

Élucider la susceptibilité génétique à la paratuberculose

Chercheurs principaux :

Nathalie Bissonnette (Agriculture et Agroalimentaire Canada (AAC) - Sherbrooke) et Kapil Tahlan (Memorial University of Newfoundland)

Co-chercheurs :

David Kelton, Flavio Schenkel (University of Guelph), Eveline Ibeagha-Awemu (AAC-Sherbrooke), Gilles Fecteau (Université de Montréal), Franck Biet (Institut national de la recherche agronomique - France)

Priorités d'investissement ciblées de la Stratégie nationale de recherche laitière :

- Amélioration génétique des vaches laitières (résistance aux maladies)
- Stratégies destinées à atténuer les maladies infectieuses ciblées (paratuberculose)

PÉRIODE : 2018-2022

BUDGET TOTAL : 1 019 988 \$

Pourquoi la recherche est importante?

La paratuberculose, aussi connue sous le nom de maladie de Johne, est une maladie inflammatoire chronique et évolutive qui affecte le tractus gastro-intestinal des ruminants et qui est causée par une infection à *Mycobacterium avium sous-espèce paratuberculosis* (MAP). La paratuberculose nuit à la santé des animaux et à la rentabilité des fermes laitières et peut entraîner des pertes financières en raison de la production laitière réduite et du risque accru de réforme prématurée. Les pertes annuelles pour le secteur laitier canadien associées à la paratuberculose sont estimées à 90 millions de dollars. Il est difficile de contrôler la paratuberculose en raison de la progression imprévisible de la maladie et de la faible sensibilité des tests diagnostiques chez certains animaux qui peuvent sembler sains, mais qui peuvent excréter la bactérie et transmettre la maladie. Il y a de plus en plus de données sur la résistance génétique à l'infection chez les bovins qui pourraient être utilisées pour compléter les autres stratégies de gestion sur les fermes.

Les chercheurs croient que grâce à la découverte de marqueurs génétiques associés à la susceptibilité ou à la résistance à la paratuberculose, de nouvelles connaissances peuvent être acquises et une amélioration génétique peut être obtenue pour accroître la résistance génétique des animaux et éliminer ceux qui excrètent la bactérie et transmettent la maladie au reste du troupeau. Une caractérisation de la diversité des souches dans les troupeaux laitiers canadiens pourrait aider à mieux comprendre la maladie et contribuer au développement d'outils de diagnostic et de vaccins pour mieux gérer la maladie.

Objectifs de la recherche :

- Identifier les marqueurs génétiques et épigénétiques associés à la résistance et à la susceptibilité à la paratuberculose chez les vaches au moyen d'une vaste collection de phénotypes de grande qualité;
- Examiner la prévalence de multiples sous-souches de MAP parmi les cas de paratuberculose et déterminer si la nature des souches pourrait avoir une incidence sur les tests diagnostiques ou la progression de la maladie.

Aperçu du projet :

Dans le cadre de recherches antérieures menées par Dre Bissonnette et ses collaborateurs, des techniques ont été mises au point pour cibler les fermes ayant une prévalence variable de la maladie et créer des approches d'échantillonnage pour bâtir un vaste répertoire de données qui serviront aux analyses génétiques. L'analyse génétique préliminaire d'un sous-groupe d'individus à l'aide de ces données a déjà permis de cibler de nouvelles régions du génome associées à la résistance à la paratuberculose.

Lors de recherches antérieures, des échantillons de sérum et de fèces, recueillis de manière répétée sur plus de 3 150 vaches, ont permis de déterminer avec précision l'évolution de la paratuberculose dans le temps. Dans le cadre du présent projet de recherche, ces résultats seront utilisés, ainsi qu'un test diagnostique additionnel qui sera effectué sur les mêmes échantillons, pour classer les animaux comme étant infectés et infectieux, infectés et présumés résistants, ou sains. Le génotypage des vaches au moyen de deux méthodes de testage génétique éprouvées, c'est-à-dire le panel de polymorphismes mononucléotidiques (SNP) et le génotypage par séquençage, aidera à identifier les marqueurs génétiques et les gènes associés à la susceptibilité à la paratuberculose. Le profil de régulation épigénétique de l'expression génique sera également établi chez les animaux infectés et sains. Par ailleurs, la diversité des souches de MAP isolées chez des animaux présentant une différence quant à l'évolution de la maladie sera caractérisée au moyen d'outils moléculaires. Des analyses seront effectuées pour déterminer quels facteurs, y compris le génotype de la souche et l'existence de souches multiples, affectent la performance des tests diagnostiques et l'évolution de la maladie.

Résultats attendus :

L'identification de nouveaux marqueurs génétiques associés à la paratuberculose pour améliorer la résistance naturelle à la maladie par la sélection génétique et une meilleure compréhension de l'épidémiologie et de la relation hôte-pathogène pour aider au développement d'outils de diagnostic et de vaccins.

La participation de huit fermes laitières canadiennes contribuera à la réussite de ce projet.

PARTENAIRES FINANCIERS :

 PARTENARIAT
CANADIEN pour
l'AGRICULTURE



 Canada

Contribution en nature par :

