



La SEMRPQ prend le leadership de la GÉNOMIQUE ovine en Amérique du Nord grâce à un précieux partenariat avec l'Université Laval!

Photo : www.freepik.com

JOHANNE CAMERON, AGR. M.SC.,

AVEC LA COLLABORATION DE CLAUDE ROBERT, PHD, UNIVERSITÉ LAVAL

ET WILLIAM POISSON, AGR., ÉTUDIANT AU DOCTORAT EN SCIENCES ANIMALES, UNIVERSITÉ LAVAL

Novembre 2021, la filière ovine supporte unanimement la SEMRPQ dans sa volonté de faire avancer le secteur ovin en génomique. Décembre 2021, un premier projet est déposé en partenariat avec l'équipe du chercheur Claude Robert de l'Université Laval. Juillet 2022, le projet est accepté et co-financé par Génome Québec et le Fond québécois de la recherche sur la nature et les technologies (FQRNT). Octobre 2022, le projet-pilote démarre déjà pour soutenir le développement de l'industrie. Mais qu'est-ce que la génomique et qu'est-ce que cette technologie peut apporter au secteur ovin?

La génétique au service de l'ensemble de la filière ovine québécoise. En production ovine, le Québec est le deuxième plus important joueur parmi les provinces canadiennes. Toutefois, c'est dans notre belle province que les performances et la productivité par femelle sont les plus élevées. La régie d'élevage et l'expertise des producteurs compte parmi les raisons de ces performances. Mais c'est surtout l'amélioration génétique de la population ovine québécoise qui explique la majeure partie de ces rendements! En effet, le progrès génétique mesuré chez nos éleveurs québécois en sélection dépasse largement les tendances génétiques évaluées dans la population ovine des autres provinces. Ces sujets améliorateurs sont distribués aux hybrideurs et

producteurs commerciaux, c'est donc toute la filière qui bénéficie du travail des éleveurs! C'est un travail d'équipe/industrie!

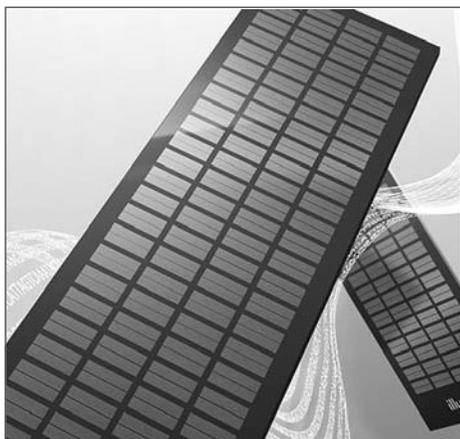
Ce progrès génétique a été rendu possible grâce à l'utilisation du programme GenOvis. Ce programme permet d'estimer le potentiel génétique des sujets en fonction des performances mesurées chez les animaux (nb nés, nb sevrés, poids au sevrage, poids à 100 jours, épaisseur de muscle et de gras, survie...). Les estimations produites par le programme génétique ont permis de faire des avancées importantes auprès de nos éleveurs. Mais qu'en serait-il si nous étions capables de savoir quelle partie du génome (de l'ADN), explique les différences de performances entre les individus et ensuite sélectionner ces animaux

porteurs d'une productivité exceptionnelle! Cela se fait chez d'autres espèces, il était temps d'emboiter le pas!

Qu'est-ce que la génomique? Est-ce utilisé par nos éleveurs? Certaines caractéristiques présentes chez les animaux, par exemple, la résistance à la tremblante, la présence de cornes ou l'expression de tares héréditaires, sont dirigés par un seul gène, soit un seul endroit dans le génome des animaux. Des animaux porteurs peuvent donc les transmettre à leur descendance s'ils sont utilisés à titre de reproducteurs. Des tests génétiques sont disponibles pour évaluer si les animaux en sont porteurs ou non. Le test le plus connu et le plus commun qui est utilisé par nos éleveurs québécois est sans

aucun doute le test de génotypage pour la résistance à la tremblante (3 codons). D'autres tests génétiques sont aussi disponibles et utilisés par certains éleveurs pour éliminer ou encore sélectionner certains gènes spécifiques (gène spider, gène TMEM 154 pour la résistance génétique au maedi visna, gène Booroola, gène callipyge, etc.). Ces tests génétiques sont utilisés depuis plus de 20 ans par nos éleveurs québécois. *Et le coût ?* Actuellement, un éleveur qui veut déterminer si son animal est porteur de l'un de ces gènes doit déboursier, en moyenne, de 15 à 18 \$ pour chaque codon ou chaque gène qu'il souhaite faire analyser.

Comparativement aux tares génétiques expliquées par un seul gène, d'autres caractères quantitatifs, c'est-à-dire que l'on peut mesurer, tel que le gain de poids, la prolificité, la survie, le développement musculaire, la qualité de carcasse, le comptage de cellules somatiques, (...) sont pour leur part expliqués par des variations dans plusieurs régions de l'ADN des animaux. On peut imaginer que l'ADN d'un animal est comme un grand livre de recette qui dicte le phénotype, ou l'apparence d'un animal. Certains phénotypes sont détaillés à une seule ligne, par exemple la ligne 3 de la page 54 dicte qu'il aura les yeux brun clair, la ligne 25 de la page 579 dicte qu'il aura la laine grise. D'autres prennent plusieurs lignes, voire plusieurs pages



à plusieurs endroits dans le livre, par exemple la page 253 explique ses performances de croissance, les pages 344 à 352 et 550 à 560 et 834 expliquent sa prolificité et la survie de ses agneaux...

En comparant l'ADN des animaux dont les performances sont mesurées dans les fermes et donc, dans le programme GenOvis, il est possible d'associer un endroit du génome à un caractère quantitatif/un niveau de performance. Donc, déterminer que la page 253 explique bel et bien les performances de croissance des individus d'une race donnée! En génomique c'est ce qu'on appelle des QTL pour quantitative trait locus, soit une région plus ou moins grande de l'ADN qui est associée à ce caractère quantitatif. Il y a deux principales approches pour faire la comparaison des génomes soit le séquençage complet ou l'utilisation des puces de génotypage. En réutilisant l'analogie du livre, le séquençage correspond à décrypter toutes les lettres du livre alors que la puce à ADN n'interroge que certaines lettres qui sont connues pour être parfois différentes entre les animaux. Le séquençage complet donne beaucoup plus d'informations mais c'est plus cher et ça demande beaucoup de puissance de calculs. Les puces à ADN peuvent interroger un nombre de lettres variant entre 50 000 et 700 000. Pour donner un ordre de grandeur, le génome du mouton compte 2,6 milliards de lettres. En plus d'identifier des régions impliquées dans l'expression de certains caractères, une autre utilisation de la génomique est de donner une valeur de potentiel génétique pour un génome. Ceci se fait en comparant un génome avec une population de référence composée des meilleurs animaux. En gros, la question posée est : est-ce que ce génome est composé de la même façon que les meilleurs ou est-il très différent? C'est cette

La puce à ADN développée dans ce projet permettra d'obtenir les résultats de génotypage pour près de 100 gènes associés à des tares héréditaires déjà connus dans le secteur ovin

façon d'utiliser la génomique qui permet de préciser grandement la sélection génétique traditionnelle et surtout, d'accélérer le progrès génétique. Chez les bovins laitiers, une étude publiée en 2017 par le Réseau laitier canadien indiquait que l'utilisation de la génomique avait permis, en moins de 10 ans, de doubler le taux du progrès génétique par rapport à la période pré-génomique. Cette technologie sera désormais accessible pour notre secteur !

Le projet-pilote, en bref... Le projet-pilote a pour principal objectif de structurer une base de données génotypiques (le répertoire de 50 000 lettres pour chaque animal). Il s'agira de la première et actuellement de la seule base de données génomiques ovine au Canada! Basée à l'Université Laval, la base de données Genovalia communiquera ses résultats avec les données actuellement compilées dans le programme GenOvis. Dans le cadre de ce premier projet pilote, 1 152 sujets de race Arcott Rideau et Romanov seront génotypés par puce à ADN durant l'automne 2022 chez nos éleveurs. Cette base de données sera utile pour les futurs projets de recherche visant à combiner les informations génomiques aux performances des animaux. L'objectif visé sera de mettre en place un programme d'évaluation génétique assistés par la génomique. Ce projet est déjà en cours d'analyse! Ainsi, bien que deux races aient été ciblées pour structurer la base de données génotypiques, ce n'est que le début de l'histoire pour toutes nos races ovines québécoises.

Un projet qui placera le Québec comme leader en génomique ovine en Amérique du Nord!

Concrètement, une puce à ADN c'est un ensemble de 50 000 petits morceaux d'ADN déposés sur un support rigide (verre ou nylon). Chaque petit bout d'ADN est synthétisé en laboratoire et correspond aux lettres immédiatement à côté de la lettre qui est connue pour être variable entre les animaux. L'ADN de l'animal est extrait, brisé en petits morceaux puis déposé sur les ADN sur la surface. Les séquences avec les mêmes lettres vont se coller. L'interrogation se fait par la suite en ajoutant les quatre lettres composant l'ADN (A, T, G ou C) portant des couleurs différentes. En gros, la méthode permet de poser la question : quelle est la prochaine lettre de cette série de lettres? La couleur de la fluorescence donne la réponse. S'il n'y a qu'une couleur, c'est que c'est un homozygote (il a reçu la même lettre de son père et de sa mère). Si deux couleurs sont détectées, c'est un hétérozygote (il a reçu des lettres différentes de ses parents). La puce à ADN qui sera utilisée est de la même dimension qu'une lame de microscope (1 pouce x 3 pouces) et il est possible d'y déposer 24 échantillons d'ADN. Ce sont ces puces qui permettent d'évaluer l'ADN et les variations génotypiques entre les animaux analysés. Ces puces sont développées et commercialisées avec divers degrés de couverture génomique, et ce, pour avoir

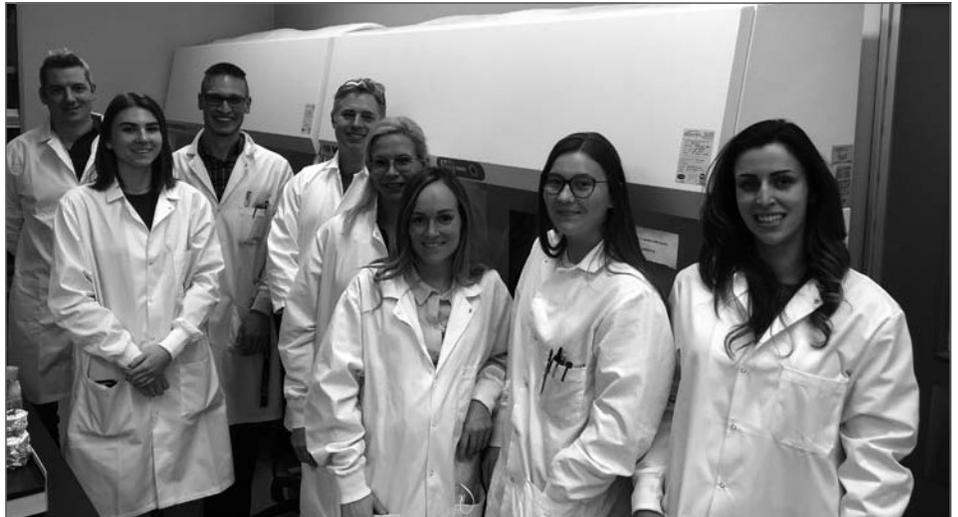


Photo : Université Laval

l'opportunité de mieux cerner les variations présentes dans le génome. Une couverture génomique de 50 000 points par génome est généralement suffisante pour la plupart des besoins. L'utilisation d'une puce interrogeant 600 000 points donne une information plus complète, mais c'est aussi plus cher. Lors de la rédaction du projet, la SEMRPQ avait demandé s'il était possible d'ajouter les gènes d'intérêt pour les maladies/tares héréditaires déjà connues et expliquées par un seul gène. Et voici la bonne nouvelle! La puce qui sera développée pour l'industrie ovine permettra non seulement la recherche de QTL et l'estimation des valeurs génétiques, mais elle permettra aussi d'évaluer la présence de près d'une centaine de gènes déjà connus! Ainsi, en un seul test, l'éleveur bénéficiera tout de suite des résultats d'une centaine de gènes connus et répertoriés chez

le mouton (3 codons tremblante, spider, myostatine, entropion, maedi visna, crampage, ...). Lorsque la population de référence sera composée des 1 152 échantillons, il sera possible d'envisager le lancement des calculs de mérite génétique. Ce sera limité, mais possible. Pour donner un ordre de grandeur, la population de référence chez la Holstein est de 20 000 taureaux et celle utilisée chez le porc est de 8 000 animaux. Donc plus le nombre d'animaux génotypés et dont les performances sont connues sera grand, plus précises seront les estimations du potentiel génétique. Évidemment, dès que cette puce sera disponible, la SEMRPQ en fera la promotion dans toute l'Amérique du Nord! Nous ne sommes qu'au début de cette grande histoire qui propulsera le secteur ovin à grande vitesse, en avant! ■



Société des éleveurs de moutons
de race pure du Québec



Centre de génomique responsable : Génome Québec
Utilisateurs : Société des éleveurs de moutons de race pure du Québec
Chercheur : Claude Robert, PhD et son équipe à l'Université Laval
Financement : FQRNT et Génome Québec.

Communiqué de presse publié par Génome Québec à l'été 2022 :
www.genomequebec.com/291-projet/la-genomique-pour-les-moutons/