

## SOMMAIRE

<b>DELISUS .....</b>	<b>2</b>
<b>FLAVORES .....</b>	<b>4</b>
<b>GENEQUIN .....</b>	<b>6</b>
<b>OVOGENAE2.....</b>	<b>8</b>
<b>PERCIMAP.....</b>	<b>10</b>
<b>REFOLLIS.....</b>	<b>12</b>
<b>RESIST FEVER.....</b>	<b>14</b>
<b>GENOVERT .....</b>	<b>16</b>

## Appel à projets ANR 2007 du Programme GÉNANIMAL

### An integrated study of the haplotypic variability at the whole genome level on animals finely phenotyped from French porcine populations

#### DELISUS

Responsable Scientifique du  
Projet :

Denis MILAN  
denis.milan@toulouse.inra.fr

INRA  
UMR 444, Laboratoire de Génétique Cellulaire  
(LGC),  
Chemin de Borde Rouge  
31326 CASTANET TOLOSAN

**Mots clés** : Génomique, Metabonomique, Haplotype, Diversité, Porc

#### Résumé

Le projet DéLiSus est un projet intégré ayant pour but l'étude de la variabilité haplotypique du génome porcin à haute densité (1 SNP / 500 kb sur l'ensemble du génome, 1 SNP / 100 kb sur 10 % du génome). Les principales races françaises, et les races synthétiques dérivées détenues par les sélectionneurs de BIOPORC seront étudiées. Les animaux des races principales seront phénotypés au sein de la station de contrôle du Rheu. Outre les paramètres zootechniques détaillés et une analyse métabiologique du sérum, une mesure de paramètres de la réponse immune sera réalisée sur certains animaux.

L'analyse des hapotypes permettra une analyse très détaillée de la diversité génétique des principales races françaises et la détection de traces de sélection révélant des régions ayant répondu à la sélection. Une analyse d'association sera réalisée pour estimer les effets des hapotypes sur les différents caractères mesurés. Le projet inclura également la détection in silico de SNP à partir des séquences disponibles (notamment 1 million de séquences réalisées au CNS), le stockage et la gestion des données dans le système d'information de SIGENAE.

## Partenaires du projet

### Partenaire 1 :

INRA, UMR 444, Laboratoire de Génétique Cellulaire (LGC), INRA/ Ecole Vétérinaire de Toulouse, *Castanet Tolosan*

**Responsable scientifique** : Denis MILAN

### Partenaire 2 :

INRA, UR 337, Station de Génétique Quantitative et Appliquée (SGQA), *Jouy en Josas*

**Responsable scientifique** : Hélène GILBERT

### Partenaire 3 :

CNRG, CNG, Centre National de Recherche en génomique\_ Centre National de Genotypage (CNG), *Evry*

**Responsable scientifique** : Ivo Glynne GUT

**Partenaire 4** : INRA, UPR 875, Biométrie et Intelligence Artificielle (BIA), *Castanet Tolosan*

**Responsable scientifique**: Christophe KLOPP

### Partenaire 5 :

INRA, UETP 450, Unité expérimentale Testage Porcs (UETP), *Le Rheu*

**Responsable scientifique**: Marcel BOUFFAUD

**Partenaire 6** : INRA, UMR 314, Laboratoire de Radiobiologie et Etude du Génome LREG), INRA/CEA, *Jouy en Josas*

**Responsable scientifique** : Claire ROGEL-GAILLARD

### Partenaire 7 :

Bioporc, Association Loi 1901, *Le Rheu*

**Responsable scientifique** : Marie José MERCAT

**Genetic and functional basis of rainbow trout (*O. mykiss*) resistance to *Flavobacterium psychrophilum***

**FLAVORES**

<b>Responsable Scientifique du Projet :</b>	Edwige QUILLET edwige.quillet@jouy.inra.fr  INRA UR 544, Laboratoire de Génétique des Poissons (LGP) Domaine de Vilvert 75338 Jouy en Josas
---	---

**Mots clés :** Immunity, MHC, Disease resistance

**Résumé**

Le projet a pour ambition d'explorer, chez la truite arc-en-ciel, les bases génétiques et fonctionnelles de la résistance à *Flavobacterium psychrophilum*, une bactérie qui provoque des mortalités importantes dans les élevages de salmonidés. Il associe des généticiens, des bactériologistes et des immunologistes. En s'appuyant sur un matériel génétique original (des lignées homozygotes de truite de résistance opposée), il étudiera les mécanismes de défense et les gènes impliqués dans la réponse de l'hôte à l'infection, et fournira une description moléculaire et quantitative de la variabilité génétique de la résistance observée chez l'hôte. Il combinera l'analyse de caractéristiques de la réponse immunitaire innée, des études d'expression (transcriptome, gènes candidats), la description de la structure et du polymorphisme des gènes du CMH et la recherche de QTL de la résistance. Il apportera des connaissances nouvelles sur la génétique de la résistance de la truite, connaissances qui seront utiles pour la définition de futures stratégies de contrôle de la maladie, qu'il s'agisse du développement de vaccins efficaces ou de la mise en place de schémas de sélection exploitant les résistances naturelles de la truite.

## Partenaires du projet

### Partenaire 1 :

INRA, UR 544, Laboratoire de Génétique des Poissons (LGP), *Jouy en Josas*

**Responsable scientifique** : Edwige QUILLET

### Partenaire 2 :

INRA, UR 892, Unité de Virologie d'Immunologie Moléculaires (VIM), *Jouy en Josas*

**Responsable scientifique** : Christian MICHEL

### Partenaire 3 :

Université de Bourgogne, UMR CRI 866,

Unité de Virologie d'Immunologie Moléculaires, Univ. De Bourgogne/INSERM, *Dijon*

**Responsable scientifique** : Véronique LAURENS

### Partenaire 4 :

CNRS, UPR 1142, Laboratoire d'Immuno Génétique Moléculaire (LIGM),

Institut de Génétique Humaine (IGH), *Montpellier*

**Responsable scientifique**: Marie- Paule LEFRANC

### Partenaire 5 :

SYSAAF, Syndicat des Sélectionneurs Avicoles et aquacoles Français, *Rennes*

**Responsable scientifique**: Pierrick HAFFRAY

**Genetic and functional basis of rainbow trout (*O. mykiss*) resistance to *Flavobacterium psychrophilum***

**GENEQUIN**

**Responsable Scientifique du  
Projet :**

Jean-Marie DENOIX  
jmdenoix@vet-alfort.fr

ENVA  
UMR 957, Centre d'Imagerie et de Recherche sur les  
Affections Locomotrices Equines (CIRALE)  
7, avenue du Général de Gaulle  
14430 GOUSTRANVILLE

**Mots clés :** Cheval, Génétique, Maladies, Performances

**Résumé**

L'activité économique due à l'élevage équin est croissante mais les performances des chevaux de compétition sont parfois diminuées par des affections multifactorielles. Parmi celles-ci, l'ostéochondrose et la neuropathie récurrente laryngée ont toutes deux une composante héréditaire dont le déterminisme génétique demande à être précisé. Une vaste étude épidémiologique rassemblant des cohortes adéquates d'animaux sains et affectés pour ces deux pathologies définira les paramètres cliniques (gradation de l'affection) et les données généalogiques préciseront leur déterminisme génétique. D'autre part, les régions du génome associées à une susceptibilité ou au développement de ces pathologies seront recherchées par criblage de l'ADN de ces cohortes sur des micropuces à haut débit (SNPs microchips) prochainement disponibles. Cette étude d'association définira des marqueurs dans des régions du génome impliquées et orientera la recherche vers des gènes prédisposant à la présence ou au développement de ces affections.

## Partenaires du projet

### **Partenaire 1 :**

Ecole Nationale Vétérinaire d'Alfort, Centre d'Imagerie et de Recherche sur les Affections Locomotrices Equines (CIRALE), UMR 957, ENVA/INRA, *Goustranville*

**Responsable scientifique :** Jean-Marie DENOIX

### **Partenaire 2 :**

INRA, UR 631, Station d'Amélioration Génétique des Animaux (SAGA), Castanet Tolosan

**Responsable scientifique :** Jean Michel ELSÉN

### **Partenaire 3 :**

INRA, UR 339, Laboratoire de Génétique Biochimique et Cytogénétique (LGBC), *Jouy en Josas*

**Responsable scientifique :** Gérard GUERIN

### **Partenaire 4 :**

Centre de Médecine Sportive - Service de Physiologie (CEMESPO), *Liège, Belgique*

**Responsable scientifique:** Pierre LEKEUX

### **Partenaire 5 :**

Faculté de médecine vétérinaire, Unité de Génomique Animale (UGA), *Liège, Belgique*

**Responsable scientifique:** Michel GEORGES

**Regulation of oocyte gene expression: a key for cattle breeding strategies**

**OVOGENAE2**

<b>Responsable Scientifique du Projet :</b>	Rozen DALBIES-TRAN dalbies@tours.inra.fr  INRA UMR PRC 8599, Physiologie de la Reproduction et des Comportements 37380 Nouzilly
---	--

**Mots clés :** Oocyte, Embryon, Bovine, Gene expression, Cytoplasmic polyadenylation, Fertility

**Résumé**

L'aptitude de l'ovocyte à générer un embryon viable est associée à un répertoire d'expression complexe. Le bovin apparaît un modèle d'étude pertinent, grâce à des modèles différentiels de qualité ovocytaire et à l'activation tardive du génome de l'embryon. Outre ces aspects scientifiques, l'incidence élevée des pertes embryonnaires précoces met en cause la qualité ovocytaire dans la baisse de fertilité des vaches laitières.

Dans ce programme, nous proposons de tirer parti des récents progrès en génomique bovine (séquençage/annotation du génome, puces à haute densité) et de nos propres travaux dont le programme OVOGENAE (vaches de qualité ovocytaire contrastée, gènes ovocyte « spécifique », macroréseaux dédiés à l'ovocyte/embryon...) pour analyser l'expression génique associée à la compétence au développement, à travers trois axes principaux : I) variabilité génétique, II) modèles physiologiques et expérimentaux de qualité ovocytaire, III) activation du génome embryonnaire.

Ce programme améliorera la connaissance des évènements moléculaires qui sous-tendent l'aptitude de l'ovocyte à soutenir le développement embryonnaire chez les mammifères. Il mettra en évidence des marqueurs de qualité ovocytaire qui pourront être implémentés dans les schémas de sélection bovine.

## Partenaires du projet

### **Partenaire 1 :**

INRA, UMR PRC 8599, Physiologie de la Reproduction et des Comportements (PRC), INRA/Haras Nationaux/Université Tours, *Nouzilly*

**Responsable scientifique** : Rozenn DALBIES-TRAN

### **Partenaire 2 :**

UNCEIA, Entreprise, Union Nationale des Coopératives d'Elevage et d'Insémination Animale, Département Recherche Développement, *Maison Alfort*

**Responsable scientifique** : Patrice HUMBLOT

### **Partenaire 3 :**

INRA, UR 339, Laboratoire de Génétique biochimique et de Cytogénétique (LGBC), *Jouy en Josas*

**Responsable scientifique** : André EGGEN

### **Partenaire 4 :**

INRA, UMR 1198, Unité mixte de Recherche. Biologie du Développement et de la Reproduction (BDR), INRA/CNRS/ENVA, *Jouy en Josas*

**Responsable scientifique** : Véronique DURANTHON

**Construction of a high-density Tilapia RH map**

**PERCIMAP**

<b>Responsable Scientifique du Projet :</b>	Catherine OZOUF-COSTAZ ozouf@mnhn.fr  CNRS UMR 7138, "Systématique Evolution, Adaptation" 57 rue Cuvier 75 231 PARIS CEDEX 05
---	---

**Mots clés:** Perciforms, Sex-determination, Cichlid, Consortium, Short-gun

**Résumé**

Tilapia est le nom commun regroupant plusieurs espèces de poissons dont les connaissances concernant leur biologie sont parmi les plus développées. Par ailleurs ces espèces présentent une très grande adaptabilité aux conditions environnementales qui leur permet d'occuper un grand nombre de niches écologiques. A ce titre, le tilapia *Oreochromis niloticus* a été choisi comme espèce modèle pour le séquençage complet de son génome par le NIH. Dans le cadre de ce projet nous proposons de construire un panel d'hybrides cellulaires (RH) comme support à la construction d'une carte RH à haute densité de marqueurs du génome de tilapia. Le but de cette carte est multiple. Par le choix des marqueurs, la carte RH permettra d'intégrer les cartes de liaisons génétiques et physiques. Elle facilitera l'assemblage des données de séquences produites par shotgun et devrait donner à ce dernier une position centrale de poisson modèle pour les Perciformes qui regroupent un grand nombre d'espèces d'intérêt aquacole majeur, en particulier du point de vue des gènes impliqués dans le déterminisme génétique du sexe.

## Partenaires du projet

### **Partenaire 1 :**

CNRS, UMR 7138, "Systématique Evolution, Adaptation",  
SEA/CNRS/UPMC/MNHN/IRD/ ENS, *Paris*

**Responsable scientifique** : Catherine OZOUF-COSTAZ

### **Partenaire 2 :**

CIRAD, UPR 20, Aquaculture et Gestion des Ressources Aquatiques, *Montpellier*

**Responsable scientifique** : Jean-François BAROILLER

### **Partenaire 3 :**

CNRS, UMR 6061, Institut de Génétique et Développement de Rennes (IGDR),  
CNRS/Université de Rennes1/INSERM, *Rennes*

**Responsable scientifique** : Christophe HITTE

**Regulation of Early Folliculogenesis**

**REFOLLIS**

**Responsable Scientifique du  
Projet :**

Mme Agnès BONNET  
agnes.bonnet@toulouse.inra.fr

INRA  
UMR 444 Laboratoire de Molécule Cellulaire  
(LGC)  
Chemin de Borderouge  
31326 Castanet Tolosan

**Mots clés :** reproduction, ovaire, folliculogénèse, mouton, transcriptome, microdissection

**Résumé**

Mise en œuvre d'une méthode d'analyse des stades précoces de la folliculogénèse chez le mouton par analyse du transcriptome comprenant :

- 1) La mise au point de la collecte d'ovocytes et de cellules de granulosa sur des follicules primordiaux, primaires et secondaires, par microdissection laser
- 2) La mise au point des méthodes d'amplification des ARN et d'hybridation hétérologue sur puces Affymetrix
- 3) La mise au point des cultures organotypiques de gonades fœtales pour l'étude des gènes in vitro.

Ce projet inclut également la production d'animaux hétérozygotes pour la mutation (FecXL) en vue de l'obtention de foetus femelles homozygotes . Cette mutation FecXL chez la brebis de race Lacaune affecte le gène BMP15 et provoque le blocage de la folliculogénèse au stade du follicule primaire chez les animaux homozygotes FecXL<sup>-/-</sup>. L'identification 1) des gènes impliqués dans les stades précoces de la folliculogénèse 2) des cibles de BMP15, fera l'objet d'un deuxième projet.

## Partenaires du projet

### **Equipe 1 :**

INRA, UMR 444, Laboratoire de génétique cellulaire, INRA/ Ecole Vétérinaire de Toulouse, *Castanet Tolosan*

**Responsable scientifique :** Agnès BONNET

### **Equipe 2 :**

INRA, UR 631, Station d'Amélioration Génétique des Animaux, *Castanet Tolosan*

**Responsable scientifique :** Loys BODIN

### **Equipe 3 :**

INRA, UMR 1198, Biologie du Développement et de la Reproduction (BDR), INRA/CNRS/ENVA, *Jouy en Josas*

**Responsable scientifique :** Corinne COTINOT

## Appel à projets ANR 2007 du Programme GÉNANIMAL

### Identification de gènes contrôlant la résistance à la Fièvre de la Vallée du Rift chez les mammifères domestiques

#### RESISTFEVER

<b>Responsable Scientifique du Projet :</b>	Jean-Jacques PANTHIER panthier@pasteur.fr  CNRS URA 2578, Bases génétiques, moléculaires et cellulaires du développement 25 rue du Docteur Roux 75 724 PARIS CEDEX 05
---	---

**Mots clés :** Génétique, Santé animale, Interaction hôte-pathogène, Variabilité phénotypique, Approche comparative entre espèces, Zoonose

#### Résumé

Le virus de la fièvre de la Vallée du Rift (FVR) est responsable d'une arbovirose des ruminants. La maladie est présente sous forme d'enzootie ou d'épizootie le long de la côte Est et Sud de l'Afrique, à Madagascar, en Egypte, en Afrique de l'Ouest et maintenant au Moyen-Orient. L'importance de la Fièvre de la Vallée du Rift pour la Santé animale est solidement documentée. L'épidémie de 1950 en Afrique du Sud a tué 100.000 ovins et causé 500.000 avortements. Les effets d'une infection par le virus FVR sont variables d'une race de ruminants à l'autre. Les races indigènes peuvent être infectées, mais elles restent asymptomatiques. Les races importées sont très sensibles au virus. Notre hypothèse est qu'une partie de la variabilité de la réponse au virus est due à des facteurs génétiques de l'hôte. L'objectif du projet est d'identifier des régions chromosomiques et des gènes, associés à une sensibilité accrue ou à une résistance au virus FVR. Des infections expérimentales de souris hybrides entre lignées sensibles et résistantes au virus FVR nous permettront d'identifier les facteurs génétiques responsables de la variabilité des effets du virus. Nous testerons l'implication des régions chromosomiques et des gènes identifiés dans la résistance et la sensibilité des races de ruminants africains.

## Partenaires du projet

### **Partenaire 1 :**

CNRS, URA 2578, Bases génétiques, moléculaires et cellulaires du développement, INRA/CEA/IC, *Paris*

**Responsable scientifique :** Jean-Jacques PANTHIER

### **Partenaire 2 :**

Institut Pasteur, Unité de Génétique moléculaire des Bunyaviridés, *Paris*

**Responsable scientifique :** Michel BOULOY

### **Partenaire 3 :**

International Livestock Research Institute , Animal genetic resources (AGR), *Nairobi, Kenya*

**Responsable scientifique :** Olivier HANOTTE

**Reconstruction de génomes ancestraux et identification de séquences régulatrices chez les vertébrés**

**GENOVERT**

<b>Responsable Scientifique du Projet :</b>	Hugues ROEST-CROLLIUS hrc@ens.fr  CNRS UMR 854, Régulation de l'Expression Génétique (LGM) 46 rue l'Ulm 75005 Paris
---	---

**Mots clés :** Génomique, Bioinformatique, Evolution, Régulation, Vertébrés

**Résumé**

L'étude des vertébrés à partir de la séquence de leurs génomes est un sujet d'importance majeure pour comprendre leur évolution, découvrir les bases moléculaires des fonctions centrales qu'ils ont en commun et les innovations spécifiques aux différentes espèces. Aujourd'hui ces études portent naturellement sur la comparaison entre génomes d'espèces contemporaines. Dans ce contexte notre projet a deux objectifs. Le premier consiste à reconstruire par des méthodes informatiques la structure d'au moins 11 génomes de vertébrés ancestraux, dont l'ancêtre des boréoeuthériens, des mammifères, des amniotes et des poissons téléostéens. De même que la paléontologie ne pourrait s'imaginer sans fossiles, nous sommes convaincus que la disponibilité de points de références communs aux espèces modernes – les génomes des espèces dont ils descendent – est essentielle aux progrès du génomique comparatif. Le deuxième objectif vise à identifier la séquence d'éléments de régulation et leurs gènes cibles en une seule étape dans les génomes de poissons téléostéens. Nous exploiterons pour cela la duplication complète de leur génome ancestral, suivi par des validations in vivo. Ces études intégreront les génomes d'espèces modèles en biologie mais également le génome de la vache, du cheval, du porc, du poulet et la carte génétique de la truite.

## Partenaires du projet

### **Partenaire 1:**

CNRS, UMR 8541, Régulation de l'Expression Génétique (LGM), CNRS/ENSP,  
*Paris*

**Responsable scientifique :** Hugues ROEST-CROLLIUS

### **Partenaire 2 :**

SARS, International Center for Marine Biotechnology (BECKER LAB), *Norvège*

**Responsable scientifique :** Thomas BECKER



**INRA**

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