



HAL
open science

Analyse génétique de la résistance à un rhabdovirus chez la truite arc-en-ciel

Edwige Quillet, Carine Genet, Francine Krieg, Amandine Launay, Sandrine Le
Guillou, Stéphane Mauger, Kamila Canale-Tabet, Pierre Boudinot, Patrick
Prunet

► To cite this version:

Edwige Quillet, Carine Genet, Francine Krieg, Amandine Launay, Sandrine Le Guillou, et al.. Analyse génétique de la résistance à un rhabdovirus chez la truite arc-en-ciel. Journées Scientifiques, Département de Génétique Animale, Apr 2008, Lacanau, France. hal-01193438

HAL Id: hal-01193438

<https://hal.science/hal-01193438v1>

Submitted on 3 Jun 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.

ANALYSE GENETIQUE DE LA RESISTANCE A UN RHABDOVIRUS CHEZ LA TRUITE ARC-EN-CIEL

QUILLET Edwige¹, GENET Carine¹, KRIEG Francine¹, LAUNAY Amandine¹, LE GUILLOU Sandrine¹, MAUGER Stéphane¹, TABEL-CANALE Kamila¹, BOUDINOT Pierre², PRUNET Patrick³

¹INRA UR 544 Génétique des Poissons (LGP) -78350 Jouy-en-Josas

²INRA UR 892 Virologie, Immunologie Moléculaire (VIM) -78350 Jouy-en-Josas

³INRA UR 1037 SCRIBE Campus de Beaulieu-35000 Rennes
edwige.quillet@jouy.inra.fr

INTRODUCTION

La SHV (Septicémie Hémorragique Virale) est une maladie de la truite arc-en-ciel à fort impact économique dans les zones infectées. Plusieurs études ont montré que la résistance au virus est héréditaire (Henryon et al., 2005) et peut être sélectionnée, au moins à l'échelle expérimentale (Quillet et al., 2007). L'infection induit une réponse humorale et cellulaire tardive, et déclenche de façon précoce une réponse innée complexe (O'Farrell et al., 2002) sans doute déterminante dans la sensibilité ou la résistance au virus. La SHV est donc un excellent modèle pour à la fois décrire les mécanismes de la réponse immunitaire innée, encore mal connue chez les poissons, et identifier les facteurs génétiques qui déterminent la résistance de l'hôte.

MATERIEL ET METHODES

Plusieurs approches complémentaires ont été mises en place dans ce but :

- (1) *Caractérisation phénotypique de lignées homozygotes* : la collection de clones homozygotes gynogénétiques établie par le LGP a été criblée de manière systématique pour la résistance au virus (baignade de 2h à 50000 ufp ml⁻¹).
- (2) *Recherche de QTLs de résistance* dans deux familles d'haploïdes doublés issues du croisement de poissons homozygotes de résistance opposée. La résistance a été testée à l'aide de deux phénotypes (survie/mort et prolifération virale sur explant de nageoire *in vitro*) et le genome scan réalisé avec 100 à 120 microsatellites par famille.
- (3) *Recherche de gènes candidats fonctionnels*, à partir d'une analyse du transcriptome de poissons sensibles ou résistants, sains et infectés. Deux tissus ont été étudiés, la nageoire, premier site de réplication et de pénétration des rhabdovirus (Harmache et al., 2006) et la rate, organe clé de la réponse immunitaire.
- (4) *Cartographie de ces gènes* et de gènes viro-induits validés (VIM) par développement de marqueurs génétiques (SNP, indél).

RESULTATS

Réponse des clones homozygotes : alors que la souche fondatrice est très sensible au virus (environ 80% de mortalité), des performances extrêmement variables sont recensées dans les clones (de 0 à plus de 95% de survie).

Primo-localisation de QTL : plusieurs QTL suggestifs et une région porteuse d'un QTL à effet fort pour la résistance ont été identifiés. Cette région est retrouvée dans les 2 familles du

dispositif et confirmée dans 2 autres familles.

Analyse transcriptomique : le génotype (sensible vs résistant) influence l'expression de nombreux gènes, quel que soit le statut (sain vs infecté). Chez les sensibles, de nombreux gènes de la rate sont modulés par l'infection. Plus curieusement, seul un très petit nombre de gènes est modulé chez les résistants, quel que soit le tissu.

Cartographie de gènes candidats : environ 50 de ces gènes sont en cours de localisation sur la carte génétique produite au LGP. Nous savons déjà que 2 d'entre eux co-localisent avec la région du QTL, mais, comme souvent chez la truite, ils ne sont pas annotés, ce qui ne permet pas de confirmer *a priori* leur intérêt fonctionnel.

DISCUSSION/CONCLUSION

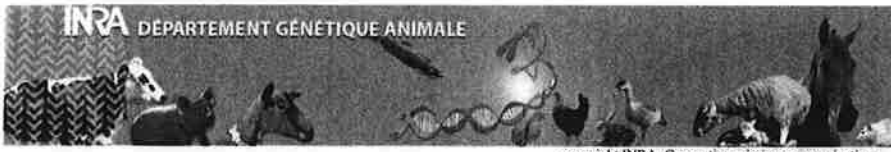
L'importante variabilité de réponse des clones montre que le processus de clonage a capturé une part importante de la variabilité génétique de la population fondatrice. Elle confirme l'intérêt de ce matériel biologique pour étudier la réponse à la SHV, et plus généralement, pour l'identification des composantes génétiques et fonctionnelles de la réponse immunitaire innée, particulièrement importante chez les poissons.

Des lignées cellulaires dérivées de différents clones (VIM) permettront ainsi d'associer statut sensible/résistant de l'individu donneur et caractéristiques d'expression des gènes, et faciliteront la description de la cascade de mécanismes de réponse précoce à l'infection. Cette approche, croisée avec les informations de cartographie, permettra de valider la pertinence de gènes candidats, voire d'en identifier de nouveaux. La cartographie fine du principal QTL est en cours via la construction d'un contig de BAC régional. Le séquençage de ce contig (AIP Bio ressources) accélérera la définition de nouveaux marqueurs et fournira les toutes premières informations sur le contenu en gènes de la région.

Les attendus de ces approches sont (1) une meilleure connaissance du génome de la truite, et notamment des bases génétiques de la réponse au virus, (2) l'identification de gènes impliqués dans la résistance à la SHV, avec des retombées en immunologie des poissons et de possibles applications en sélection.

REFERENCES

- Harmache et al., 2006 ; J. Virol., 80 : 3655-9
Henryon et al., 2005 ; Aquaculture, 250 : 621-36
O'Farrell et al., 2002 ; J. Virol., 76 : 8040-9
Quillet et al., 2007 ; Dis. Aquat. Organ., 76 : 7-16



Journées Scientifiques
Département de Génétique Animale
LACANAU
21 - 24 avril 2008

