

Évaluation du potentiel de la génomique pour l'amélioration génétique des porcs

Projet soumis au CDAQ Résumé

Contexte

Depuis de nombreuses années, la sélection des porcs est réalisée sur la base d'un contrôle de performances de production et de reproduction des animaux de race pure. Ces performances sont exploitées conjointement avec les généalogies à l'aide de méthodologies statistiques de pointe afin d'estimer le potentiel génétique des animaux. Le Centre Canadien pour l'Amélioration des Porcs inc. (CCAP) est responsable de l'évaluation génétique des porcs de race pure contrôlés sur le programme canadien d'amélioration génétique des porcs.

Ces méthodes classiques de génétique quantitative ont fait leurs preuves et ont permis des améliorations majeures au niveau de plusieurs caractères d'intérêt économique tels que la taille de la portée, la vitesse de croissance et le rendement en maigre des carcasses.

Une véritable révolution est en cours dans le secteur de l'amélioration génétique. En effet, le génome porcine est presque complètement séquencé et de nouveaux outils font leur apparition, permettant de connaître la séquence d'ADN en de nombreux points sur tous les chromosomes. Il s'agit de puces à SNPs (SNP=Single Nucleotide Polymorphism) comportant plusieurs milliers de tests sur la diversité de la séquence d'ADN. Ces puces sont déjà disponibles dans d'autres espèces telles que le poulet et le bovin et sont déjà en phase de mise en application dans les principaux programmes de sélection. Par exemple, le Réseau laitier canadien prévoit la publication des premiers « indices génomiques » pour les taureaux laitiers au printemps 2009. Des études de validation chez les bovins laitiers ont montré que l'utilisation de la génomique pouvait presque doubler le progrès génétique sur certains caractères ayant une faible héritabilité.

Chez le porc, les toutes premières puces à SNPs seront disponibles en décembre 2008 et seront immédiatement testées par l'ensemble des pays et des compagnies œuvrant en génétique porcine. Les éleveurs de porcs canadiens, avec l'appui du Centre Canadien pour l'Amélioration des Porcs inc., ont à cœur de mettre en commun leurs forces et leurs moyens afin de pouvoir tester ces nouveaux outils et confirmer leur position de leaders et de pionniers en matière de sélection porcine.

Objectifs du projet

L'objectif global du projet est d'évaluer dans le contexte de l'industrie porcine canadienne l'application pratique de la sélection génomique pour l'amélioration génétique des différents caractères paternels et plus spécifiquement des caractères de la qualité de la viande

Les objectifs spécifiques incluent :

- l'utilisation des nouvelles technologies disponibles en génomique (puces à SNPs « single nucleotide polymorphism » ou SNP chips) pour le génotypage des porcs en station ;

- l'estimation des effets des SNPs en lien avec les performances des porcs en station selon les différentes races et lignées ;
- le développement des méthodologies afin d'inclure la génomique dans le calcul des valeurs génétiques;
- l'estimation des valeurs génomiques pilotes pour différents caractères paternels mesurés dans les épreuves en station ;
- le développement de la banque d'ADN en lien avec les performances des porcs en station ;
- la formulation des recommandations quant à l'utilisation des puces à SNPs en sélection porcine dans le contexte québécois et canadien.

Aspect novateur du projet proposé

Le principal aspect novateur de ce projet est l'utilisation de puces à SNPs, qui sera une première dans l'espèce porcine. Jusqu'à présent des gènes précis ont déjà été utilisés (Halothane, RN, IGF2, etc.) mais dans le cas de ces puces, des milliers de gènes (50 000 sites) seront testés tout au long du génome.

Ce type de technologie a commencé à être utilisé chez d'autres espèces dont le génome a été séquencé avant celui du porc, en particulier le poulet et le bovin. Dans les deux cas, la sélection génomique ouvre des possibilités immenses quant à de nouvelles pistes de sélection, sur des caractères déjà sélectionnés (ex. : production laitière et composantes du lait) et sur de nouveaux caractères encore peu exploités (ex. : résistance à la mammite, facilité de vêlage). En outre, l'accès à ce type d'information moléculaire offre l'opportunité d'évaluer et de mieux gérer la diversité génétique, beaucoup plus efficacement que simplement via le contrôle de la consanguinité. Cette diversité génétique est précieuse puisqu'elle est nécessaire afin de réaliser un progrès génétique.

Biens livrables anticipés

- Références pour les populations porcines canadiennes concernant le génotypage SNP par race;
- Résultats documentés sur les puces à SNPs et leur association avec de nombreux caractères de croissance, efficacité alimentaire, qualité de la carcasse, qualité de la viande et résistance aux maladies;
- Recommandations pour la filière porcine canadienne concernant le potentiel d'utilisation des puces à SNPs pour la sélection porcine et les stratégies afin d'optimiser leur utilisation.