



Fiche 20

Biologie moléculaire et génomique : de nouveaux outils pour la sélection

Contexte et objectifs

Les programmes de sélection animale reposent de plus en plus sur des données d'analyses moléculaires.

L'IFIP gère ces informations pour les organisations de sélection partenaires.

Il coordonne et assure le suivi de projets de recherche en génomique, à l'**interface entre les professionnels de la sélection regroupés au sein de BIOPORC et les organismes de recherche.**

L'action est prioritairement conduite auprès des opérateurs responsables de la diffusion du progrès génétique, mais l'acquisition de nouvelles connaissances sur le génome de l'espèce porcine et le développement d'outils de sélection grâce à la génomique présentent un intérêt pour l'ensemble de la filière. Le programme UtOpIGe en est une illustration.

Principaux résultats

Les informations moléculaires de routine (banque d'ADN, typages pour le gène halothane, contrôles de filiation) sont gérées mensuellement par l'IFIP ; les génotypes halothane et les résultats des contrôles de filiation sont valorisés dans la base de données nationale Banapog ce qui permet leur diffusion à tous les acteurs professionnels concernés. Une analyse des besoins informatiques pour améliorer la gestion et la circulation de ces informations à partir d'outils Web a été lancée fin 2011.

Différents prestataires d'analyse ont été rencontrés afin de préparer les évolutions à venir (nouvelles collections ADN, nouveaux outils de prélèvement ou de contrôle de filiation). L'IFIP représente BIOPORC et la filière porcine dans les instances d'AGE-NAE (Comité d'Orientation Stratégique, Directoire Opérationnel, journées d'animation et séminaire) et dans les comités de suivi des projets de recherche (Délisus, Sus Flora etc.).

Cela permet de donner un **éclairage professionnel** aux résultats obtenus. Les informations recueillies sont ensuite transmises aux OSP. En particulier, la portée des résultats du **programme Delisus** est à souligner : intégration de l'INRA au consortium international de séquençage, base de données pour gérer les informations de génotypage haut débit valorisée

dans les autres programmes de recherche comme Utopige, contribution à l'analyse des données d'autres projets (SwAn), génétique d'association à l'échelle du génome, prédiction de phénotypes grâce au métabolome... L'IFIP a finalisé en 2011 le **programme ESPIG** dont l'objectif est d'étudier, sur le dispositif des liaisons génétiques, des polymorphismes dans des **gènes d'intérêt** (résultats présentés aux JRP 2012). L'étude a donné l'occasion de valider le dosage haut débit des LIM (lipides intramusculaires) par IRM (poster JRP). Le suivi conjoint par l'IFIP et l'INRA de la collection de matériel sur les **anomalies congénitales (programme SwAn)** cofinancé par BIOPORC) s'est poursuivi en 2011. Les analyses de génotypage confirment le rôle d'une région clé dans le développement de l'intersexualité. Le déterminisme génétique des autres anomalies étudiées (cryptorchidie, hernies...) semble plus complexe. Le **programme de recherche UtOpIGe** a démarré fin janvier 2011. L'objectif est d'optimiser les modalités de mise en place d'une sélection génomique dans des espèces habituellement utilisées en **croisement** (porc et poule pondeuse). L'IFIP coordonne la constitution de populations de référence de races pures et croisées pour estimer les valeurs génomiques.

Ceci a supposé l'adoption du logiciel SLDIX pour garantir la **traçabilité des échantillons** (codes barres). L'accent est mis sur la production de **porcs mâles entiers** en lien avec l'engagement de la filière à arrêter la castration en 2018.

Des financements complémentaires ont été recherchés afin de **doser les composés odorants** associés à l'élevage de mâles entiers. Un accord de consortium dont l'IFIP est signataire a été rédigé. L'IFIP a contribué au montage d'un programme européen sur l'**efficacité digestive (DELIVER)** (réponse en 2012). Dans le cadre d'un poste d'accueil d'un ingénieur IFIP à l'INRA, l'IFIP a participé à l'optimisation du programme de sélection assistée par **marqueurs dans la lignée sino-européenne Duochan**, notamment en contribuant au choix de **480 animaux génotypés avec une puce** dédiée composée de 384 SNP. Les effets des allèles aux QTL ont pu être estimés sur des animaux Duochan.

Partenariats et collaborations

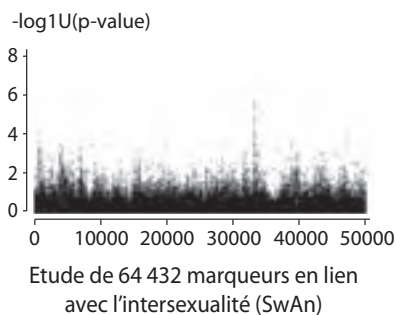
Organisations de Sélection Porcines membres de BIOPORC, Livres Génétiques Porcins Collectifs, LABOGENA, INRA GABI, INRA LGC, INRA Le Rheu, INRA Le Magneraud, INRA Saint-Gilles.

Financeurs

CASDAR, BIOPORC, INRA, France Agri-Mer, INAPORC

Contact responsable de l'action

Marie-José MERCAT
(marie-jose.mercat@ifip.asso.fr)



En savoir +

Intervention

Présentation des résultats du programme ESPIG aux JRP 2012.

Publications

- Présentation du programme Utopige dans la revue TechPorc.
- Décryptage du contrôle génétique des réponses immunitaires innées et adaptatives chez le porc Large White : Article JRP 2011.
- Estimation de l'effet quantitatif de mutations dans des gènes majeurs candidats : Article JRP 2012.
- Cartographie fine de régions QTL à l'aide de la puce Porcine SNP60 : Article JRP 2012.
- Dosage haut débit des lipides intramusculaires de la viande de porc par IRM : Poster JRP 2012.

Autres transferts

- Présentation des résultats des programmes aux organisations de sélection membres de BIOPORC.
- Représentation de BIOPORC auprès de délégations étrangères (CCSI, CDPQ, IPG).