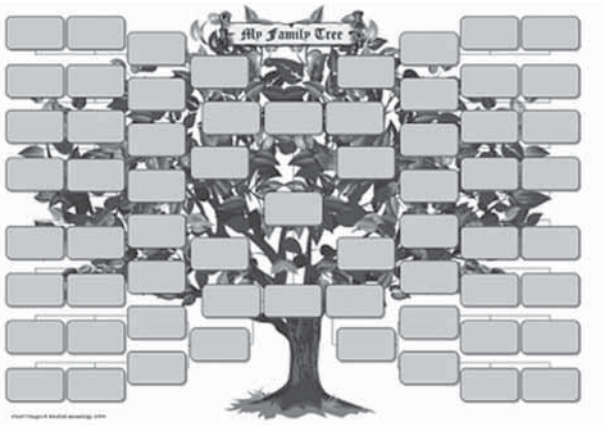
Catherine Element-Boulianne, M. Sc., coresponsable de la R&D, CEPOQ
Léda Villeneuve, agr., M. Sc., coresponsable de la R&D, CEPOQ
Laurence Maignel, M. Sc., généticienne, CCAP



Nouveau projet !

Analyse de la VARIABILITÉ GÉNÉTIQUE des RACES OVINES CANADIENNES à partir des informations généalogiques de la Société canadienne d'enregistrement des animaux.

Le « Pourquoi » du projet

On trouve au Canada 51 races ovines pur-sang reconnues par la Société canadienne d'enregistrement des animaux (SCEA). Ces populations sont de tailles très variables, avec un total de 34 animaux (race Coopworth) à 343 768 animaux (race Suffolk) enregistrés depuis la création du registre jusqu'au 31 décembre 2010 (SCEA, statistiques annuelles). Chaque race a traversé des évènements qui lui sont propres depuis la création de son livre généalogique, avec certaines races plus populaires que d'autres auprès des producteurs des différentes provinces canadiennes. Dans les principales races utilisées (Dorset, Suffolk, Arcott-Rideau, Romanov, Polypay, Hampshire, Dorper), l'amélioration génétique des caractères de croissance a été constante. Depuis la mise en place du programme d'évaluation génétique GenOvis à la fin des années 1990, les qualités maternelles ont progressé de façon appréciable chez les races maternelles et prolifiques, en particulier avec l'apparition des indices génétiques en 2003.

La sélection génétique consiste à choisir les animaux qui seront utilisés comme reproducteurs et à maximiser leur diffusion pour que l'ensemble de la population bénéficie du progrès génétique. Toutefois, cette sélection réduit le nombre d'animaux engendrant la génération suivante et conduit souvent au déséquilibre de leurs contributions respectives au patrimoine génétique des générations futures. Certaines familles ou lignées sont souvent perdues dans ce processus, au profit de familles plus performantes. En conséquence, le progrès génétique provoque à plus ou moins long terme une baisse de la variabilité génétique dans la population, et ceci est d'autant plus vrai lorsque l'intensité de sélection appliquée est élevée, ce qui conduit à de forts progrès génétiques à court terme mais aussi à une réduction de la diversité à plus long terme. D'autres phénomènes contribuent à la réduction de la diversité génétique au cours de l'histoire d'une population, par exemple le choix d'animaux sur la base de gènes spécifiques tels que ceux codant pour la résistance à la tremblante.

La baisse de variabilité génétique s'accompagne généralement d'une hausse de consanguinité. Un accouplement consanguin désigne l'accouplement de deux animaux apparentés (quel que soit leur degré d'apparentement). Dans les populations fermées, la hausse de

En fonction des résultats observés, des recommandations seront émises quant à la mise en place de processus permettant de quantifier et préserver la variabilité génétique dans les populations étudiées.

consanguinité est inéluctable, en particulier si la population est sélectionnée, car au fil du temps tous les animaux actifs ont un ou plusieurs ancêtres en commun. L'accouplement d'animaux ayant des liens d'apparentement étroits peut provoquer l'apparition de tares génétiques contrôlées par des gènes récessifs. L'analyse de la variabilité génétique d'une population permet, entre autres, de connaître la consanguinité moyenne dans une population et son évolution au cours du temps.

La génétique des populations permet la mise en place de programmes de sélection modifiant le patrimoine génétique de certains organismes, afin de créer des races ou variétés plus performantes ou plus résistantes à certaines maladies. Elle permet également de comprendre les mécanismes de conservation et de disparition des populations et des espèces. Ainsi, la gestion d'une population animale sélectionnée combine deux objectifs antagonistes qu'il faut combiner de façon optimale : la **recherche du progrès génétique** et le **maintien de la variabilité génétique**, tous deux indispensables aux progrès de demain. Les progrès de la génétique et le recours à l'informatique et aux biotechnologies de la reproduction ont permis de créer beaucoup de progrès génétique. Les généticiens ont développé des méthodes efficaces pour optimiser le progrès génétique et la conservation de la diversité génétique.

Dans l'optique de poursuivre l'amélioration génétique des ovins canadiens tout en contrôlant le taux de consanguinité au sein des différentes races, une étude de la variabilité génétique a sa raison d'être !

Les objectifs du projet

L'**objectif principal** du projet est donc **d'établir le portrait de la variabilité génétique au sein de chacune des races pures** reconnues par la SCEM et d'identifier des stratégies pour aider les éleveurs à **ralentir la hausse de consanguinité** dans leur élevage.

Les objectifs spécifiques du projet sont :

- Faire état du nombre de sujets disponibles et de la qualité des généalogies, par race, d'après les informations retrouvées sur le site de la SCEA;
- Créer un lien entre le programme d'évaluation génétique GenOvis et la base de données de la SCEA, afin de garder à jour la base de données du programme GenOvis;
- Calculer l'évolution et le taux actuel de consanguinité au sein de chacune des races reconnues par la SCEM et présentes sur le site de la SCEA;
- Établir un portrait de la situation, pour chacune des races, en listant celles qui sont les plus problématiques. Les portraits seront établis selon le nombre d'individus, le niveau de consanguinité calculé, l'effectif génétique et la possibilité de réduire ce niveau de consanguinité (avec les individus et les familles présentes au Canada);
- Créer un outil dans GenOvis qui permettra aux éleveurs d'obtenir le portrait de leur troupeau en terme de variabilité génétique;
- Sensibiliser les éleveurs sur les impacts négatifs reliés à une consanguinité élevée dans leur élevage et diffuser les résultats obtenus;
- Établir, principalement avec les partenaires de la SCEM, des stratégies pour préserver la variabilité génétique et limiter la consanguinité au sein des élevages (importation, insémination, etc.).

Les grandes étapes pour y arriver :

- Constituer des fichiers de données à partir des bases de données généalogiques disponibles à la SCEA et dans GenOvis;
- Quantifier l'information disponible en calculant divers critères démographiques;
- Analyser la consanguinité dans chaque race et son évolution au cours du temps;
- Étudier les probabilités d'origine de gènes et repérer les ancêtres les plus influents;
- Analyser la parenté entre les animaux actuels;
- Réaliser une analyse globale des résultats intra-race et entre races.

Le projet est débuté depuis avril 2012 et se terminera en décembre 2013 : nous vous tiendrons au courant !

Collaborateurs et partenaires de recherche

- *Société canadienne des éleveurs de moutons (SCEM)*
- *Centre canadien pour l'amélioration des porcs (CCAP)*
- *Centre de développement du porc du Québec (CDPQ)*

Financement

Une partie du financement de ce projet a été fournie par l'entremise des conseils sectoriels du Québec, de l'Ontario et de la Colombie-Britanique qui exécutent le Programme canadien d'adaptation agricole (PCAA) pour le compte d'Agriculture et Agroalimentaire Canada.