

L'AMÉLIORATION GÉNÉTIQUE DES PORCS PAR LA SÉLECTION GÉNOMIQUE

Frédéric Fortin¹, Mohsen Jafarikia², Laurence Maignel², Stefanie Wyss², Jim Groves², Marie-France Palin³, Claude Gariépy⁴, Flavio Schenkel⁵, Claude Robert⁶, Brian Sullivan²

No de projet : 09-C-30

Durée : 04/2009 au 01/2013

FAITS SAILLANTS

La génomique est une science en pleine effervescence où de nouveaux outils de plus en plus abordables sont développés afin de démystifier le code génétique des porcs. Ces outils, tels que les puces à SNP, nous offrent des possibilités d'amélioration génétique des porcs que nous devons saisir. Par contre, pour arriver à intégrer ces nouveaux outils dans nos programmes de sélection, plusieurs avenues sont envisagées et doivent être développées, ce qui nécessite beaucoup de ressources. Ainsi, ce projet, de plus de trois ans, a sollicité la collaboration de plusieurs centres universitaires et de recherche et nous a permis d'apprendre que ces outils ont un potentiel réel pour l'amélioration génétique porcine. Les défis de l'intégration de ces outils à nos programmes de sélection sont les suivants : les coûts reliés au génotypage en continu, la prise de mesures sur les nouveaux caractères et la validation des résultats de la sélection génomique sur les performances des porcs commerciaux. L'intégration de ces nouveaux outils doit être appuyée par le développement de notre expertise et de nouvelles connaissances dans les divers domaines connexes de la génomique (ex. : transcriptomique, nutrigenomique, protéomique, épigénétique, etc.).

OBJECTIFS ET APERÇU DE LA MÉTHODOLOGIE

L'objectif principal de ce projet est d'évaluer le potentiel de la nouvelle puce porcine de 60 000 SNP et de développer des applications pratiques en sélection génomique pour l'amélioration génétique des porcs. Pour ce faire, le Centre de développement du porc du Québec inc. (CDPQ), en collaboration avec 19 sélectionneurs de porcs canadiens, a évalué des porcs de race pure en station d'épreuve afin de mesurer précisément les performances des porcs, entre autres sur des caractères difficiles et dispendieux à mesurer en routine, tels que la qualité de la viande et la conversion alimentaire. De plus, des échantillons d'ADN sur ces porcs, les parents et les frères et sœurs de ces porcs évalués dans les fermes de sélection ont été recueillis. DNA Landmarks était responsable de l'entreposage de ces échantillons, de l'extraction de l'ADN et du génotypage avec la puce de 60 000 SNP. Le Centre canadien pour l'amélioration des porcs (CCAP) a été impliqué dans chacune de ces étapes, mais plus précisément dans les phases de l'analyse des données, c'est-à-dire établir les liens entre le code génétique des animaux et les performances et de communication des résultats. D'autres partenaires importants comme le Centre de recherche et de développement sur les aliments de Saint-Hyacinthe (CRDA) (Claude Gariépy, chercheur), le Centre de recherche et de développement sur le bovin laitier et le porc (CRDBLP) (Marie-France Palin, chercheuse), l'Université de Guelph (Flavio Schenkel, chercheur) et l'Université Laval (Claude Robert, chercheur) ont été impliqués respectivement dans l'expression génique, les mesures approfondies de qualité de la viande, les analyses sur les SNP et le séquençage.

¹ Centre de développement du porc du Québec inc., Place de la Cité, tour Belle Cour, 2590, boulevard Laurier, bureau 450, Québec QC G1V 4M6

² Centre canadien pour l'amélioration des porcs inc., Ferme expérimentale centrale, Édifice 54, 960, avenue Carling, Ottawa ON K1A 0C6

³ Centre de recherche et de développement sur le bovin laitier et le porc, 2000, rue Collège, Sherbrooke QC J1M 0C8

⁴ Centre de recherche et de développement sur les aliments, 3600, boul. Casavant Ouest, Saint-Hyacinthe QC J2S 8E3

⁵ Université de Guelph, 50 Stone Rd E, Guelph ON N1G 2W1

⁶ Université Laval, 2325, rue de l'Université, Québec QC G1V 0A6

RÉSULTATS SIGNIFICATIFS POUR L'INDUSTRIE OU LA DISCIPLINE

Développement de banques d'ADN, de génotypes et de performances

Ce projet a permis le développement d'une banque d'ADN de 6 948 échantillons incluant des porcs évalués en station, leurs parents et leurs frères et sœurs évalués dans les fermes de sélection. Il a aussi permis de cumuler les performances zootechniques, de qualité de la carcasse et de la viande de 641 porcs de race pure, provenant de 19 éleveurs canadiens, évalués dans des conditions standards de la station de Deschambault. Un total de 1 350 échantillons d'ADN ont été génotypés dans un laboratoire à partir de la nouvelle puce de 60 000 SNP, offerte depuis janvier 2009. Ces données de génotypage et ces échantillons ont été nécessaires pour la réalisation de ce projet. Les programmes informatiques ont été développés pour la lecture, le stockage et les validations de ces nouvelles données. Ces données et programmes sont aujourd'hui une ressource précieuse et disponible pour d'éventuels développements, validations ou projets de recherche.

Les analyses des SNP

Il y a deux types d'analyse qui ont été effectuées à partir des données issues des puces à SNP, soit des GWAS (en anglais : *Genome wide association study*, ce qui se traduit en français par étude d'associations à l'échelle du génome entier) et des développements de valeurs génomiques. Les GWAS permettent d'identifier des variantes du code génétique associées aux performances (phénotype) des porcs. Ainsi, divers SNP ont été identifiés dans la race Yorkshire et le Landrace pour les caractères de conformation (Landrace : 232, Yorkshire : 54) et le nombre de nés totaux (Landrace : 80, Yorkshire : 8). Pour le Duroc, 274 SNP ont été associés à l'épaisseur de gras, 157 SNP à l'épaisseur de muscle, 83 SNP à la surface d'œil de longe, 248 SNP au rendement en viande maigre, 46 SNP au gras intramusculaire, 61 SNP au pH ultime, 69 SNP à l'échelle japonaise, 32 SNP à la perte en eau, 7 SNP à la réflectance et 22 SNP au persillage. Ces SNP ont été trouvés sur la plupart des chromosomes et plusieurs SNP se retrouvent dans des régions ayant des locus à caractères quantitatifs (LCQ ou QTL : *quantitative trait locus*) rapportés dans d'autres publications. D'autres SNP ont été trouvés dans de nouvelles régions nous permettant de mieux comprendre l'architecture génétique de ces caractères. Les développements des valeurs génomiques ont permis de montrer l'amélioration de la fiabilité des valeurs génétiques lorsque celles-ci intègrent les résultats des puces à SNP. Par exemple, la fiabilité des valeurs génétiques s'améliore de 20 % lors de l'évaluation de la taille de portée dans la race Yorkshire en considérant les données de la puce à 60 000 SNP comparativement à une simple moyenne des valeurs génétiques (IPG) des parents. Ainsi, les valeurs génomiques augmentent les progrès génétiques annuels pour certains caractères et ce résultat montre le potentiel d'application de la sélection génomique dans nos programmes de sélection.

Les analyses des marqueurs génétiques

Les tests effectués sur des marqueurs génétiques sont en fait une validation sur notre population de porcs de différents marqueurs à l'intérieur de gènes candidats ayant des effets sur les performances. Les marqueurs évalués sont : MC4R, CAST, HMGA1, PRKAG3, CCKAR, CCR7, CPT1A, ESR, IGF1, adiponectine et les gènes récepteurs d'adiponectine. Plusieurs associations ont été observées entre ces marqueurs et des caractères d'importance économique. Ainsi, ce projet a montré que pour certains marqueurs, les résultats concordaient avec la littérature et des recommandations ont été émises pour sélectionner ou non en fonction de ces marqueurs tandis que pour d'autres, plus de données étaient nécessaires pour clarifier les recommandations.

Expressions des gènes et séquençage

Ce projet a permis l'analyse des niveaux d'ARN messagers (expression des gènes) qui diffèrent entre les animaux ayant une qualité de la viande supérieure et inférieure pour plusieurs gènes candidats. De plus, une étude plus approfondie a été réalisée pour identifier des régions ou des nouveau SNP dans les séquences de régulation qui peuvent influencer l'expression des gènes par le *NimbleGen Sequence Capture technology*. Ainsi, plusieurs nouveaux SNP prometteurs ont été identifiés dans ce

projet à partir de ces analyses et des validations sont nécessaires pour connaître l'effet de ces SNP sur la qualité de la viande dans nos populations.

Validation d'anomalies génétiques

En collaboration avec un chercheur du USDA, 134 échantillons d'ADN (incluant tous les échantillons des porcs morts au cours de l'évaluation en station) ont été testés pour une nouvelle mutation associée à des morts subites chez le porc. Heureusement, ces tests ont montré l'absence de cette mutation dans nos populations de porcs Yorkshire, Landrace et Duroc. Ainsi, ce projet a démontré le potentiel de la puce et des données recueillies pour identifier des anomalies génétiques.

Diffusion, vulgarisation, communication et réseautage

La vulgarisation de la génomique et de ses applications en sélection génétique pour les sélectionneurs et les producteurs commerciaux est un aboutissement important de ce projet. De plus, beaucoup d'efforts ont été investis pour communiquer les résultats de ce projet de recherche aux sélectionneurs et à la communauté scientifique afin de faire avancer les connaissances et pour améliorer le réseautage au sein du secteur de la recherche en génétique porcine. Au total, 16 présentations à l'industrie, 14 affiches à l'échelle provinciale, nationale et internationale ainsi que 3 rapports ont été réalisés jusqu'à maintenant.

POINT DE CONTACT POUR INFORMATION

Nom du responsable du projet : Frédéric Fortin
Téléphone : 418 650-4310
Télécopieur : 418 650-1626
Courriel : ffortin@cdpg.ca

REMERCIEMENTS AUX PARTENAIRES FINANCIERS

Ce projet a été réalisé grâce à une aide financière des partenaires suivants :

Ministère de l'Agriculture, des Pêcheries et de l'Alimentation (MAPAQ), dans le cadre du Volet C du Programme d'appui financier aux regroupements et aux associations de producteurs désignés;

Conseil pour le développement de l'agriculture du Québec (CDAQ), du Conseil agricole du Nouveau-Brunswick, Agri-Futures Nova Scotia, Agricultural Adaptation Council Ontario et Manitoba Rural Adaptation Council. Le financement provient du Programme pour l'avancement du secteur canadien de l'agriculture et de l'agroalimentaire (PASCAA) d'Agriculture et Agroalimentaire Canada (AAC);

La Grappe Porcine Canadienne de Recherche et de Développement, une initiative du programme de stimulation de l'agro-innovation canadienne - Initiative des grappes agro-scientifiques canadiennes du ministère d'Agriculture et Agroalimentaire Canada (AAC)

Fédération des producteurs de porcs du Québec (FPPQ);

Centre canadien pour l'amélioration des porcs inc. (CCAP);

Ontario Swine Improvement inc. (OSI);

Éleveurs de porcs canadiens;

Western Swine Testing Association (WSTA).