

La diversité génomique, source de bonne santé!

Claire Rogel Gaillard

► **To cite this version:**

Claire Rogel Gaillard. La diversité génomique, source de bonne santé!. Dossier de presse INRAE - One Health, une seule santé pour la Terre, les animaux et les Hommes, 2020, pp.27. hal-02911783

HAL Id: hal-02911783

<https://hal.inrae.fr/hal-02911783>

Submitted on 4 Aug 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.

La diversité génomique, source de bonne santé !

Claire Rogel-Gaillard

Lors des épisodes de grippe saisonnière ou de rhume, certains individus ne sont jamais affectés, alors que d'autres tombent régulièrement malades. Il en va de même pour les animaux. Prenez les porcelets par exemple. Lors du sevrage, certains vont contracter des pathologies, et peut-être en mourir, tandis que d'autres, bien qu'élevés dans les mêmes conditions, résisteront aux maladies ou les surmonteront sans grand dommage. Depuis de nombreuses années, des chercheurs d'INRAE s'attachent à identifier les déterminants impliqués dans les défenses immunitaires des animaux. On sait à présent que celles-ci dépendent non seulement de l'animal, mais aussi de l'ensemble des communautés microbiennes (microbiote) qu'il abrite. C'est donc au niveau de cet assemblage, appelé holobionte, et des interactions continues et réciproques entre l'hôte et son microbiote que s'orientent les recherches. Récemment, les scientifiques ont par exemple établi un lien entre la composition du microbiote intestinal avant vaccination et l'intensité de la réponse immunitaire à la vaccination (vaccination contre *Mycoplasma hyopneumoniae* ou contre le virus de la grippe chez le porc).

La composition de la flore intestinale dépend de nombreux facteurs environnementaux, tels que l'alimentation et les pratiques d'élevage, mais elle est aussi pour partie contrôlée par le génome de l'hôte. Les scientifiques cherchent à caractériser les régions du génome de l'hôte qui influent sur la diversité de composition du microbiote, afin de mieux comprendre les multiples interactions qui existent entre l'hôte et son microbiote et qui contribuent notamment aux réponses immunitaires de chaque individu. Au-delà des réponses individuelles, il est également important de considérer la robustesse de la population dans son ensemble. En effet, pour faire face à la variété d'agents pathogènes qu'elle est susceptible de rencontrer, une population doit maintenir une diversité de modalités de réponses pour se défendre. En augmentant la fréquence de certains variants génétiques, la sélection des animaux sur leurs performances productives peut entraîner une diminution de la variabilité génétique des populations d'élevage pour d'autres caractères, comme la capacité immunitaire. Il est donc important de caractériser et préserver conjointement la diversité génétique et fonctionnelle des hôtes et de leurs microbiotes, afin de favoriser la multiperformance des élevages et la santé globale.