

## Aperçu

L'utilisation des approches de sélection traditionnelles pour améliorer la santé des porcs constitue tout un défi, parce que les caractères liés à la santé sont particulièrement difficiles à mesurer. La recherche en génomique peut nous aider à mieux comprendre la biologie du système immunitaire lorsque les animaux combattent des infections. Ainsi, la génomique offre la possibilité d'améliorer la santé par le biais de la sélection et de produire éventuellement des animaux plus résistants aux maladies. Identifier la variation génétique liée à la réponse immunitaire chez les porcs est la première étape et elle a déjà été réalisée pour certains agents pathogènes dans le cadre de différents « modèles » de maladies. Par conséquent, à partir des résultats de projets antérieurs et en se concentrant sur le SRRP (syndrome reproducteur et respiratoire porcin), les chercheurs travaillent à :

- Identifier les régions du génome ayant un impact sur la réponse immunitaire et la résistance aux maladies, y compris la résistance du fœtus au SRRP ainsi que le « modèle naturel d'exposition à la maladie ».
- Identifier les biomarqueurs d'expression génique pour la résistance aux maladies.
- Identifier des marqueurs génétiques SNP, régions génomiques et locus à caractère quantitatif (LCQ) affectant la productivité à long terme de la truie en production commerciale.
- Établir une série de tests pour en apprendre davantage sur la réponse immunitaire des porcs exposés à diverses maladies et pour étayer l'identification de biomarqueurs de résistance aux maladies.

Le « modèle naturel d'exposition à la maladie » est utilisé dans cette étude, où les chercheurs analysent les données provenant de porcs de haut statut sanitaire soumis, en ferme de recherche, à de multiples maladies. Les données recueillies aideront les chercheurs à identifier les variations génétiques liées à la résilience aux maladies des porcs. La résilience représente la capacité des porcs à lutter contre les maladies et à rapidement recouvrer leurs performances. Jusqu'à maintenant, on a recueilli les données de 1500 porcs. Les relations entre la réponse immunitaire et les autres phénotypes, comme la qualité de la carcasse et de la viande, sont aussi étudiées.

## Faits saillants

Plusieurs régions génomiques, qui pourraient avoir un impact sur les variations de mortalité foetale et de vigueur dans la réponse à une infection causée par le SRRP chez les femelles gestantes, ont été identifiées. Ces résultats confirment que la réponse du fœtus à une infection par le virus du SRRP a une base génétique. Ils pourraient aussi ultimement conduire à de nouvelles options pour réduire les impacts du SRRP.

Les données obtenues à partir du « modèle naturel d'exposition à la maladie » ont montré des variations quant à la croissance, la mortalité et la morbidité chez ces porcs. Ces variations confirment que le « modèle naturel d'exposition à la maladie » a été mis en œuvre adéquatement. Par conséquent, en utilisant les données de ces porcs, les

# Nouveaux outils permettant une sélection génomique efficace pour augmenter la résistance aux maladies

► Graham Plastow, Université de l'Alberta

chercheurs travailleront à définir les caractères liés à la résistance aux maladies afin de pouvoir, un jour, prédire cette résistance en utilisant des outils comme les SNPs et autres biomarqueurs ainsi que des tests de laboratoire.

Les chercheurs ont établi de nouveaux tests de laboratoire, portant entre autres sur la haute réponse immunitaire (HIR<sup>MC</sup>), la résistance aux maladies (DRAA), les anticorps naturels et l'immunoglobuline totale (IgG). Ces tests seront utilisés pour analyser les échantillons provenant des porcs étudiés dans le cadre du « modèle naturel d'exposition à la maladie ». Les résultats amélioreront les connaissances sur la réponse immunitaire chez ces porcs exposés aux maladies et étayeront l'identification de biomarqueurs liés à la résilience aux maladies.

À mesure que les résultats des tests HIR<sup>MC</sup> seront disponibles, les porcs ayant une réponse immunitaire équilibrée et vigoureuse seront classifiés comme des individus à réponse immunitaire forte. Cette classification permettra peut-être d'identifier des animaux capables de résister aux pathogènes en mettant en place une réponse immunitaire efficace et appropriée. Ces animaux pourraient aussi avoir une meilleure productivité comparativement aux animaux classés à réponse immunitaire moyenne ou faible, tel qu'observé dans d'autres études.

## Retombées pour le secteur porcin

Si les travaux donnent de bons résultats, l'utilisation des outils développés comme la technologie HIR<sup>MC</sup> par exemple, dans le cadre des programmes de sélection pourrait entraîner des effets bénéfiques tant sur la santé que sur la productivité des porcs. À terme, on proposera donc des outils génomiques permettant de sélectionner des porcs commerciaux plus résistants aux maladies, sans que cela affecte la productivité et la performance reproductive.

## Collaborateurs

**John Harding** Université de la Saskatchewan

**Michael Dyck** Université de l'Alberta

**Bonnie Mallard** Université de Guelph

**Frédéric Fortin** Centre de développement du porc du Québec

**Bob Kemp** PigGen Canada



## Information additionnelle

Cliquez sur les liens ci-dessous pour obtenir plus d'information sur ce projet.

### Entrevues Farmscape :

- [Recherche : la génomique pour identifier des porcs résilients à de multiples de maladies](#)  
- le 8 octobre 2015
- [Recherche : exploiter la génomique pour sélectionner des animaux résistants aux maladies](#)  
- le 23 septembre 2015
- [Améliorer la résistance aux maladies par la sélection génomique](#)  
- le 9 décembre 2014

### Articles et résumés revus par les pairs :

2017

- Harding, J. Ladinig, A., Novakovic, P., Detmer, S., Wilkinson, J., Yang, T., Lunney, J., Plastow, G. (2017) [Novel insights into host responses and reproductive pathophysiology of porcine reproductive and respiratory syndrome caused by PRRSV-2](#). Résumé. *Veterinary Microbiology* 209: p. 114-123.  
DOI : <https://doi.org/10.1016/j.vetmic.2017.02.019>

2016

- Serão, N., Kemp, R., Mote, B., Harding, J., Willson, P., Bishop, S., Plastow, G., Dekkers, J. (2016) [Genetic and Genomic basis of antibody response to porcine reproductive and respiratory syndrome \(PRRS\) in gilts and sows](#). Article. *Genetics Selection Evolution*, 48:51.  
DOI : <https://doi.org/10.1186/s12711-016-0230-0>
- Wilkinson, J., Ladinig, A., Bao, H., Kommadath, A., Stothard, P., Lunney, J., Harding, J., Plastow, G. (2016) [Differences in Whole Blood Gene Expression Associated With Infection Time-course and Extent of Fetal Mortality in a Reproductive Model of type 2 Porcine Reproductive and Respiratory Syndrome Virus \(PRRSV\) Infection](#). Article. *PLoS ONE*, 11(4):e0153615.  
DOI : <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0153615>
- Yang, T., Wilkinson, J., Wang, Z., Ladinig, A., Harding, J., Plastow, G. (2016) [A genome-wide association study of fetal response to type 2 porcine reproductive and respiratory syndrome virus challenge](#). Article. *Scientific Reports*, 6:20305.  
DOI : <https://doi.org/10.1038/srep20305>

### D'autres ressources :

2017

- Geddes, G. (2017, le 2 janvier) [For genomic researchers, success is in the blood](#). Blog.  
Obtenu de : <http://genomealberta.ca/livestock/for-genomic-researchers-success-is-in-the-blood.aspx>

---

## Information additionnelle

Cliquez sur les liens ci-dessous pour obtenir plus d'information sur ce projet.

2017

- Lim, J., Yang, Z., Harding, J., Fortin, F., Kemp, R., Dyck, M., Field, J., Plastow, G. (2017) [Disease resilience in pigs explored with a natural disease challenge model](#). Résumé. *Advances in Pork Production: 2017 Banff Pork Seminar Proceedings, Vol. 28: Abstract 18*.  
Obtenu de : <https://www.banffpork.ca/proceedings/search>
- Putz, A., Harding, J., Fortin, F., Plastow, G., Dekkers, J. (2017) [A natural challenge model for disease resilience in wean-to-finish pigs](#). Résumé. *Journal of Animal Science, 95 (Suppl. 2): p. 17*.  
DOI : <https://doi.org/10.2527/asasmw.2017.036>

2016

- Dyck, M., Harding, J., Kemp, B., Willing, B., Goddard, E., Plastow, G. (2016) [Genomics and Swine Health: The Next Steps](#). Article. *Advances in Pork Production: 2016 Banff Pork Seminar Proceedings, Vol. 27: p. 183-193*.  
Obtenu de : <https://www.banffpork.ca/proceedings/search>
- Harding, J., Ladinig, A., Novakovic, P., Detmer, S., Wilkinson, J., Yang, T., Lunney, J., Plastow, G. (2016) [PRRSV and the Pregnant Female](#). Article. *Advances in Pork Production: 2016 Banff Pork Seminar Proceedings, Vol. 27: p. 169-180*.  
Obtenu de : <https://www.banffpork.ca/proceedings/search>
- Plastow, G. (2016) [Genomics and Swine Health](#). Article. *Advances in Pork Production: 2016 Banff Pork Seminar Proceedings, Vol. 27: p. 125-134*.  
Obtenu de : <https://www.banffpork.ca/proceedings/search>
- Plastow, G. (2016) [Selection for disease resistance in swine](#). Résumé. *Journal of Animal Science, 94 (Suppl. 5): p. 237-238*.  
DOI : <https://doi.org/10.2527/jam2016-0494>
- Serão, N., Kemp, R., Mote, B., Willson, P., Harding, J., Bishop, S., Plastow, G., Dekkers, J. (2016) [Genetic Improvement of Sow and Gilt Reproductive Performance via PRRS Immunity](#). Article. *Advances in Pork Production: 2016 Banff Pork Seminar Proceedings, Vol. 27: p. 145-154*.  
Obtenu de : <https://www.banffpork.ca/proceedings/search>
- Yang, T., Wilkinson, J., Wang, Z., Ladinig, A., Harding, J., Plastow, G. (2016) [A Genome-Wide Association Study of Fetal Response to Type 2 PRRSV Challenge](#). Conference poster. *Plant and Animal Genome Conference, San Diego, CA, January 8-13, 2016*.  
Obtenu de : <https://pag.confex.com/pag/xxiv/webprogram/Paper20189.html>
- Yang, T., Wilkinson, J., Wang, Z., Ladinig, A., Harding, J., Plastow, G. (2016) [Genome-Wide Association Study of Fetal Response to Type 2 PRRSV Challenge](#). Résumé. *Advances in Pork Production: 2016 Banff Pork Seminar Proceedings, Vol. 27: Abstract 16*.  
Obtenu de : <https://www.banffpork.ca/proceedings/search>

2015

- Plastow, G. (2015) [Solving health problems with genetics](#). Article. *Proceedings of the 2015 London Swine Conference: Production Technologies to Meet Market Demands, April 1-2, 2015, p. 83-88*.  
Obtenu de : <http://www.londonswineconference.ca/index.php/proceedings-library>



## Information additionnelle

Cliquez sur les liens ci-dessous pour obtenir plus d'information sur ce projet.

2014

- Serão, N., Kemp, R., Mote, B., Harding, J., Willson, P., Bishop, S., Plastow, G., Dekkers, J. (2014) [Whole-Genome Scan and Validation of Regions Previously Associated with PRRS Antibody Response and Growth Rate using Gilts Under Health Challenge in Commercial Settings](https://asas.confex.com/asas/WCGALP14/webprogram/start.html). Résumé. *10th World Congress of Genetics Applied to Livestock Production, Vancouver, BC, August 17-22, 2014*.  
Obtenu de : <https://asas.confex.com/asas/WCGALP14/webprogram/start.html>
- Serão, N., Matika, O., Bishop, S., Kemp, B., Harding, J., Plastow, G., Dekkers, J. (2014) [Genetic Analysis of Reproductive Traits and Antibody Response in PRRS Infected Sows](https://lib.dr.iastate.edu/ans_air/vol660/iss1/85/). Rapport de recherche. *Iowa State University Animal Industry Report, 660: 85 (Extension number: ASL R2920)*.  
Obtenu de : [https://lib.dr.iastate.edu/ans\\_air/vol660/iss1/85/](https://lib.dr.iastate.edu/ans_air/vol660/iss1/85/)

## Soutien financier

Ce projet est financé par Swine Innovation Porc, dans le cadre du programme de recherche de la Grappe porcine 2 (2013-2018). Le financement de ce dernier provient du programme Agri-innovation d'Agriculture et Agroalimentaire Canada, de huit associations provinciales de producteurs de porcs et de plus de 30 partenaires de l'industrie. [Cliquez ici pour obtenir plus d'information sur les partenaires financiers de la Grappe porcine 2.](#)