



HAL
open science

Stratégie de cartographie intégrée du microchromosome 16 porteur du Complexe Majeur d’Histocompatibilité et des régions organisatrices du nucléole chez la poule domestique (*Gallus gallus*).

Romain Solinhac, Sophie S. Leroux, Svetlana Galkina, S. Derjusheva, E. Gaginskaya, Katia K. Feve, Florence F. Vignoles, Mireille Morisson, Alain Vignal, Alain Pinton, et al.

► To cite this version:

Romain Solinhac, Sophie S. Leroux, Svetlana Galkina, S. Derjusheva, E. Gaginskaya, et al.. Stratégie de cartographie intégrée du microchromosome 16 porteur du Complexe Majeur d’Histocompatibilité et des régions organisatrices du nucléole chez la poule domestique (*Gallus gallus*).. GDR de Cytogénomique, 2009, Rennes, pp.Inconnu. hal-02822388

HAL Id: hal-02822388

<https://hal.inrae.fr/hal-02822388>

Submitted on 6 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.

Stratégie de cartographie intégrée du microchromosome 16 porteur du Complexe Majeur d'Histocompatibilité et des régions organisatrices du nucléole chez la poule domestique (*Gallus gallus*)

Solinhaç Romain*¹, Leroux Sophie*¹, Galkina Svetlana², Derjusheva Svetlana², Gaginskaya Elena², Feve Katia¹, Vignoles Florence¹, Morisson Mireille¹, Vignal Alain¹, Pinton Alain¹, Fillon Valérie¹, Pitel Frédérique¹, Bed'hom Bertrand³

¹UMR444 LGC, INRA-ENVT, 31326 CASTANET-TOLOSAN ; ² Saint-Petersburg State University, Oranienbaumskoie sch. 2, Sary Peterhof, SAINT-PETERSBURG, 198504, RUSSIE ; ³ UMR1313 GABI, INRA-AgroParisTech, 78352 JOUY-EN-JOSAS

Le microchromosome 16 (GGA16) est l'une des trente paires de microchromosomes du caryotype de la Poule. Malgré sa très petite taille, estimée à 10 Mb, il est très riche en gènes, qui possèdent des introns souvent extrêmement courts, et présente un fort point chaud de recombinaison. Il porte à lui seul les régions organisatrices du nucléole (gènes ribosomiques, NOR) et le complexe majeur d'histocompatibilité (CMH). Ce dernier joue un rôle central dans la réponse immunitaire et présente la particularité, par rapport aux génomes de mammifères, d'être organisé en deux complexes géniques génétiquement indépendants : le complexe B et le complexe Y. La présence des séquences répétées des gènes ribosomiques, ainsi que les similitudes fortes constatées entre les gènes du CMH ont rendu délicate la réalisation d'une carte physique moléculaire et le séquençage de ce microchromosome. L'information génétique dont on dispose sur cette région du génome s'en trouve du coup peu fournie alors même qu'elle est impliquée dans de nombreux caractères d'intérêt (réponse différentielle aux pathogènes notamment). En effet, seuls 433 kb de ce chromosome sont décrits dans l'assemblage du génome de la poule récemment publié. De plus, la position relative des NOR et des complexes du CMH n'était pas connue au début de ce travail.

Afin d'approfondir la connaissance de ce microchromosome original, nous avons intégré différentes stratégies de cartographie. Nous avons ainsi construit une carte d'irradiation et une carte génétique. Nous avons notamment criblé une banque de BAC (Bacterial Artificial Chromosomes) pour développer de nouveaux marqueurs. Les BAC sélectionnés ont été utilisés pour effectuer des expériences d'hybridation *in situ* en fluorescence (FISH) sur des chromosomes en écouvillon. Ces chromosomes sont observés au stade diplotène de la première division de méiose femelle, ils sont 30 fois plus grands que les chromosomes mitotiques, et permettent de visualiser les chiasmas. Il a été ainsi possible d'obtenir une cartographie FISH plus précise que sur métaphase classique et de positionner les points de recombinaison. L'intégration des cartographies d'irradiation, génétique et cytogénétique a permis de déterminer le positionnement relatif des complexes NOR, Y et B sur GGA16.

Par ailleurs, nous sommes en train de générer une fraction spécifique de ce microchromosome par microdissection afin d'en réaliser le séquençage ciblé au Génoscope .