



DISSÉQUER LE GÉNOME BOVIN : TOUT EST DANS LEURS GÈNES

Par D^e Christine Baes, professeure adjointe
Département des biosciences animales, Université de Guelph

La sélection génomique est devenue une procédure habituelle. Le génotypage de jeunes animaux prometteurs au moyen de puces SNP est une pratique courante dans de nombreuses fermes. Des développements actuels permettent l'analyse du matériel héréditaire entier d'un animal.

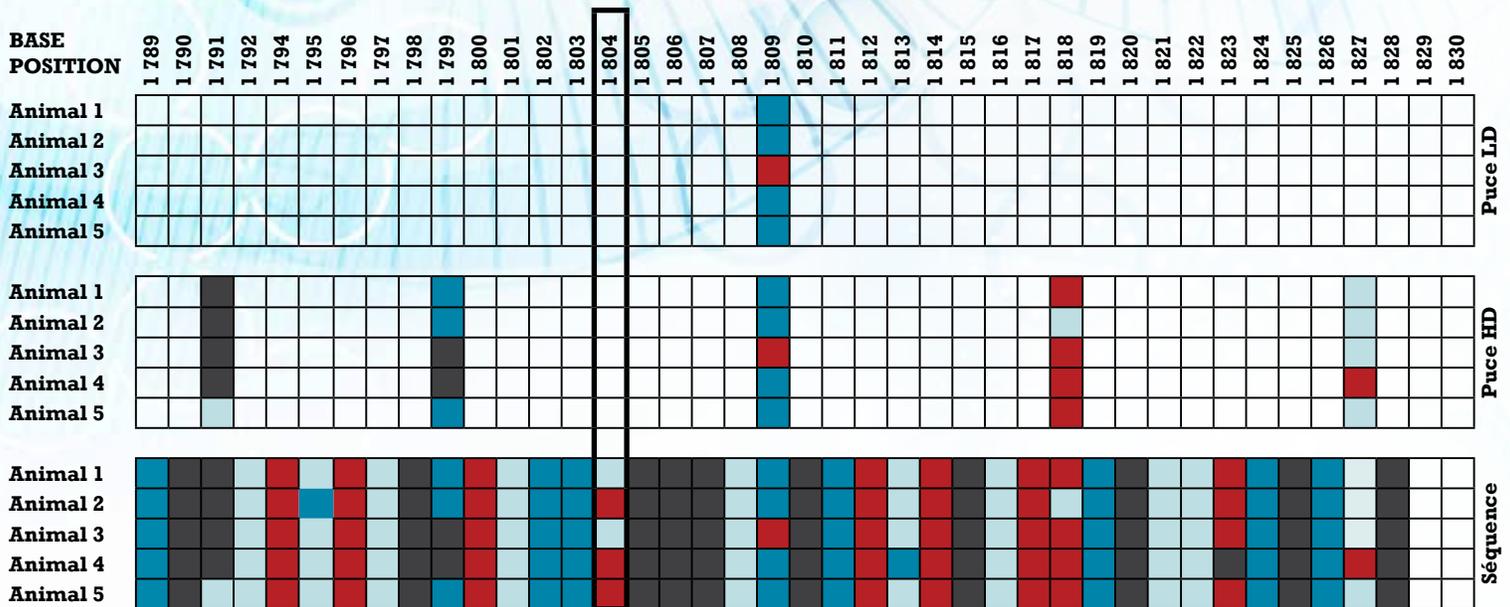


FIGURE 1: Vue d'ensemble d'une puce SNP pour le séquençage de l'information

Chaque base de l'alphabet génétique est colorée différemment (A = bleu, C = rouge, G = bleu pâle et T = gris). La figure indique les différentes densités des puces, à partir de la petite puce à faible densité (LD) qui contient seulement quelques SNP jusqu'à la séquence qui contient tous les SNP dans un animal. Par exemple, les animaux 1 et 3 sont bleus à la position 1 804 (lettre « G ») alors que tous les autres animaux sont rouges. Cette variation n'est pas visible dans les SNP de 50K ou LD. Si les principaux ancêtres de la population sont séquencés, les positions manquantes (boîtes blanches) dans la puce de 50K ou LD peuvent être imputées.

IL Y A ENVIRON 22 000 GÈNES dans chaque cellule d'une vache. Ces gènes contrôlent la composition et la fonction du corps. « L'alphabet » de gènes est composé de seulement quatre lettres (A, C, G et T) qui se présentent dans un ordre bien spécifique (appelé « séquence »). Une portion spécifique de la séquence peut être associée à une fonction spécifique – ce qu'on appelle un « gène ». La séquence entière du génome bovin a été décodée en 2009. Elle contient approximativement trois milliards de lettres (bases).

Il est extraordinaire que la plupart des lettres chez différents animaux d'une population soient identiques – en moyenne, seulement chaque 300e base est différente. Par exemple, alors que Monument Impression-ET pourrait avoir un « A », Marbri Facebook pourrait avoir un « T ». Ces différences dans les bases uniques sont appelées « SNP » et elles sont le genre de variation le plus simple d'un animal à l'autre. Aujourd'hui, environ 13 millions de SNP dans le génome bovin Holstein sont connus. Quelques-uns d'entre eux sont inclus dans des puces (haute densité, 50K ou faible densité) qui peuvent être utilisées pour l'évaluation de la valeur d'élevage génomique.

Séquençage : quels sont les avantages?

Au lieu d'utiliser 50 000 ou 800 000 SNP, les données de séquençage contiennent l'ensemble des 13 millions de SNP existants (Figure 1). La séquence peut donc être considérée comme étant « la puce SNP ultime ». L'évaluation des valeurs d'élevage au moyen de tous ces SNP n'est toutefois pas très logique parce que bien peu d'entre eux affectent les caractères d'adaptation ou de rendement. Il est par conséquent important de comprendre et d'identifier les SNP les plus importants, et de leur accorder une attention particulière. Cela permettra éventuellement d'effectuer une estimation plus précise des valeurs d'élevage génomique. L'objectif actuel de nombreuses recherches est d'analyser la fonction des SNP dans le but d'identifier les régions d'ADN les plus importantes. Ici, l'accent est principalement mis sur les caractères dotés d'une faible héritabilité parce que les gains sont les plus difficiles à réaliser avec l'élevage traditionnel.

Séquençage : quels sont les défis?

Le séquençage est encore un domaine de recherche en évolution. Des universités et des entreprises d'élevage dans le monde entier tentent d'utiliser cette information pour mieux comprendre l'hérédité de caractères de grande importance économique et, ultimement, pour améliorer davantage l'évaluation de la valeur d'élevage génomique. Les quantités considérables de données et la capacité de traitement peuvent représenter des facteurs limitants, de même que le savoir-faire technique requis pour gérer ces renseignements nouveaux et parfois délicats. Des collaborations internationales sont essentielles pour suivre la cadence incroyable du développement dans ce domaine.

Sommaire :

Dans l'ère de la génomique, il est important d'ajuster constamment les procédures courantes pour tenir compte des nouveaux développements et renseignements. Bien que les données de séquençage dans l'évaluation courante de la valeur d'élevage ne soient pas encore prêtes à être utilisées à des fins pratiques, l'industrie laitière canadienne participe à différents projets de recherche qui contribuent à faire progresser ce domaine.

Des régions génétiques ayant une influence notable sur des caractères d'intérêt économique sont en train d'être identifiées, et il sera possible d'augmenter éventuellement la fiabilité des valeurs d'élevage génomique. Cela mènera éventuellement à un gain génétique plus élevé – particulièrement pour les caractères à faible héritabilité. 🐄



D^{re} Christine Baes est titulaire de la chaire en génomique laitière Semex/Réseau laitier canadien/Holstein Canada à l'Université de Guelph. En tant que membre du CGIL (centre d'amélioration génétique du bétail) D^{re} Baes est responsable de la recherche dans le domaine de la génétique et de la génomique quantitatives, en plus d'enseigner à la prochaine génération de généticiens du bétail.

Pour plus de détails, consultez <http://animalbiosciences.uoguelph.ca/users/cbaes> ou communiquez par courriel avec cbaes@uoguelph.ca
Photo gracieusement offerte par Mido Melebari