

L. Pepin¹E. Camus²G. Matheron¹A. Bensaïd¹

Use of microsatellites as genomic markers to study resistance to cowdriosis *

PEPIN (L.), CAMUS (E.), MATHERON (G.), BENSAID (A.).
Utilisation de microsatellites comme marqueurs génomiques pour l'étude de la résistance à la cowdriose. *Revue Élev. Méd. vét. Pays trop.*, 1993, **46** (1-2) : 209

Les chèvres Crème de Guadeloupe sont considérées comme appartenant à une même race. Néanmoins, selon leur origine géographique, elles peuvent être résistantes ou sensibles à la cowdriose. Une étude antérieure a montré que la résistance est probablement sous contrôle génétique. Le but de l'étude actuelle est de fournir les outils de base pour trouver des marqueurs génomiques de chèvre ayant une corrélation avec la résistance à la cowdriose. Afin d'accomplir cette tâche il faut détecter des régions très polymorphiques distribuées de façon égale sur le génome pour servir de repères. Ainsi, des portions du génome impliquées dans la détermination d'un caractère donné peuvent être suivies dans des populations. De tels repères existent, ce sont les microsatellites; ils ont déjà été utilisés avec succès pour cartographier certains traits de la souris et de l'espèce humaine. Des séquences microsatellites sont composées de répétitions de di- ou tri-nucléotides, le polymorphisme étant basé sur le fait que le nombre de répétitions peut varier entre individus. Si elles sont flanquées par des séquences non-répétitives, elles peuvent être détectées facilement par la technique de réaction en chaîne de polymérase (RCP). Des amores délimitant cinq microsatellites, caractérisées auparavant dans le génome bovin, ont été appliquées avec succès au génome caprin. De l'ADN de 70 chèvres, dont 30 chèvres Crème, 10 Sahélienne, 10 Guinéenne, 10 de race Saanen et 10 de race Alpine, a été préparé et soumis à la RCP. Du polymorphisme a été détecté dans les cinq satellites et 3, 4, 8, 14 et 15 allèles ont été démontrés respectivement pour chaque microsatellite. D'autres microsatellites ont été trouvés utiles et seront soumis à des tests plus approfondis. En même temps, des familles de chèvres Crème sont constituées par croisements d'animaux résistants et sensibles. La technologie décrite ici sera appliquée à l'ADN de chèvres de la génération F1 pour déterminer si la ségrégation d'une région polymorphe donnée est liée au caractère de la résistance à la cowdriose.

PEPIN (L.), CAMUS (E.), MATHERON (G.), BENSAID (A.). Use of microsatellites as genomic markers to study resistance to cowdriosis. *Revue Élev. Méd. vét. Pays trop.*, 1993, **46** (1-2) : 209

Creole goats from Guadeloupe are considered to belong to a same breed. However, following their geographical origin, they can be resistant or susceptible to cowdriosis. A previous study showed that resistance to cowdriosis is most likely under genetic control. The aim of the present study is to provide the basic tools in order to find goat genomic markers correlating with resistance to cowdriosis. What is

needed to accomplish such a task is to detect highly polymorphic regions evenly distributed through the genome which will serve as landmarks. Thus, portions of the genome involved in determining a given character can be followed in populations. Such useful landmarks exist and are called microsatellites; they have already been used with success to map particular traits in the mouse and human species. Microsatellite sequences are composed of di- or trinucleotide repeats, the polymorphism is based on the fact that the number of repeats can vary between individuals. If flanked by non-repetitive sequences, they can be easily detected by the polymerase chain reaction (PCR) techniques. Primers surrounding five microsatellites, which were previously characterized in the bovine genome, were successfully applied on the goat genome. DNA from 70 goats of the Creole (30), Sahelian (10), Guinean (10), Saanen (10) and Alpina (10) breeds was prepared and subjected to PCR. Polymorphism was detected in all five satellites and 3, 4, 8, 14 and 15 alleles were revealed for each microsatellite, respectively. More microsatellites have been found to be useful and will be tested further. Concurrently, Creole goat families involving the crossing of resistant and susceptible animals are being constituted. The technology described here will be applied on DNA of goats of the F1 generation to assess whether a given polymorphic genetic region segregates with the character of resistance to cowdriosis.

PEPIN (L.), CAMUS (E.), MATHERON (G.), BENSAID (A.). Uso de microsatélites como marcadores genotípicos para el estudio de la resistencia a la cowdriosis. *Revue Élev. Méd. vét. Pays trop.*, 1993, **46** (1-2) : 209

Actualmente se considera que todas las cabras "Creole" de Guadalupe pertenecen a la misma raza. Sin embargo, si se sigue el origen geográfico, éstas pueden ser resistentes o susceptibles a la cowdriosis. Un estudio anterior mostró que la resistencia a la cowdriosis se debe principalmente a factores genéticos. La finalidad del presente estudio es la de proveer las herramientas básicas para identificar los marcadores genómicos relacionados con la cowdriosis. Para alcanzar dicha meta, deben detectarse las regiones altamente altamente polimórficas que se encuentren distribuidas homogéneamente en el genoma, las cuales servirán de guía. Se sabe que partes del genoma, involucradas en la determinación de un determinado carácter, pueden ser seguidas en las poblaciones. Las guías mencionadas existen y se conocen como microsatélites. Estos microsatélites se han utilizado con éxito en el seguimiento de caracteres particulares en ratones y humanos. Las secuencias de microsatélites se componen de repeticiones de di o tri-nucléótidos. El polimorfismo se basa en el hecho de que cantidad de repeticiones puede variar entre los individuos. Si éstas se acompañan de secuencias no repetitivas, pueden ser detectadas fácilmente mediante técnicas de reacciones en cadena de polimerasas (PCR). Los "primers" que rodean a cinco microsatélites, caracterizados previamente en el genoma bovin, han sido aplicados exitosamente en el genoma caprino. Se preparó y se sometió a PCR el ADN de 70 cabras, de razas Creole (30), Sahelina (10), Guineana (10), Saanen (10) y Alpina (10). Se detectaron polimorfismos en los cinco satélites y los alelos 3, 4, 8, 14 y 15 se revelaron en cada microsatélite, respectivamente. Se han encontrado más microsatélites útiles, los cuales serán examinados posteriormente. Paralelamente, se han constituido familias de cabras Creole en relación con los cruces de animales resistentes y susceptibles. La tecnología descrita se aplica al ADN caprino de la F1, con el fin de asegurar que una determinada región genética polimórfica segregue con el carácter de resistencia a la cowdriosis.

1. CIRAD-EMVT, 10 rue Pierre Curie, 94704 Maisons-Alfort Cedex, France.

2. CIRAD-EMVT, BP 1232, 97185 Pointe-à-Pitre, Guadeloupe.

* Seuls les résumés de cette communication sont publiés dans ce volume.