



Note d'information

“Développement de nouvelles méthodes d'évaluation et de sélection porcine utilisant les avancées en génétique moléculaire”



Projet financé par le programme CARD de AAC

1. Objectifs du projet

Le projet vise à contribuer à l'amélioration génétique et économique de la production porcine en exploitant les récentes innovations scientifiques. Ceci inclut l'évaluation des différentes avancées en génétique moléculaire et des bénéfices permis par leur application à la production porcine, ainsi que le développement de nouvelles stratégies et méthodes pour intégrer la génétique moléculaire dans le programme canadien d'amélioration génétique porcine, et des recommandations pour le choix des tests ADN et des marqueurs à génotyper.

2. État d'avancement du projet

Le projet en est à la fin de la 2ème étape, dans un planning de travail qui en comporte quatre :

✚ **Étape 1** : La situation actuelle concernant la recherche en génétique moléculaire porcine, y compris les gènes candidats, les SNP et les QTLs cartographiés, les méthodes de cartographies et leur influence sur la précision de la détection, et les moyens d'utiliser l'information moléculaire et les approches statistiques liées ont été évalués. Un rapport intitulé « Intégration de la génétique moléculaire dans les programmes de sélection porcine », discuté avec le groupe de travail sur la recherche en génétique moléculaire pour le porc.

✚ **Étape 2** : L'impact économique potentiel de l'utilisation de l'information moléculaire a été évalué. Ceci inclut les gènes candidats prometteurs et les QTLs cartographiés, ainsi que les résultats de travaux de simulation comparant les progrès génétiques dans différentes situations. Les résultats seront présentés lors de la prochaine réunion du Comité Génétique.

✚ **Étape 3** : Des méthodes permettant l'intégration de l'information moléculaire seront développées, y compris la détermination d'indices combinant de l'information aux marqueurs et des IPG BLUP, les coefficients de ces indices et l'évaluation de la réponse à la sélection dans le cas de l'utilisation d'un tel indice combiné.

✚ **Étape 4** : Un plan stratégique pour la recherche en génétique moléculaire porcine sera élaboré, incluant les plans de croisement, des recommandations pour les acteurs de la production porcine et des articles scientifiques.

3. Quelques suggestions basées sur les tâches terminées

✚ Un grand nombre de gènes candidats et de QTLs ont été détectés chez le porc. Les organisations de sélection porcine utilisent déjà la sélection assistée par marqueurs pour améliorer la production selon Rothschild & Plastow (1999) et Klont & al. (2001). **Les cas où l'information moléculaire est**

particulièrement utile concernent les caractères non mesurables sur l'animal vivant, comme la qualité de la viande; les caractères faiblement héréditaires, comme la reproduction; les caractères mesurables chez un seul sexe; la résistance aux maladies et la sélection précoce. Pour la production porcine canadienne, il semble plus utile de considérer **l'information sur l'ADN pour les caractères de qualité de viande et de reproduction dans un indice combinant l'information moléculaire et les IPG**. Des méthodes statistiques dans ce sens sont en cours de développement.

-  Un des gènes prometteurs est le gène de la **protéine cardiaque de liaison aux acides gras (HFABP)**. Ce gène a été identifié comme gène majeur dans le déterminisme du persillage de la viande et du taux de gras intramusculaire (IMF), avec 1/8 à 1/4 de la variance de l'IMF expliquée. Il n'a pas d'effet sur l'épaisseur de gras dorsal, et est polymorphe chez toutes les races testées jusqu'à présent. Ce gène offre la possibilité d'augmenter le persillage tout en maintenant la sélection pour le rendement en maigre. Les tests ADN pour ce gène sont recommandés (1) pour produire des porcs ayant un niveau voulu de gras intramusculaire en choisissant des verrats ayant un génotype HFABP connu ou (2) pour augmenter le taux de gras intramusculaire, en maintenant la sélection pour un niveau élevé de rendement en maigre.
-  Un autre gène important est le **gène du facteur de croissance mimant l'insuline 2 (IGF2)**. Ce gène influence le taux de maigre de la carcasse, et explique près de 25% de la variance phénotypique de ce caractère. Il s'agit d'un gène à effet d'empreinte. Seuls les allèles transmis par le père s'expriment chez les descendants, et non ceux transmis par la mère. Les tests ADN pour ce gène sont conseillés pour améliorer l'homogénéité de l'adiposité des carcasses. Cette suggestion est basée sur le fait que (1) les gènes de la truie à ce locus ne s'expriment pas et donc ne créent pas de variabilité parmi les descendants, (2) les verrats homozygotes, en particulier les verrats d'IA peuvent avoir un grand nombre de descendants et (3) l'effet du gène est très important. Le mécanisme d'empreinte génétique de ce gène majeur peut aussi être utilisé pour produire des porcs commerciaux ayant un niveau voulu de rendement en maigre, à partir de truies plus grasses. En effet, seuls les allèles favorables venant du verrot s'expriment chez les descendants.
-  Les effets négatifs du **gène Halothane**, comme la fréquence accrue de mortalité due au stress et de viandes PSE, la croissance plus lente, l'appétit plus faible et les portées plus petites, sont largement documentés. Depuis quelques années, le gène Hal a été détecté et systématiquement éliminé chez les verrats dans les populations en sélection. Dans certaines régions, le test a également concerné les truies. Cependant, le gène Hal existe toujours dans les populations commerciales (Webb, 2003). Une enquête visant à connaître le statut Halothane est suggérée par le CCAP pour développer une stratégie efficace visant à contrôler ce gène indésirable.
-  Une mutation du **gène codant pour le récepteur c-Kit**, connu comme l'allèle dominant blanc, perturbe le développement des mélanocytes chez l'embryon. Ce gène est par conséquent utile dans la détection de la transmission des

couleurs indésirables au sein des races blanches. Dans certains pays, tels que la Chine, l'homogénéité de la couleur est un caractère essentiel, indicateur de la pureté de la race. Des tests ADN pour ce gène peuvent être particulièrement utiles pour promouvoir la génétique canadienne sur le marché international. Des tests pour ce gène peuvent être organisés avec le Centre de Recherche AAC de Lacombe (Dr. Jon Meadus) et avec l'Université de Guelph (Dr. Su Chen).

- ✚ La mise en place d'une banque d'ADN est un moyen efficace pour réaliser de la cartographie génétique et des génotypages, des tests de paternité et une utilisation ultérieure en sélection. Des banques d'ADN porcine ont été créées très tôt dans certains pays, comme le Japon (1994) et la France (1999). Il y a un réel besoin d'une telle banque nationale d'ADN au Canada.



Centre canadien pour l'amélioration des porcs inc.

Central Experimental Farm, Building #54, Maple Drive.

Ottawa, Ontario, K1A 0C6, Canada

Tel: (613) 233-8872

Fax : (613) 233-8903

<http://www.ccsi.ca>

Email : info@ccsi.ca

