

COMMUNICATION GÉNOMIQUE OVINE



JANVIER 2026

ÉTAT D'AVANCEMENT DU PROJET ET ÉCHÉANCIER

Le projet de génomique mené en partenariat par la SEMRPQ, le CEPOQ et l'Université Laval progresse bien et est toujours en cours. Une prolongation sans frais a été demandée et accordée, repoussant l'échéance du projet au 30 juin 2027. Cette prolongation était nécessaire afin de pallier les retards survenus lors du développement de la puce SNP personnalisée, laquelle a été modifiée pour inclure des mutations associées à des défauts génétiques connus, à la détermination de la couleur de la robe et à la résistance aux maladies.

Ces retards sont principalement attribuables à des problèmes de fabrication affectant la première version de la puce. Plusieurs sondes ne fonctionnaient pas correctement, en particulier celles requises pour l'évaluation précise de la résistance au Maedi-Visna. Compte tenu de l'importance majeure de ce caractère, la production d'une seconde version de la puce s'est avérée indispensable. Les prolongations sans frais constituent un mécanisme normal des programmes de financement et sont généralement accordées lorsque les projets évoluent de manière satisfaisante.

ACTIVITÉ 1 : DÉVELOPPEMENT DE LA BASE DE DONNÉES GÉNOTYPIQUES

La base de données génotypiques comprend actuellement des informations provenant de 3 393 animaux, et 384 échantillons supplémentaires sont en cours de traitement. À ce jour, des animaux issus de 22 races ont été génotypés. Le programme a désormais une portée nationale : 235 trousses de prélèvement ont été envoyées à des éleveurs en Ontario et en Alberta, et 74 échantillons provenant de ces provinces ont déjà été génotypés avec succès. Quatre échantillons supplémentaires provenant des États-Unis ont également été analysés. Ces échantillons internationaux sont traités en dehors du cadre de soutien du projet; toutefois, les éleveurs concernés reçoivent un rapport complet des génotypes de leurs animaux.

Le système de production des rapports est en cours d'automatisation, ce qui permettra aux éleveurs de personnaliser les certificats accompagnant chaque animal. L'ensemble des analyses de génotypage est réalisé au Centre d'expertise et de services (CES) de Génome Québec à l'aide de la plateforme Illumina SNP Chip, reconnue pour la grande fiabilité de ses données. Cependant, tant l'USDA que l'ACIA exigent que les laboratoires de génotypage détiennent une accréditation ISO/IEC 17025. Des rencontres tenues en décembre avec le personnel du CES ont confirmé que le processus d'accréditation est en cours.

ACTIVITÉ 2 : SÉLECTION GÉNOMIQUE

Les données génotypiques ont été transférées au CEPOQ en avril et en décembre 2025. Le CEPOQ est maintenant responsable des évaluations génétiques assistées par la génomique (GEBV), réalisées à l'aide de MixBLUP, en collaboration avec le Centre for Genetic Improvement of Livestock (CGIL) de l'Université de Guelph, lequel a diffusé les premières données relatives aux GEBV.

Les éleveurs membres de la SEMRPQ ont exprimé des préoccupations quant au partage et à la diffusion des informations génomiques sensibles, notamment celles liées aux défauts génétiques et à la résistance aux maladies. Afin de répondre à ces préoccupations, ces données sensibles ont été exclues des jeux de données utilisés pour les évaluations génomiques, et les identifiants des marqueurs ont été anonymisés. Cette approche correspond aux pratiques internationales courantes dans le cadre de partenariats commerciaux en génomique, comme l'a confirmé l'équipe de développement de MixBLUP à Wageningen, aux Pays-Bas.

Les gains de précision associés à la sélection génomique sont principalement observés dans les ensembles de données de grande taille (plus de 1 000 animaux), ce qui est actuellement possible pour les races Arcott-Rideau et Romanov. Des analyses préliminaires chez de jeunes animaux génotypés indiquent des augmentations de précision pouvant atteindre 15 % et 53 % pour les caractères de croissance et de carcasse, et jusqu'à 110 % et 181 % pour les caractères de reproduction chez les races Arcott-Rideau et Romanov, respectivement. Les précisions moyennes les plus élevées ont été observées chez les animaux génotypés disposant déjà de données de performance. Chez ces animaux, l'ajout de l'information génomique a permis d'augmenter la précision jusqu'à 3 % et 4 % pour les caractères de croissance et de carcasse, et jusqu'à 38 % et 57 % pour les caractères de reproduction chez les races Arcott-Rideau et Romanov, respectivement.



Société des éleveurs de moutons
de race pure du Québec



Une question importante demeure quant à l'utilité des évaluations génomiques pour les races à faible effectif. Le regroupement de données entre races pour des analyses multiraciales reste discutable. Des analyses spécifiques à chaque race pourraient s'avérer préférables, même lorsque les effectifs sont insuffisants pour générer des gains substantiels de précision. Bien que les bénéfices puissent être limités, ces analyses demeurent aussi précises que les évaluations génétiques traditionnelles et permettent de mieux tenir compte des particularités propres à chaque race.

ACTIVITÉ 3 : DIVERSITÉ GÉNÉTIQUE

Le projet poursuit le développement d'un indicateur de diversité génétique basé sur la génomique. Les résultats préliminaires montrent une faible corrélation avec les estimations traditionnelles fondées sur les pedigrees, probablement en raison de la fixation allélique survenue lors du développement des races. Alors que certaines races présentent encore une variabilité phénotypique, d'autres apparaissent plus uniformes sur le plan génétique.

L'évaluation de la diversité génétique est étroitement liée à la vérification de la parenté, un domaine dans lequel les outils génomiques offrent une précision inégalée. Les deux parents peuvent être validés de façon fiable et, en cas d'erreur d'identification, la véritable filiation peut souvent être établie lorsque les parents ou des apparentés proches ont été génotypés. Actuellement, environ 7 % des animaux génotypés présentent des discordances entre le pedigree déclaré et les données génomiques. En réponse, l'Association canadienne des éleveurs de moutons a lancé un projet pilote de confirmation de parenté par la génomique et a approuvé l'utilisation des données issues des puces SNP comme alternative à la méthode basée sur les microsatellites.

ACTIVITÉ 4 : DÉFAUTS ET QUALITÉS GÉNÉTIQUES ET CHROMOSOMIQUES

Un allèle responsable d'une musculature plus développée a récemment été identifié dans deux races, et son effet a été confirmé dans l'une d'entre elles. Des analyses supplémentaires sont prévues afin de valider son effet dans la seconde race et de mieux définir son impact sur le phénotype.

De plus, un nouveau polymorphisme dans un gène lié à la résistance aux maladies a été identifié. Cette délétion, qui n'avait jamais été rapportée auparavant, entraîne un décalage du cadre de lecture et l'introduction d'un codon stop prématuré. Des travaux en cours visent à corrélérer le statut d'infection des troupeaux avec les fréquences alléliques afin d'évaluer sa pertinence fonctionnelle.

ACTIVITÉ 5 : ÉTUDES D'ASSOCIATION PANGÉNOMIQUE

Plusieurs outils bioinformatiques de GWAS ont été testés afin de permettre des analyses sur de multiples caractères polygéniques disponibles, notamment les caractères de carcasse et de prolificité. En parallèle, la collecte d'échantillons est en cours pour des défauts apparemment causaux tels que les « pattes courbées », les « oreilles d'elfe » et les déformations de la mâchoire.

Les ensembles de données phénotypiques et génotypiques combinés devraient fournir un matériel suffisant pour valider la chaîne d'analyse GWAS et potentiellement identifier des mutations causales. De plus, une collaboration avec une équipe de recherche suisse a émergé de ce projet, celle-ci s'intéressant à un défaut génétique précédemment rapporté par des éleveurs canadiens. Des échantillons ont été volontairement soumis en Suisse par des éleveurs canadiens en décembre, et les analyses sont actuellement en cours afin de confirmer les mutations potentielles.

CONCLUSION

Dans l'ensemble, le projet progresse très favorablement et des avancées significatives ont été réalisées dans l'ensemble des activités. Tous les objectifs et jalons sont prévus être atteints avant la fin de la période prolongée du projet. La SEMRPQ agit à titre de dépositaire des données génotypiques et gère l'ensemble des demandes d'accès. À l'issue du projet, la SEMRPQ disposera de l'autonomie nécessaire pour poursuivre les activités de génotypage et de génomique. L'ensemble des éleveurs ovins canadiens est invité à soumettre des échantillons pour le génotypage et à communiquer avec la SEMRPQ pour toute question ou collaboration future.

INFORMATIONS

Tous les **outils nécessaires** sont disponibles sur notre site web pour les demandes de tubes, de retour d'échantillons et de demande d'information.

WWW.SEMRPQ.NET



Société des éleveurs de moutons
de race pure du Québec

