, 654-659
- Williams JGK, Kubelik AR, Livak KJ, Rafalski JA, Tingey SV (1990) DNA polymorphisms amplified by arbitrary primers are useful as genetic markers. *Nucleic Acids Res* 18, 6531-6535

**ADN satellites : structure, fonction et évolution.** Y Bigot (*Institut biocénétique*)

*expérimental des agro-systèmes, faculté des sciences, URA CNRS 1298, parc Grandmont, av Monge, 37200 Tours, France)*

L'ADN satellite correspond à des séquences d'ADN génomique nucléaire constituées d'unités répétées en tandem plus de  $10^5$  fois par génome et d'une taille inférieure à 1 000 paires de bases. Ce composant, propre aux génomes eucaryotes, est concentré dans les régions centromériques et télomériques, correspondant à l'hétérochromatine alpha. Il présente aux niveaux spécifique et interspécifique des caractéristiques de structure et d'organisation identiques dans les différents phylums étudiés (Bedridze, 1986). Ainsi, dans une même espèce, plusieurs familles d'ADN satellite peuvent être présentes et se différencient par la séquence de leur unité de répétition, le pourcentage du génome qu'elles représentent, le nombre de sous-familles et leurs localisations chromosomiques. De plus, des variations de ces caractéristiques peuvent être détectées de façon extrêmement sensible, suite à la spéciation entre 2 espèces sœurs (Bigot *et al*, 1990 ; Rojas-Rousse *et al*, 1993). Aucun rôle physiologique précis n'a pu être attribué à l'ADN satellite. Chez les nématodes, la délétion systématique de l'ADN satellite dans les cellules somatiques, lors des stades précoces du développement embryonnaire, suggère que ce composant n'a pas de rôle et correspondrait à un ADN fardeau (*junk DNA*), ou à un ADN parasite (*selfish DNA*) qui se maintiendrait principalement dans les génomes eucaryotes au travers de la lignée germinale. Cependant, l'analyse de la conservation de la séquence des nombreuses unités de répétition d'un ADN satellite montre que son évolution n'est pas aléatoire. Elle résulte d'une dégénérescence liée aux mutations ponctuelles et aux phénomènes de recombinaison, qui est contrebalancée par une forte «conversion génique» tendant à homogénéiser l'ensemble. L'intensité de cette «conversion génique» au cours

de l'évolution suggère qu'elle soit entretenue par de fortes pressions de sélection ; l'ADN satellite pourrait ainsi avoir un rôle encore inconnu dans les génomes eucaryotes. Cette dernière hypothèse est soutenue par des travaux montrant le rôle de l'ADN satellite dans la condensation de l'hétérochromatine. Par ailleurs, il a récemment été montré chez les Amphibiens et les Hyménoptères que l'ADN satellite est transcrit sous forme d'ARNs biochimiquement actifs (Epstein et Coats, 1991).

## Références

- Bedridze TG (1986) *Satellite DNA*. Springer-Verlag, Berlin
- Bigot Y, Hamelin MH, Periquet G (1990) Heterochromatin condensation and evolution of unique satellite DNA families in two parasitic wasp species: *Diadromus pulchellus* and *Eupelmus vuilleti* (Hymenoptera). *Mol Biol Evol* 4, 351-364
- Epstein LM, Coats JH (1991) Tissue-specific permutations of self-cleaving new satellite-2 transcripts. *Gene* 107, 213-218
- Rojas-Rousse D, Bigot Y, Periquet (1993) DNA insertions as a component of the evolution of unique satellite DNA families in two genera of parasitoid wasps: *Diadromus* and *Eupelmus* (Hymenoptera) *Mol Biol Evol* 10, 383-396

**Clonage et caractérisation de séquences d'ADN répétées dans le génome de *Cryptosporidium parvum* ; application préliminaire à l'épidémiologie moléculaire de la cryptosporidiose.** A Bonnin <sup>1</sup>, R Nelson <sup>2</sup>, P Camerlynck <sup>1</sup> (<sup>1</sup> *Laboratoire de parasitologie-mycologie, hôpital du Bocage, 21034 Dijon cedex, France*; <sup>2</sup> *Parasitology Laboratory, San Francisco General Hospital, San Francisco, CA, États-Unis*)

Le réservoir animal de *C parvum* représente une source de contamination de l'environnement qui est supposée favoriser la transmission humaine du parasite (Casemore, 1990) ; l'impact réel de ce réservoir animal sur la fréquence de la cryptosporidiose humaine reste toutefois à déterminer (Awad-El-Kariem *et al*, 1993). Des marqueurs permettant de distinguer les isolats de *Crypto-*