

Etude de la réponse immunitaire des porcs français de race Large White et analyse conjointe du transcriptome des leucocytes du sang périphérique

(IMMOPIG)

Responsable Scientifique du Projet : Mme ROGEL-GAILLARD Claire
claire.rogel-gaillard@jouy.inra.fr

UMR 314 Laboratoire de Radiobiologie et Etude du
Génome (LREG)
INRA Domaine de Vilvert
78350 JOUY EN JOSAS

Mots clés : porc, transcriptome, réponse immunitaire, phénotype, génétique

Résumé

Au cours des vingt dernières années, les schémas de sélection pour l'espèce porcine ont visé à améliorer des caractères de production et des résultats significatifs ont été obtenus. Pendant cette période, de nouvelles pathologies ayant de lourdes conséquences économiques ont été observées dans les élevages, comme la maladie d'amaigrissement du porcelet qui est apparue dans les années 1990. Les méthodes actuelles de prévention sont basées sur la vaccination des animaux, l'antibiothérapie et des règles sanitaires drastiques. Or, dans une perspective globale de développement durable, il est important de définir de nouveaux objectifs de sélection compatibles avec la réduction des antibiotiques et des vaccins, de manière à améliorer la sécurité alimentaire et le bien-être animal. Des études ont mis en évidence quelques QTL (Quantitative Trait Locus) de la réponse immunitaire et des héritabilités entre 0.07 et 0.27 ont été mesurées, démontrant le caractère partiellement héritable d'un certain nombre de paramètres de la réponse immunitaire. Grâce aux données massives de séquences maintenant disponibles chez les animaux domestiques comme le porc, des outils de génomique fonctionnelle sont disponibles. Les études de transcriptome permettent, notamment, la mise en évidence de profils d'expression de gènes et l'identification de réseaux de régulation. De récentes approches d'analyse des caractères complexes exploitent conjointement les cartes génétiques à haute densité et les données de transcriptome qui constituent de nouvelles données de phénotype. De nombreuses données sur la réponse immunitaire sont disponibles pour l'homme et des mammifères modèles comme la souris ou le rat. Si la physiologie comparée est pertinente dans bien des cas, le système immunitaire des porcs présente quelques caractéristiques propres et les porcs développent des pathologies en élevage qui requièrent des recherches spécifiques.

Notre projet a pour objectif global l'étude de la capacité immunitaire des porcs soumis à une forte pression de sélection en France et l'analyse conjointe du transcriptome des leucocytes du sang périphérique de ces animaux. Un premier travail aura pour but de mesurer des paramètres de la réponse immunitaire dans des troupeaux et de calculer l'héritabilité des caractères mesurés et l'éventuelle corrélation entre eux. Ces analyses permettront d'identifier des animaux de phénotypes contrastés qui seront sélectionnés pour des analyses transcriptomiques, afin de décrire les réseaux de gènes exprimés dans les leucocytes du sang périphérique et de rechercher si l'interprétation des données permet de définir l'efficacité de la réponse immunitaire des porcs. Nous viserons à analyser l'efficacité globale de la réponse immunitaire et ne nous concentrerons pas sur une maladie infectieuse particulière. Des paramètres de la réponse immunitaire innée et adaptative seront quantifiés chez des porcs Large White élevés dans une station de contrôle des performances zootechniques et dans une unité expérimentale de l'INRA. Les expériences de transcriptome exploiteront deux types de micro-réseaux. Un premier réseau correspondra au réseau générique porcin développé par l'INRA et couvrant 30 à 50% des gènes. Un second réseau, appelé réseau SLA-immun, sera constitué pendant le cours du projet. Il rassemblera des sondes représentatives de



INRA

Programme dont la gestion et l'animation sont confiées à l'INRA

l'ensemble des gènes et pseudogènes du complexe majeur d'histocompatibilité du porc, ainsi que d'autres gènes impliqués dans la réponse immune.

L'ensemble des résultats permettra, d'une part de confirmer des réseaux de régulation déjà connus et de mettre en évidence de nouvelles données sur la réponse immune des porcs et, d'autre part, de fournir des informations inexistantes actuellement pour mettre en place des programmes de sélection qui incluent des paramètres de la réponse immune chez le porc.

Partenaires du projet

Equipe 1 (Equipe du Responsable Scientifique du projet) :
UMR 314 Laboratoire de Radiobiologie et Etude du Génome (LREG), INRA, JOUY EN JOSAS
Responsable scientifique : Mme ROGEL-GAILLARD Claire

Equipe 2 :
UR337 Station de Génétique Quantitative et Appliquées (SGQA), INRA, JOUY EN JOSAS
Responsable scientifique : Mr BIDANEL Jean-Pierre

Equipe 3 :
UR 66 Unité de Pharmacologie-Toxicologie (URPT), INRA, TOULOUSE
Responsable scientifique : Mme OSWALD Isabelle

Equipe 4 :
UR 892 Laboratoire de Virologie et Immunologie Moléculaires (VIM), INRA, JOUY EN JOSAS
Responsable scientifique : Mr LEFEVRE François

Equipe 5 :
Institut Technique du Porc-ITP, LE RHEU
Responsable scientifique : Mme MERCAT Marie-José

