HAL open science

Identification de gènes différentiellement exprimés dans deux tissus cibles de lignées clonales de truite sensibles ou résistantes à la SHV

Carine Genet, E.R. Verrier, Céline Ciobotaru, Christophe Klopp, Diane Esquerre, Denis Laloë, Pierre Boudinot, Edwige Quillet

To cite this version:

Carine Genet, E.R. Verrier, Céline Ciobotaru, Christophe Klopp, Diane Esquerre, et al.. Identification de gènes différentiellement exprimés dans deux tissus cibles de lignées clonales de truite sensibles ou résistantes à la SHV. Séminaire du Département de Génétique animale, Apr 2014, Fréjus, France. 1 p. hal-01193891

HAL Id: hal-01193891

https://hal.science/hal-01193891v1

Submitted on 5 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.

Identification de gènes différentiellement exprimés dans deux tissus cibles de lignées clonales de truite sensibles ou résistantes à la SHV.

Genêt C.[1], Verrier E.R. [2], Ciobotaru C.[1], Klopp C.[3], Esquerre D.[4], Laloé D.[1], Boudinot P.[5] et Quillet E.[1]

[1]UMR 1313 GABI, F-78350 Jouy-en-Josas ; [2]INSERM UMR1110, F- 67000 Strasbourg ; [3]SIGENAE, F-31326 Castanet Tolosan; [4]GenPhyse, F-31326 Castanet Tolosan; [5]VIM, F-78350 Jouy-en Josas.

Résumé:

Le virus de la septicémie hémorragique virale représente une menace réelle pour l'industrie aquacole. En effet, il affecte un nombre important d'hôtes (poissons sauvages ou domestiqués marins ou d'eau douce) et présente une pathogénicité et des taux de mortalité variables. Ce Rhabdovirus est un virus à ARN simple brin antisens dont le génome est séquencé. Deux lignées clonales de truite haploïdes doublés, présentant des réponses contrastées à l'infection par le virus de la SHV, ont été choisies pour étudier les mécanismes de la réponse antivirale.

Pour atteindre cet objectif, nous avons caractérisé par RNAseq, les différences des profils d'expression génique de poissons sensibles (0 % de survie) ou résistants (~91 % de survie), infectés ou non par la SHV dans deux tissus cibles : la rate (organe lymphoïde par excellence) et la nageoire (un des sites d'entrée du virus) à 1 jour post-infection. Nous avons ainsi généré 3,119 milliards de lectures pairées (2x100 pb) sur HiSeq2000. La qualité de lecture a été évaluée avec FastQC dans l'environnement ng6 (Mariette et al. 2012). Les lectures ont été alignées sur le génome de référence avec TopHat (Trapnell et al. 2009). La découverte de nouveaux transcrits et de gènes a été faite en utilisant Cufflinks (Trapnell et al. 2012). Les transcrits ont été quantifiés avec SigCufflinks. Une procédure de filtrage entre triplicatas a été appliquée en utilisant le module HTSFilter sous R (Rau et al. 2013). Les gènes différentiellement exprimés ont été identifiés avec le module DESeq2 sous R (Anders et al. 2010), pour une p value ajustée <0,01 et |log2 Fold Change| =1.

Le nombre de gènes différentiellement exprimés est plus important dans la lignée sensible quelque soit le tissu considéré. Au sein de cette lignée, nous avons observé une importante modification du transcriptome dans la rate tandis qu'elle est modeste dans la nageoire. Au final, l'amplitude d'expression des gènes différentiellement exprimés obtenue dans la lignée résistante est plus faible que celle obtenue dans la lignée sensible.

L'approche transcriptomique développée dans cette étude nous permet de décrire sans *a priori* les gènes et les voies de signalisation impliqués dans la réponse antivirale transcriptionnelle d'un hôte sensible ou résistant. La validation par PCR quantitative d'une centaine de gènes différentiellement exprimés, couplée à une cinétique temporelle (0-24 hpi) devraient permettre la caractérisation de la dynamique des mécanismes génétiques de résistance/sensibilité à l'infection virale précoce chez la truite.

Références : Mariette, J. et al. 2012 BMC Genomics 13, 462. Trapnell, C. et al. 2009 Bioinformatics 25: 1105-11. Trapnell, C. et al. 2010 Nat Biotechn. 28:511-5. Rau, A. et al. 2013 Bioinformatics 29 :2146-52. Anders, S.et al. 2010 Genome Biology 11:R106.