

La génomique s'attaque au porc

Le Centre de développement du porc du Québec (CDPQ) effectue la première phase d'un important projet de recherche sur le génome porcin. Les résultats déboucheront sur une meilleure sélection génétique.



PHOTOS : MARIE-JOSÉE PARENT

Ces porcs des races Yorkshire, Duroc et Landrace font partie des épreuves en génomique entreprises à Deschambault. Au moment de la photo, ils étaient toujours en pouponnière. Ils seront abattus en octobre.

Impossible d'évaluer un verrat ou une truie de reproduction par la couleur de la viande. Il faudrait abattre l'animal ! Or, ce caractère est important pour les consommateurs. Comment l'évaluer ? Une autre méthode consiste à abattre les frères et sœurs de portée de l'animal choisi. Une truie peut facilement avoir 14 porcelets. Il y en a donc plusieurs à tester. Cette méthode est toutefois difficilement applicable et très dispendieuse en raison des débits rapides des chaînes d'abattage. L'idéal, se disent les chercheurs et les gens de l'industrie, serait de pouvoir lire le génome de l'animal. Bien que la séquence du génome porcin est connue depuis peu, la signification de chacun de ses gènes reste à décoder. C'est ce que toute l'industrie canadienne s'affaire à réaliser.

Une technologie disponible depuis janvier 2009 dans le porc permet une telle analyse. On parle de puces à SNPs (on prononce « snip »). Le code génétique est, pour chaque être vivant, inscrit dans l'ADN qui contient des bases appelées nucléotides. Il y en a quatre : A-T-C-G. C'est la suite unique de ces nucléotides sur l'ADN des chromosomes d'un individu qui fait sa spécificité.

Un SNP est un *Single Nucleotid Polymorphism*, ou si vous préférez, un nucléotide unique qui change fréquemment. Ce changement apparaît environ à toutes les 100 à 300 nucléotides. Le changement dans ces SNPs peut entraîner un changement phénotypique, c'est-à-dire en l'expression de son potentiel génétique. Ainsi, le

Ensemble pour la recherche

La recherche sur le génome intéresse de plus en plus de gens. Dans le secteur porcin, neuf compagnies privées et deux organisations se sont alliées en juin 2009 pour former PigGen Canada : Alliance Genetics, Designed Genetics, Fast Genetics, Genetiporc, Genesus, Hypor Canada, PIC Canada, La Coop fédérée, Topigs Canada, le Centre canadien pour l'amélioration des porcs (CCAP) et le Canadian Swine Breeders Association (CSBA).

« Nous avons deux objectifs, explique le généticien chez Génétiporc et membre de l'exécutif de PigGen, Daniel Godbout. Le premier était de promouvoir la recherche en génétique, dont la génomique. L'autre était de parler d'une seule voix. Les neuf membres de PigGen représentent 95 % des efforts en génétique au Canada. Ça nous donne une légitimité. » PigGen a dans sa mire cinq domaines de recherche :

1. La production (la croissance, la conversion alimentaire et les coûts de production)
2. La carcasse et la qualité de la viande
3. La reproduction
4. L'environnement
5. La santé

La génomique est un outil de plus dans la boîte à outils du généticien, un outil non disponible dans le passé et pour des caractères qui étaient difficiles à évaluer. « Je crois qu'il y a un avenir pour la génomique, mais il faut se demander qu'est-ce que ça coûte et qu'est-ce que ça rapporte, explique Daniel Godbout. S'il n'y a pas de retombées pour les producteurs, il n'y aura pas d'avenir pour la génomique. »

remplacement du nucléotide G pour un A à la position spécifique du gène IGF2 (Insulin-like Growth Factor 2) résulte en des porcs plus maigres et uniformes.

Les puces à SNPs, SNP chips en anglais, sont des lamelles qui contiennent le bagage génétique de 12 porcs. Pour chaque animal, les chercheurs retirent 60 000 SNPs, toujours les mêmes d'un animal à l'autre, selon les SNPs qui sont considérés comme étant les plus pertinents. Les puces à SNPs sont lues par une machine sophistiquée et dispendieuse. Au Québec, l'entreprise qui détient cette technologie pour le porc est DNA LandMarks, localisée à Saint-Jean-sur-Richelieu (voir article p.17).

Phase collecte de données

Parce qu'ils ont développé la technologie, les États-Unis détiennent une longueur d'avance sur la recherche en



Voici la salle munie des systèmes d'alimentation individuels qui permettent de connaître avec précision l'alimentation des porcs en croissance.



« L'idée, c'est de prendre le plus de mesures possible pour évaluer les performances de chaque animal pour faire le lien avec le matériel génétique », dit Frédéric Fortin.

ce domaine, mais le Canada entend bien devenir un leader. Cependant, les coûts sont élevés. On parle à l'heure actuelle de plus de 100 \$ pour connaître les résultats de 60 000 SNPs d'un animal. De plus, les connaissances sont encore très limitées pour tirer profit de ces résultats. Alors, pourquoi ne pas regrouper ces ressources et effectuer des recherches qui bénéficieront à tous ? C'est ainsi que le projet de Deschambault a vu le jour, avec l'appui du Conseil pour le développement de l'agriculture du Québec (CDAQ) et de l'implication de différentes organisations du Québec, de l'Ontario, de l'Ouest canadien et des Maritimes.

Des porcelets mâles castrés des races pures Duroc, Yorkshire et Landrace de différents élevages de quatre provinces sont entrés en deux épreuves, de novembre 2009 à avril 2010 et de mai à octobre 2010. C'est donc dire que des porcs sont toujours en station d'évaluation



sur le site du Centre de recherche en sciences animales de Deschambault (CRSAD) et qu'ils se feront abattre dans quelques semaines. « L'idée, c'est de prendre le plus de mesures possible pour évaluer les performances de chaque animal et ainsi faire le lien avec le matériel génétique », explique le responsable du secteur de la génétique au CDPQ et président du comité génétique du Centre canadien pour l'amélioration des porcs (CCAP), Frédéric Fortin.

Après une phase d'acclimatation dans la pouponnière, les porcs sont transférés dans la section engraissement où les prises de données sont effectuées. Dans cette section, la station est dotée de mangeoires qui permettent de mesurer avec précision la consommation de chaque animal. D'autres mesures de performance de croissance, de conformation et de composition corporelle sont prises à la station. À l'abattoir, des mesures de qualité de la carcasse (comme le rendement de la carcasse) et de qualité de la viande (comme la couleur) sont évaluées.

Des échantillons de queues coupées ont été prélevés sur chaque animal à la naissance. Le matériel génétique sera isolé et les puces à SNPs seront mon-

2 novembre 2009 : Une première ébauche du génome porcin est complétée.

tées et lues. C'est alors que le travail titanesque d'analyse de données débutera. Imaginez : 60 000 SNPs par animal seront comparés aux performances sur le terrain de chacun des 700 porcs évalués en station. Pour mener à bien cette tâche, plusieurs chercheurs de différentes organisations collaboreront, dont des gens du Centre de recherche et de développement sur le bovin laitier et le porc de Lennoxville, de l'Université Laval, de DNA LandMarks, de l'Université de Guelph et du Centre de recherche et de développement des aliments (CRDA). Le tout sera coordonné par le CCAP. Les résultats devraient être rendus publics dès l'hiver 2012. « Le défi de ce projet-là est d'avoir beaucoup de données de base sur les caractères d'intérêt et d'effectuer les analyses pour établir les liens entre ces performances et les résultats des puces à SNPs », mentionne Frédéric Fortin. C'est donc un premier pas, qui pourra aboutir à un grand pas pour l'industrie porcine canadienne. 📍