

**Acronyme du projet** (*bref nom de 12 caractères au plus*) **RESISAL**

**Champ thématique** (*selon la classification de l'Appel à Projets*) :

**Projet :**     générique ; **X** finalisé

**Titre du projet**

**Identification par génomique expressionnelle de facteurs de résistance au portage des salmonelles utilisables en sélection.**

**Coordinateur du projet** (*Nom, prénom, fonction, organisme*)

**Coudurier Bernard, Directeur, Syndicat des sélectionneurs Avicoles et Aquacoles Français**

**Résumé du projet** (*maximum 3000 caractères, en français et en anglais*)

(contextes socio-économique et scientifique, objectifs, programme des travaux, résultats attendus) :

L'existence d'animaux porteurs asymptomatiques de salmonelles dans les élevages pose un problème majeur pour la sécurité alimentaire et la santé publique. Il est en effet très difficile de repérer puis d'éliminer ces animaux. Malgré d'importantes mesures de prévention dans les élevages et la vaccination de certains animaux, la salmonellose reste une des premières cause de toxi-infections alimentaires collectives dans les pays industrialisés. La sélection génétique d'animaux résistants au portage intestinal représente un moyen de lutte alternatif à l'utilisation controversée des antibiotiques contre la persistance des salmonelles dans les élevages.

Un modèle original d'infection expérimentale chez le poussin d'une semaine a été développé et l'importance de la génétique dans la résistance de l'hôte au portage des salmonelles démontrée. Des lignées de volailles consanguines présentant des différences phénotypiques importantes sur le caractère de portage intestinal de *Salmonella* Enteritidis ont de plus été identifiées. Si l'effet de gènes candidats et de plusieurs QTL a été montré sur la résistance, la majorité des gènes impliqués et des mécanismes de résistance demeurent cependant méconnus en particulier pour ce qui concerne le portage de *S. Enteritidis*. Il apparaît en particulier important d'obtenir une vision globale des grands mécanismes de la réponse immunitaire impliqués dans la résistance et pour lesquelles des résultats prometteurs ont déjà été obtenus.

L'objectif de ce projet est donc d'identifier par micro-array, au niveau des populations cellulaires, les gènes qui sont différemment exprimés entre les animaux sains et au cours du portage asymptomatique de *S. Enteritidis* (3 jours, 1, 2, 4 semaines post inoculation) puis d'identifier les gènes différemment exprimés chez des animaux sensibles et résistants au portage.

Selon une analyse globale du transcriptome, le présent projet se propose, dans une première étape, de détecter et d'identifier l'ensemble des gènes qui s'expriment de façon différentielle chez les différentes populations cellulaires purifiées à partir d'animaux infectés expérimentalement (Partenaires 2, 3, 4 et 7). Ceci pourra se faire par l'acquisition récente sur le centre INRA de Tours d'un trieur de cellules à haut débit (MoFlo, Dakocytomation) qui permettra la purification des lymphocytes, des hétérophiles et des entérocytes à partir des "tonsilles caecales" et d'une partie des caeca (site de portage) (partenaires 2 et 5). Dans une deuxième étape, la confrontation des résultats avec les données de génomique positionnelle permettra de déterminer des gènes cibles impliqués dans le mécanisme de résistance au portage, de rechercher des marqueurs polymorphes entre les deux phénotypes afin de pouvoir typer les animaux et évaluer ainsi la faisabilité d'une sélection génétique assistée par marqueurs (partenaires 1, 3, 4, et 6). Enfin, le rôle des gènes d'intérêts sera validé dans le modèle de lignées consanguines puis sur des lignées commerciales en cours de sélection vis-à-vis de la résistance et de la sensibilité à la salmonellose (partenaires 1, 2, 3, 5, 6 et 7)..

L'ensemble de ce travail contribuera à une meilleure connaissance des mécanismes de résistance génétique de l'hôte au portage des salmonelles, et à l'identification des gènes les plus importants pour la résistance au portage ce qui permettra de préciser les possibilités d'une sélection génétique assistée par marqueurs, chez le poulet et à terme chez d'autres espèces porteuses telles que le Canard.

**Mots-clés (5 maximum) :**

***Salmonella, Enteritidis, sélection, puce ADN, portage asymptomatique, volaille***

**NOM et prénom du coordinateur du projet**

**:  
Coudurier Bernard**

**Titre : directeur du SYSAAF**

**Tel : 02 47 42 78 46**

**Fax :**

**e-mail :bernard.coudurier @tours.inra.fr**

**Institution (Unité), Entreprise :**

Syndicat des sélectionneurs avicoles et aquacoles Français

**Adresse :**

Centre INRA de Tours – Nouzilly 37380 Nouzilly

**Nom du Directeur de l'unité ou du responsable dans l'entreprise :**

**Coudurier Bernard**

**EQUIPES PARTENAIRES :**

| <b>Equipe N°</b> | <b>Nom Prénom du correspondant principal par équipe</b> | <b>Titre ou grade, Appartenance</b> | <b>Directeur d'unité</b> | <b>Adresse</b>  |
|------------------|---|-------------------------------------|--------------------------|---|
| 1                | Coudurier Bernard                                       | director of SYSAAF                  | B. Coudurier             | Syndicat des sélectionneurs avicoles et aquacoles Français<br>Centre INRA de Tours – Nouzilly<br>37380 Nouzilly |
| 2                | VELGE Philippe  | CR1                                 | Jean De Rycke            | INRA-Tours Nouzilly, U918<br>Pathologie Infectieuse et<br>Immunologie, 37380 Nouzilly                           |
| 3                | BEAUMONT<br>Catherine                                   | DR2                                 | Y. Nys                   | INRA-Tours Nouzilly, Station de<br>Recherches Avicoles<br>37380 Nouzilly  |
| 4                | DOUAIRE<br>Madeleine                                    | DR2                                 | C. Diot                  | INRA, UMR, ENSA Genet Anim,<br>65 Rue St Briec,CS 84215, F-<br>35042 Rennes                                     |
| 5                | KERBOEUF<br>Dominique                                   | DR2                                 | JF Vautherot             | INRA-Tours Nouzilly, Lab<br>bioagresseur, santé,<br>environnement, 37380 Nouzilly                               |
| 6                | Pitel<br>Frederique                                     | CR1                                 | P. Mulsant               | INRA de Toulouse, lab. de<br>génétique cellulaire BP 52627<br>Castanet-tolozan cedex                            |
| 7                | BESNARD<br>Joel   | IR                                  | Besnard Joël             | Unité Expérimentale Avicole<br>37380 Nouzilly   |