Tendances des haplotypes et des gènes récessifs

- 22, janvier 2024
- Condition génétiques

Le génotypage a confirmé sa place en tant qu'outil essentiel dans l'industrie laitière avec une pléthore d'avantages, y compris l'identification de gènes récessifs et d'haplotypes dans plusieurs races. Malgré l'impact négatif de ces anomalies génétiques sur la rentabilité à la ferme, le génotypage offre l'occasion de les identifier, de les suivre de près et éventuellement de les éliminer de la population. Dans cet article, nous discutons des tendances actualisées par année de naissance associées à la fréquence des caractères récessifs génétiques et des haplotypes chez les femelles nées au Canada à l'intérieur de chaque race.

Caractère récessif vs haplotype

Les caractères récessifs sont exprimés lorsque la même copie d'un gène indésirable est héritée de chaque parent. Les caractères récessifs ont un

gène connu qui cause la caractéristique indésirable et, par conséquent, un identifiant particulier est assigné aux animaux qui sont exempts ou porteurs de ce gène. Par exemple, le code de Brachyspina (BY) est BYC pour les animaux testés porteurs ou BYF pour les non-porteurs. Lorsque le gène n'est pas connu, des génotypes peuvent être analysés pour identifier de courts brins d'ADN appelés haplotypes qui peuvent inclure un ou plusieurs gènes. Certains haplotypes peuvent être indésirables et entraîner l'infertilité, la perte embryonnaire et/ou la mortinatalité. L'identification de ces haplotypes permet de détecter les animaux porteurs et ainsi de contrôler la propagation du gène inconnu.

Une des façons de gérer ces anomalies génétiques se trouve dans le site web de LactanetGen.ca. Les résultats des tests génétiques liés aux caractères récessifs sont affichés dans la page du Sommaire d'évaluation génétique de chaque animal accessible via l'outil de Recherche par animal du site web de LactanetGen.ca. De plus, une probabilité d'être porteur est affichée dans la page Généalogie pour refléter la probabilité qu'un animal soit porteur d'un haplotype donné. Une probabilité d'être porteur de 1 % indique qu'il est peu probable que l'animal soit porteur alors qu'une probabilité d'être porteur de 99 % indique que l'animal est fort probablement porteur de l'haplotype indésirable.

Tendances des anomalies génétiques dans la race Holstein

Plusieurs caractères récessifs sont officiellement reconnus par Holstein Canada et la World Holstein Friesian Federation (WHFF) et la majorité d'entre eux entraînent une mort embryonnaire précoce ou affectent la capacité de survie du veau. Ces conditions s'expriment quand l'animal reçoit le gène indésirable des deux parents. La Figure 1 illustre les tendances du pourcentage de femelles Holstein canadiennes estimées comme étant porteuses de cinq gènes récessifs. La découverte de ces anomalies génétiques a permis à l'industrie, y compris aux compagnies

d’I.A., d’identifier les animaux porteurs, ce qui a mené à un contrôle adéquat de ces caractères dans la population Holstein. Par exemple, le gène Brachyspina a été découvert en 2007 et un test génétique a été développé peu après et, depuis 2011, un déclin rapide de la fréquence des porteurs a été observé. Le pourcentage de femelles Holstein canadiennes nées en 2023 estimées comme étant porteuses de Brachyspina se situe maintenant à environ 1 %.

Plusieurs haplotypes indésirables connus affectent aussi la race Holstein, dont six qui ont un impact sur la fertilité (HH1 à HH6) et un qui est associé à la Déficience en cholestérol (HCD). La Figure 2 indique la tendance du pourcentage de porteuses d’haplotypes chez les femelles Holstein canadiennes. Une trajectoire similaire à celle des caractères récessifs peut être observée, selon laquelle la découverte des haplotypes et l’introduction de la génomique ont engendré une tendance à la baisse du pourcentage des animaux porteurs. Une légère exception est HH6 qui a été découvert en 2019 et qui a atteint une fréquence estimée à près de 2 % chez les animaux Holstein canadiens nés en 2023. Depuis notre plus récente mise à jour de la tendance en 2019, le pourcentage d’animaux porteurs de HH5 a commencé à diminuer chaque année et se situe maintenant à près de 5 % chez les animaux nés en 2023. De plus, chez les animaux Holstein nés entre 2020 et 2023, les fréquences de HH1 à HH4 sont maintenant inférieures au niveau de 2 %.

Le plus récent défaut génétique affectant la race Holstein, maintenant appelé le Syndrome de faiblesse musculaire précoce, a été récemment découvert par un groupe de chercheurs à l’Université Pennsylvania State. Ce syndrome de « faiblesse musculaire » (MW) est caractérisé par une faiblesse musculaire qui se manifeste chez des veaux par ailleurs en bonne santé, occasionnant une incapacité de se tenir debout pendant les six premières semaines de vie. Une analyse basée sur l’haplotype a été élaborée aux États-Unis et, au cours des prochains mois, Lactanet utilisera ces résultats pour calculer et afficher les valeurs de probabilité d’être porteur de MW dans notre site web. Gardez l’œil ouvert pour un

article contenant plus de détails.

Figure 1 : Tendance du pourcentage d'animaux Holstein canadiens estimés porteurs de différents gènes récessifs

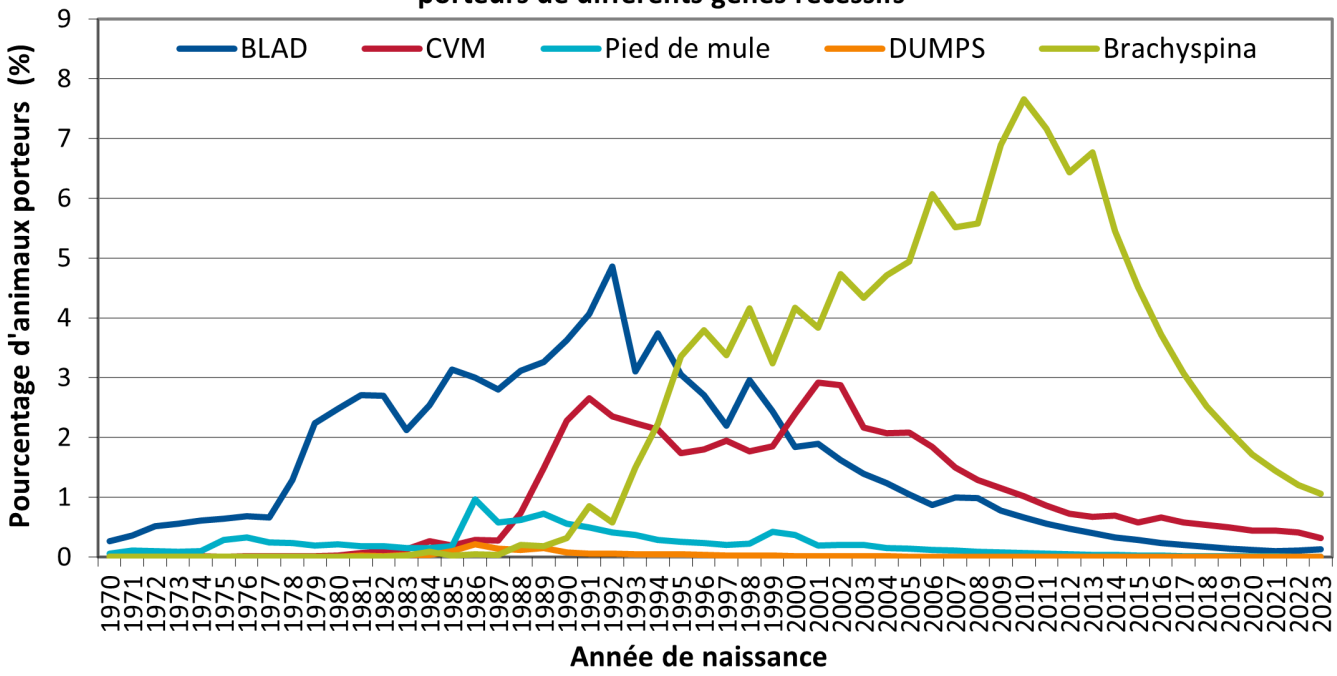
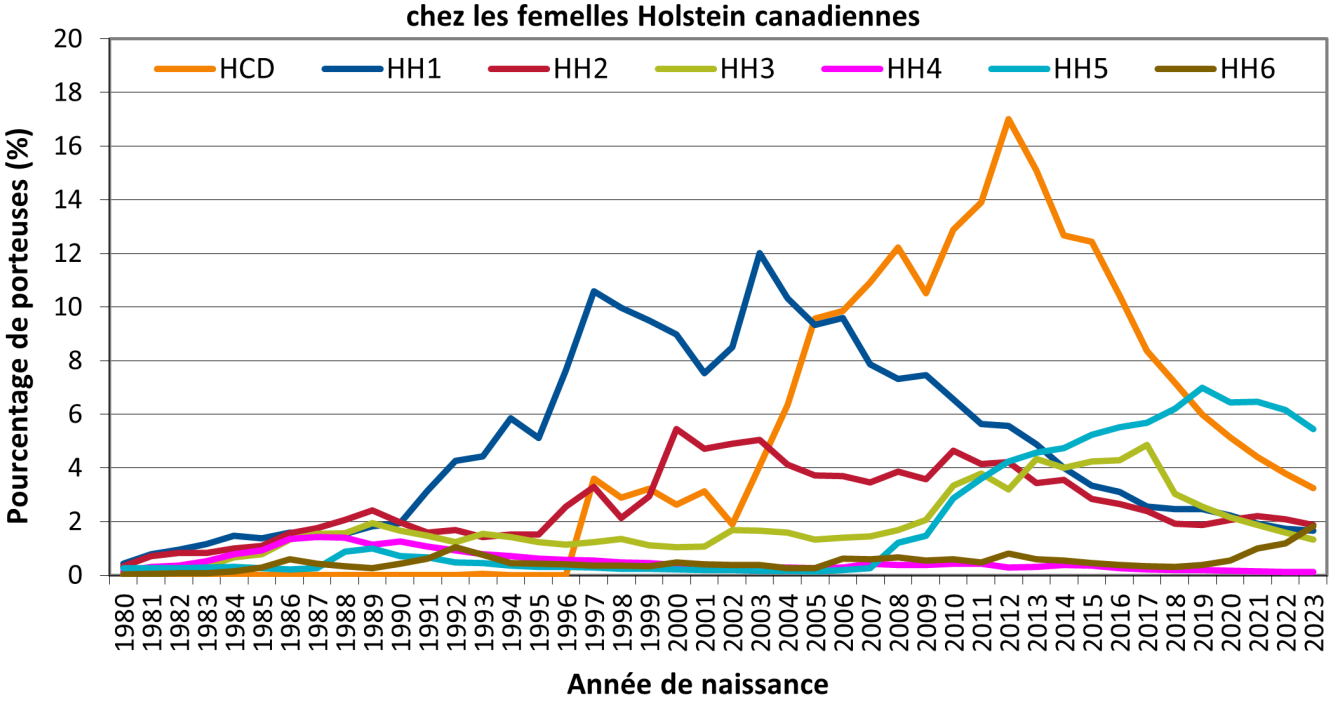


Figure 2 : Tendance du pourcentage de porteuses d'haplotypes connus chez les femelles Holstein canadiennes



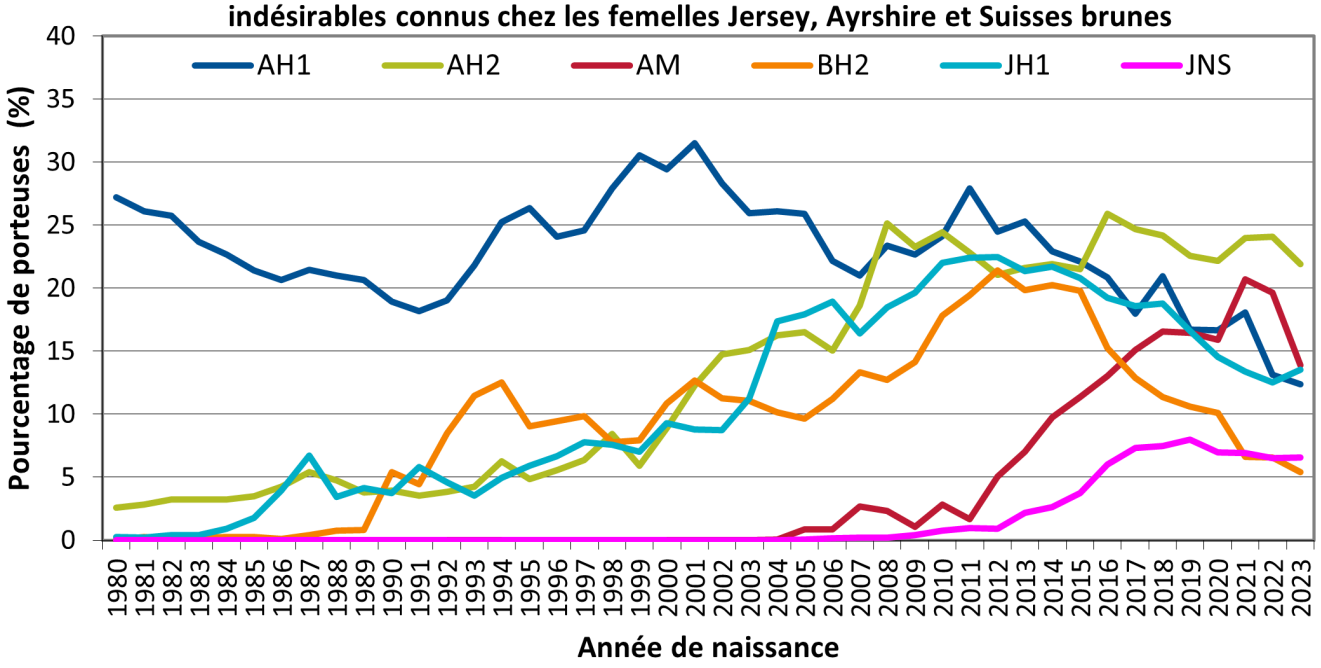
Tendances des anomalies génétiques dans les races colorées

En plus de la race Holstein, plusieurs anomalies génétiques connues affectent les races Ayrshire, Jersey et Suisse brune (Figure 3). Cela inclut des haplotypes affectant la fertilité, dont deux sont connus dans la race Ayrshire (AH1 et AH2) ainsi qu'un chacun dans la race Jersey (JH1) et la race Suisse brune (BH2). Malgré un déclin général du pourcentage de porteuses de ces haplotypes dans la population femelle canadienne, leur gestion demeure importante pour les races colorées alors que de 5 % à 22 % des génisses nées chaque année sont porteuses, selon l'haplotype.

Plus particulièrement, le pourcentage de porteuses de AH2 dans la population Ayrshire femelle a fluctué d'environ 20 % à 25 % depuis 2008. D'autre part, une tendance à la baisse est maintenant observée pour le Syndrome du veau aux articulations courbées (AM = Arthrogryposis Multiplex) qui est la plus récente anomalie génétique identifiée dans la population Ayrshire canadienne. Ce caractère récessif occasionne de la déformation et de la raideur dans les articulations qui sont courbées ou crochues. Le pourcentage de femelles porteuses d'AM a augmenté entre 2020 et 2021, mais a diminué à moins de 15 % chez les Ayrshire nées en 2023. Les probabilités d'être porteur d'AM dans la race Ayrshire devraient être suivies de près avant que des décisions d'accouplement soient prises afin de réduire davantage ces tendances.

Finalement, le plus récent haplotype identifié dans la race Jersey est la Neuropathie avec membres antérieurs évasés (JNS). Ce caractère génétique indésirable fait en sorte qu'un veau naît avec des symptômes neurologiques et une incapacité de se tenir debout. Le pourcentage estimé d'animaux porteurs de JNS nés en 2023 se situe à 6,6 %, une amélioration par rapport à 8 % en 2019. Un nouvel haplotype affectant la fertilité dans la race Suisse brune, BH14, a aussi été récemment identifié et publié régulièrement aux États-Unis. En plus de MW dans la race Holstein, Lactanet affichera les valeurs de probabilité d'être porteur de BH14 dans les mois à venir.

Figure 3 : Tendance du pourcentage de porteuses de caractères génétiques indésirables connus chez les femelles Jersey, Ayrshire et Suisses brunes



Sommaire

Le niveau important de génotypage depuis l'introduction de la génomique a permis de découvrir des gènes récessifs et des haplotypes dans chaque race. Une gestion adéquate utilisant les tests génétiques, les résultats d'haplotypes et les probabilités d'être porteur de Lactanet pour éviter d'accoupler des animaux porteurs potentiels ou connus peuvent être utilisés en tant qu'outil efficace visant à limiter la propagation de ces anomalies génétiques. Gardez l'œil ouvert dans les prochains mois pour d'autres outils de gestion offerts par Lactanet, y compris une mise à jour du calculateur de consanguinité!



By Hannah Sweett, Ph. D.

Hannah a découvert sa passion pour l'agriculture pendant ses études de premier cycle à l'Université de Guelph et grâce à son expérience professionnelle dans l'industrie laitière. Elle est titulaire d'un B.Sc. en biologie moléculaire et génétique ainsi qu'un doctorat en génétique animale axé sur l'amélioration génétique de la fertilité des bovins laitiers.



By Allison Fleming Ph. D.