Évaluation de la fréquence des allèles du gène Prp (tremblante) chez les principales races de mouton

Projet no : 2077

Réalisé par :

Centre d'expertise en production ovine du Québec

TransBIOTech

RAPPORT FINAL

Couvrant la période entre août 2003 et juin 2005

Rédigé par :
Anne Leboeuf, dmv, M.Sc., CEPOQ

En collaboration avec :
Yvan L'Homme, PhD, TBT
Johanne Cameron, agr., CEPOQ
Marie Vachon, agr., CEPOQ
Germain Blouin, agr., CEPOQ

2005

Table des matières

1 Résumé du projet 5
2 Description du projet 7
2.1 Problématique 7
2.2 Objectif général 8
2.3 Objectifs spécifiques 8
2.4 Méthodologie 9
2.5 Étapes et échéances 14
3 Résultats 15
3.1 Portrait par race : résultats obtenus 15
3.2 Génotype tremblante et paramètres zootechniques : résultats obtenus 19
3.3 Recommandations pour une sélection par rapport au génotype tremblante 24
3.4 Diffusion des résultats 30
4 Plan de financement 31
5 Conclusions et recommandations 33
6 Références Citées 34

Liste des tableaux

Tableau 1. Plan d'échantillonnage 10

Tableau 2. Activités réalisées 14

Tableau 3. Répartition des allèles selon la race. 16

Tableau 4. Répartition des génotypes selon la race 17

Tableau 5. Répartition des génotypes parmi les brebis du CEPOQ en fonction de l'âge 19

Tableau 6. Association entre génotype-tremblante et potentiel génétique 21

Tableau 7. Activités de diffusion des résultats réalisées 30

Tableau 8. Détails des montants dépensés 31

Liste des figures

Figure 1. Répartition des allèles selon la race 15

Figure 2. Répartition des génotypes selon la race..... 15

Figure 3. Répartition des génotypes entre troupeaux pour les races Dorset et Polypay 18

Figure 4. Répartition des génotypes parmi les brebis du CEPOQ 19

Figure 5. EPD nombre d'agneaux nés 22

Figure 6. EPD poids naissance contribution maternelle 22

Figure 7. EPD nombre d'agneaux sevrés 23

Figure 8. EPD poids à 50 jours contribution maternelle 23

Figure 9. Plan A : Diagramme de sélection intégrant le génotypage pour la tremblante..... 27

Figure 10. Échelle de résistance des principaux génotypes-tremblante…….28

1 RÉSUMÉ DU PROJET

Le projet « Évaluation de la fréquence des allèles du gène Prp (tremblante) chez les principales races de mouton » s'est terminé en juin 2005. Le protocole comportait 3 grandes phases : 1) préparation, collecte des échantillons et analyses en laboratoire, 2) validation et analyse des résultats et 3) diffusion et transfert des résultats et des recommandations qui s'y rattachent. Les 3 phases ont été complétées avec succès.

Le projet a permis de caractériser le cheptel ovin québécois quant à la résistance génétique à la tremblante en :

- ✓ Établissant, avec précision, un portrait de la fréquence des allèles et des génotypes pour les codons 136, 154 et 171 du gène Prp chez les principales races de moutons au Québec par le testage des mâles reproducteurs.
- ✓ Évaluant le lien entre les génotypes et les performances zootechniques des brebis à l'intérieur du troupeau de recherche du CEPOQ.
- ✓ Établissant les bases d'un schéma de sélection en fonction du génotype pour la tremblante

Au niveau du portrait par race, le plan d'échantillonnage a été suivi et la réception du milieu a été très positive. En tout, 49 troupeaux ont été visités et 500 béliers ont été prélevés. Bien que certaines races soient apparues plus avantagées, toutes les races évaluées (7) bénéficient d'un bassin d'allèles (ARR) et de génotypes (ARR/ARR) intéressants pour une sélection vers la résistance à la tremblante. L'allèle VRQ et le génotype VRQ/VRQ – considérés comme les plus sensibles - sont apparus peu à très peu fréquents pour toutes les races évaluées.

Pour évaluer le lien entre les génotypes et les performances zootechniques des brebis, les brebis et agnelles du CEPOQ ont été génotypées. Les analyses des Écarts prévus chez les descendants (EPDs nombre d'agneaux nés, poids à la naissance – cont. maternelle, nombre d'agneaux sevrés et poids à 50 jrs – cont. maternelle) ont permis d'explorer les associations entre génotypes tremblante et potentiel génétique de productivité des brebis. À l'image de ce qui est décrit dans la littérature, les résultats du projet n'indiquent pas d'association forte entre génotype et EPD. Une sélection sur le génotype ne devrait donc pas être un frein à une amélioration du potentiel génétique de productivité pour les paramètres évalués.

À partir de tous les résultats et d'une mise à jour régulière des connaissances sur la tremblante, des recommandations ont été émises et des activités de diffusion ciblées ont été organisées pour les présenter.

Aspect novateur, importance et impact du projet

Cette étude a permis d'avoir une image précise de la fréquence des différents allèles et génotypes tremblante chez les principales races de moutons au Québec et d'étudier leur association avec le potentiel génétique de productivité des brebis. Ces données n'étaient pas connues pour la population ovine québécoise. Il était pourtant essentiel de connaître cet aspect pour établir des recommandations éclairées et avantageuses pour les producteurs ovins québécois. Le projet a aussi favorisé la réflexion face au développement de stratégies de sélection des reproducteurs s'appuyant sur cette résistance naturelle. Des recommandations ont été faites dans l'optique de favoriser des prises de décision éclairées de la part des producteurs, des organisations de producteurs et des gouvernements. Les résultats ont aussi été diffusés auprès des vétérinaires, conseillers techniques et autres intervenants du secteur de façon à ce que le service-conseil aux producteurs bénéficie de toute l'information disponible.

Le projet « Évaluation de la fréquence des allèles du gène Prp (tremblante) chez les principales races de mouton » a été réalisé par le CEPOQ en partenariat avec TransBIOTech de Lévis. Il a reçu le soutien financier du CDAQ. Nous tenons aussi à remercier Denise Bélanger, épidémiologiste à la FMV de St-Hyacinthe, pour son aide à l'analyse des données et tous les producteurs participants.

2 DESCRIPTION DU PROJET

2.1 Problématique

La tremblante est une maladie dégénérative du système nerveux que l'on retrouve chez les moutons et les chèvres et dont l'issue est toujours fatale. Il n'y a pas de traitement ni de vaccin ni même d'épreuve diagnostique sensible disponible pour l'animal vivant. Étant donné la proximité entre la tremblante et la maladie de la vache folle (encéphalopathie spongiforme bovine), les marchés internationaux, déjà très sensibles aux problématiques liées aux prions, semblent s'orienter vers des barrières sanitaires qui limitent fortement les échanges avec les pays non indemnes de tremblante. La crise nord-américaine de la vache folle a d'ailleurs occasionné des fermetures de frontières aux ovins canadiens et à plusieurs de leurs produits.

Au Canada, la tremblante est une maladie à déclaration obligatoire depuis 1945. Depuis 1984, 142 troupeaux ont été dépeuplés dans le cadre du programme de contrôle, dont plus de la moitié au Québec. Dans cette province, plus de 6 000 ovins ont été abattus en 2001 et le montant des compensations a dépassé 2 millions de dollars (ACIA, 2002). Il va sans dire que les pertes génétiques pour les entreprises et races concernées sont aussi énormes.

La tremblante serait une maladie infectieuse mais la susceptibilité d'être atteint est associée à un gène spécifique. Il existe en effet un lien très étroit entre les différents formes du gène Prp **(allèles)** et la sensibilité ou la résistance à la tremblante. Les allèles diffèrent principalement à 3 codons du gène soit les codons 136, 154 et 171. Les animaux portant une combinaison d'allèles dits sensibles sont plus à risque de développer la maladie, alors que ceux portant une combinaison d'allèles dits résistants semblent plus à l'abri. Jusqu'à présent, l'homozygotie AA_{136} RR_{154} RR_{171} (ARR/ARR) semble apporter une très grande résistance alors que l'homozygotie VV_{136} RR_{154} QQ_{171} (VRQ/VRQ) serait associée à une très grande sensibilité. Il existe entre ces deux extrêmes plusieurs combinaisons d'allèles dites intermédiaires et leur comportement face à la tremblante demeure l'objet de nombreuses recherches.

Le génotype AA_{136} RR_{154} RR_{171} (ARR/ARR) est loin d'être omniprésent dans les populations ovines évaluées. Plusieurs études réalisées en Europe et aux États-Unis indiquent qu'il existe des variations importantes dans la fréquence des différents allèles entre les races, les lignées et les régions. Certaines races semblent manifestement plus résistantes que d'autres (Drogemuller *et al.* 2001, Alexander *et al.* 2002, Palhière *et al.* 2002, Hunter *et al.* 1997, De Silva *et al.* 2003, Acin *et al.* 2004, Roels *et al.* 2004, Thorgeirsdottir *et al.* 1999, Tranulis *et al.* 1999, Tongue *et al.* 2004) et le travail de sélection entrepris depuis quelques années dans certains pays a permis de faire évoluer ce portrait en faveur d'un plus grand nombre de reproducteurs résistants (Barillet 2004).

Peu de données sont disponibles pour estimer l'impact zootechnique d'une telle sélection basée sur le génotype tremblante. Les rares références ne sont pas concordantes. À partir d'un troupeau expérimental de moutons Suffolk infectés par la tremblante, Prokopova (Prokopova *et al.* 2002) a exploré l'association entre une sélection pour une production de viande maigre et la sensibilité à la tremblante. Les auteurs n'ont pas mis en évidence de différences significatives entre les génotypes et les 3 EBV (estimated breeding values) ou l'index étudiés. Une étude italienne indique que les béliers de race Biellese possédant l'allèle ARR n'étaient pas favorisés par la sélection sans connaissance du génotype, suggérant un lien possible entre les autres allèles du gène PrP et des paramètres de productivité (Acutis *et al.* 2004). Dans le cadre de la stratégie hollandaise d'éradication de la tremblante, une étude rapporte que la sélection en race

Texel pour le génotype ARR/ARR a eu un léger effet positif sur la taille de portée et un léger effet négatif sur le poids des agneaux à 135 jours. Les auteurs ont travaillé à partir des EBV. Une association positive entre l'allèle VRQ et la taille de portée et le poids des agneaux à 135 jours a aussi été notée, les chercheurs suggérant que cela ait pu favoriser un maintien de cet allèle dans la population étudiée (Brandsma *et al* 2004). Au Wyoming, Alexander *et al.* (2005) ont tenté d'évaluer l'association entre la présence de l'allèle R au codon 171 et différentes caractéristiques zootechniques chez les brebis de 5 races ou types raciaux différents. Chez les Suffolk, le génotype homozygote non R / non R au codon 171 est apparu associé à plus d'agneaux nés, à un poids individuel au sevrage plus bas et à un poids total d'agneaux sevrés plus élevé que le génotype hétérozygote non R / R. Chez les brebis croisées, les génotypes non R / non R et non R / R ont été associés à une meilleure prolificité que pour le génotype R / R. Par contre, aucune différence n'a été notée chez ces brebis pour le poids d'agneaux sevrés. Aucune différence significative n'a été mise en évidence pour les autres races évaluées (Columbia, Hampshire, Rambouillet). Chase-Topping et al. (2005) ont examiné les performances individuelles des brebis (taille de portée, temps de survie des brebis et nombre total d'agneaux nés vivants / brebis) en fonction du génotype tremblante dans 5 troupeaux naturellement infectés par la tremblante. La taille de portée n'était pas associée avec le génotype tremblante. Par contre, le temps de survie et le nombre total d'agneaux nés vivants durant la vie de la brebis étaient réduits chez les individus de génotype sensible à la tremblante, et ce, même si les brebis n'étaient pas atteintes de tremblante clinique. Les auteurs suggèrent que des infections sous-cliniques non détectées pourraient expliquer une longévité plus faible et, par conséquent, une production d'agneaux « à vie » réduite.

Différents pays (dont la Grande Bretagne et la France) ont déjà mis en place des programmes de contrôle et d'éradication de la tremblante basés sur l'utilisation de reproducteurs génétiquement résistants à la maladie. Au Canada, l'ACIA est responsable de l'application de la Loi canadienne sur la santé des animaux dans laquelle la tremblante est identifiée comme une maladie à déclaration obligatoire. En ce sens, c'est l'ACIA qui prend à sa charge tout suivi lors de suspicion de tremblante dans un troupeau. C'est elle qui élabore et applique le programme de contrôle lorsqu'un cas est identifié. C'est encore elle qui est le maître d'œuvre dans l'établissement des normes pour le programme de certification volontaire des troupeaux ovins pour la tremblante (programme qui offrira sous peu aux éleveurs la possibilité de faire reconnaître le statut d'exemption de leur troupeau face à la tremblante; pour ce faire, le programme utilisera, entre autres, la technique de génotypage du gène PrP).

2.2 Objectif général

Caractériser le cheptel ovin québécois quant à la résistance génétique à la tremblante.

2.3 Objectifs spécifiques

Les objectifs spécifiques fixés au départ étaient :

- Établir, avec précision, un portrait de la fréquence des allèles et des génotypes pour les codons 136, 154 et 171 du gène Prp chez les principales races de moutons au Québec par le testage des mâles reproducteurs.

- Évaluer le lien entre ces génotypes et les performances zootechniques des brebis à l'intérieur du troupeau de recherche du CEPOQ.

- Établir les bases d'un schéma de sélection en fonction du génotype pour la tremblante.

Au terme du projet, ces objectifs ont tous pu être atteints. Les prélèvements de sang (n = 500) pour l'établissement du portrait race par race ont été réalisés avec succès et le laboratoire TransBIOTech a rempli son mandat d'analyses avec beaucoup de professionnalisme. Le portrait de la fréquence des allèles et des génotypes tremblante a donc pu être établi.

La réalisation du deuxième objectif a été facilitée par la présence, dans le troupeau du CEPOQ, d'une grande variabilité génétique face à la tremblante. Inconnue au départ, cette situation s'est avérée précieuse puisqu'elle nous a permis de comparer les principaux génotypes d'importance par rapport aux paramètres génétiques de productivité utilisés dans la sélection des reproducteurs (EPD).

Enfin, le troisième objectif spécifique étant axé sur la diffusion des résultats, son atteinte s'est concrétisée principalement au cours de la deuxième année du projet. Certaines activités de vulgarisation et de diffusion restent encore à faire. Elles sont prévues pour la prochaine année.

2.4 Méthodologie

Méthodologie utilisée

1ère et 2ème étape : Préparation de la phase terrain et Récolte des échantillons et données

À peu de chose près, le projet a suivi la planification initiale. L'automne 2003 était consacré à la collecte des échantillons sur le terrain et tout s'est déroulé comme prévu. En ce qui concerne la sélection des troupeaux, nous avons fait une première approche auprès de tous les élevages (n = 109) qui avaient participé au programme d'évaluation génétique GenOvis en 2002. Ils devaient nous indiquer leur intérêt à participer et le nombre de béliers ou jeunes mâles disponibles pour l'étude. Au total, 81 (74%) éleveurs ont indiqué leur intérêt et 1 105 individus de 22 races ont été proposés pour prélèvement sanguin.

Considérant le grand nombre de sujets disponibles et le nombre de prélèvements autorisé par le protocole (500), nous avons décidé de nous concentrer sur les 7 races ayant évalué, en moyenne, au moins 150 brebis par année dans le programme GenOvis au cours des 3 dernières années (2000, 2001, 2002), en mettant plus d'emphase sur les races à vocation maternelle. Cette décision nous assure d'avoir un échantillon d'individus suffisamment grand dans chacune des races retenues. À l'intérieur de ces races, le choix des troupeaux et des animaux a répondu à des questions de logistique et de représentativité mais l'entreprise participante se devait de respecter les critères établis soit :

- ✓ Béliers pur-sang d'une des 7 races choisies
- ✓ Béliers nécessairement identifiés par un identifiant unique individuel.

Au total, 500 béliers ont été prélevés dans 49 fermes ovines et leur échantillon sanguin a été envoyé au laboratoire de TransBIOTech pour le génotypage pour la tremblante. Il a fallu ajuster le plan d'échantillonnage prévu en fonction de ce qui était réellement disponible au moment où

nous sommes passés dans les fermes. C'est ce qui explique les écarts entre les prélèvements prévus et ceux effectivement réalisés.

Tableau 1. Plan d'échantillonnage		
	Prévu	**Réalisé**
Dorset	120	142
Polypay	110	97
Arcott-Rideau	50	52
Romanov	60	57
Suffolk	90	84
Hampshire	40	40
Arcott-Canadien	30	28
Total	500	500

Parallèlement à ces prélèvements à travers le Québec, les brebis du CEPOQ ont été échantillonnées en août et septembre 2003. Leur sang a été envoyé au laboratoire de TransBIOTech pour analyse en génotypage tremblante.

3ème étape : Analyses en laboratoire

À leur arrivée au laboratoire de génotypage de TransBIOTech, les échantillons ont été traités pour en extraire l'ADN. Puis, le gène de la tremblante a été amplifié par PCR en temps réel. Les produits PCR ont ensuite été analysés pour déterminer le génotype des animaux pour les 3 codons d'intérêt.

Puisqu'il n'y a pas de programme d'accréditation ou d'approbation pour les laboratoires qui font du génotypage tremblante au Canada, une validation externe des analyses a été effectuée. Ainsi, les 142 premiers échantillons ont été analysés par deux laboratoires indépendants, soit un laboratoire français accrédité par la Communauté Européenne et reconnu par les autorités de l'Agence canadienne d'inspection des aliments, LABOGENA, et TransBIOTech. **Toutes les paires d'échantillons (100%) ont obtenu des résultats concordants**. Les analyses subséquentes se sont déroulées uniquement dans les laboratoires de TransBIOTech, en duplicata. TransBIOTech a mis en œuvre un programme de contrôle de qualité à l'interne qui assure la fiabilité des analyses de génotypage réalisées.

PCR en temps réel : description des trois réactions indépendantes utilisées (une pour chaque codon).

Pour chacune des 3 réactions, les conditions étaient les suivantes : volume final de la réaction de 25µl avec chaque nucléotide à 100µM, chaque amorce à 400 µM, chaque sonde à 200µM, 3mM $MgCl_2$, 100mM Tris-HCl (pH 8.3), 50mM KCl, 50-100ng ADN, 0.5U *Platinum Taq (Invitrogen)*.**Codon 136**

Les échantillons étaient amplifiés dans un appareil PCR en temps réel (*Mx3000p - Stratagene*) selon le cycle suivant : 2 minutes à 94ºC suivi de 40 cycles à 94ºC 15sec, 62º C 45sec et 72ºC 30sec. La fluorescence était mesurée à chaque cycle à la fin du plateau à 62ºC.

Sonde 136A - 5' **FAM** - TCG GGC TGG GAA GTG **C**CA TGA GCA GGC GCC CGA – **BHQ1** 3'
Sonde 136V- 5' -**HEX** AGC GAT TGG GAA GTG **T**CA TGA GCA GGA TCG CT – **BHQ2** 3'
Amorces : 136 sens- 5' - ATG AAG CAT GTG GCA GGA GC - 3'
Anti-sens- 5' - ACG GTC CTC ATA GTC ATT GCC - 3'

Codon 154

Les échantillons étaient amplifiés dans un appareil PCR en temps réel (*Mx3000p- Stratagene*) selon le cycle suivant : 2 minutes à 94°C suivi de 40 cycles à 94ºC 15sec, 60ºC 45sec et 30sec 72ºC. La fluorescence était mesurée à chaque cycle à la fin du plateau à 60ºC.

Sonde 154H- 5' **HEX**- CGC GAG ACC GTT ACT ATC **A**TG AAA ACA TGT CGC G –**BHQ2** 3'
Sonde 154R- 5' **FAM**- CGC GAA CCG TTA CTA TC**G** TGA AAA CAT GTC GCG –**BHQ 1** 3'
Amorces : 154 sens 5' - ATG AAG CAT GTG GCA GGA GC - 3'
Anti-sens 5' - CTG ATC CAC TGG TCT GTA GTA CAC - 3'

Codon 171

Les échantillons étaient amplifiés dans un appareil PCR en temps réel (*Mx3000p- Stratagene*) selon le cycle suivant : 2 minutes à 94°C suivi de 40 cycles à 94ºC 15sec, 59ºC 45sec et 30sec 72ºC. La fluorescence était mesurée à chaque cycle à la fin du plateau à 59ºC.

Sonde 171Q 5' -**FAM** CGC GAT CCA GTG GAT C**A**G TAT AGT AAC CAT CGC G –**BHQ1** 3'
Sonde 171R 5' -**HEX** CGC GAT CCA GTG GAT C**C**G TAT AGT AAC CAT CGC G –**BHQ2** 3'
Sonde 171H 5' –**CY5** CGC GAT CCA GTG GAT CA**T** TAT AGT AAC CAT CGC G –**BHQ2** 3'
Amorces: 171 sens 5' - CGT GAA AAC ATG TAC CGT TAC CCC - 3‘
Anti-sens 5' - GGT GAC TGT GTG TTG CTT GAC TG - 3'

4ème étape : Compilation, validation et traitement des données

Les données ont été compilées, saisies dans un chiffrier et validées. La revue de littérature a été mise à jour en continu.

Pour répondre à l'objectif spécifique 2, les génotypes-tremblante de 361 brebis Dorset du troupeau du CEPOQ ont été analysés par rapport au potentiel génétique de productivité des brebis (les EPD) tels que calculés par le programme GenOvis. Ce type de variable a été préféré à des données brutes de productivité qui auraient pu être analysées dans un modèle multivarié parce que les EPD permettaient de caractériser directement l'individu par une donnée synthétique.

Le troupeau du CEPOQ est un troupeau homogène en race pure Dorset qui n'a introduit aucun animal de l'extérieur depuis plus de 5 ans. On peut donc le considérer comme un troupeau complètement fermé. Depuis 1999, le personnel du CEPOQ a sélectionné les reproducteurs en fonction de leurs EPD de croissance et de leur conformation. La réforme a ciblé les brebis âgées ainsi que celles à problèmes reproducteurs ou mammaires.

L'objectif spécifique 2 du projet (Évaluer le lien entre les génotypes et les performances zootechniques des brebis à l'intérieur du troupeau de recherche du CEPOQ) tente de répondre à la question : « Si un éleveur sélectionne sur le critère du génotypage, va-t-il, par ricochet, sélectionner pour une amélioration de la productivité du troupeau ou à l'inverse pour une détérioration des performances? » En d'autres mots, « Des gènes ayant des effets sur la productivité sont-ils liés à certains allèles du gène PrP? ».

Un EPD (écart prévu chez les descendants) est une estimation de la valeur génétique qu'un animal transmettra à ses descendants. Le calcul d'un EPD prend en compte toute l'information disponible sur les rendements de l'animal lui-même et des individus apparentés (parents, grands-parents, frères, sœurs, progéniture, …). Les animaux ayant le meilleur EPD pour un caractère offrent la plus forte probabilité de produire des descendants exceptionnels pour ce caractère particulier. La précision des EPD augmente à mesure que le nombre de données utilisables pour les calculer augmente.

Les EPD sont exprimés dans les mêmes unités que celles de mesure du caractère. Ainsi, les EPD de nombre d'animaux nés sont également exprimés en nombre d'agneaux. Il est important de se rappeler que les EPD sont exprimés comme une différence génétique par rapport à l'animal moyen de la race, pour ce caractère particulier. Par conséquent, un animal ayant un EPD de nombre d'animaux nés de + 0,10 signifie que les descendants de cet animal donneront en moyenne 0,1 agneau de plus que l'animal moyen.

Les EPD analysés dans le cadre de ce projet sont : EPD nombre d'agneaux nés, EPD Poids à la naissance – contribution maternelle, EPD nombre d'agneaux sevrés et EPD poids à 50 jours contribution maternelle.

Nombre d'animaux nés
Il s'agit du nombre d'agneaux nés par agnelage. Cette valeur ne tient pas compte de la fréquence des agnelages.

Poids à la naissance - Maternel
Il s'agit de l'effet maternel sur le poids à la naissance, c'est-à-dire la taille physique de l'utérus, capacité d'ingestion et de la cavité corporelle portant les agneaux, aptitude à transférer efficacement les nutriments aux fœtus, ...

Nombre d'animaux sevrés
Il s'agit du nombre d'animaux sevrés par la brebis, par agnelage.

Poids à 50 jours - Maternel
Il s'agit de l'effet de la brebis sur le poids des agneaux à 50 jours, c'est-à-dire la quantité de lait disponible, la capacité de maternage, …

5ème étape : Analyse des résultats
Après compilation et validation, toutes les données ont été analysées à l'aide de logiciels de traitement des données (Excel) et de statistiques (NCSS).

Type d'analyses pour répondre à l'objectif 2.

Les analyses ont été réalisées à l'aide du logiciel de statistiques NCSS. Sont présentés dans ce rapport:
- ✓ des « box plots » pour décrire visuellement chacune des variables étudiées

- ✓ les résultats d'une Analyse de variance à une voie (ONE-WAY ANOVA) et du test de comparaison multiple a posteriori de Tukey-Kramer pour explorer une éventuelle association entre génotype et potentiel génétique des brebis.

Les assomptions de base de l'Analyse de variance (homogénéité et normalité) étaient presque toujours respectées. Quand elles ne l'étaient pas, la transformation des données (racine carrée, log, ln) a été tentée mais cela n'a pas apporté de modification au respect des assomptions ni aux résultats de l'analyse. Les données brutes ont donc été conservées.

6ème étape : Rédaction du rapport
Le rapport a été rédigé par les chargées de projet. Le rapport se veut exhaustif et vulgarisé.

7ème étape : Diffusion des résultats
Voir à la section 3,4.

2.5 Étapes et échéances

Le tableau 2 présente les activités réalisées.

Tableau 2. Activités réalisées

Activités	*Date prévue*	*Date réelle*	*Finalités*	*Notes*
Préparation de la phase terrain	Avril à août 2003	Avril à août 2003	Établir le plan d'échantillonnage	*Excellente participation des producteurs*
Phase terrain : récolte des échantillons et données	Août à novembre 2003	Août à décembre 2003	Prélever des échantillons sanguins sur près de 900 béliers et brebis	*Certains troupeaux ont retardé notre passage pour des raisons de choix de reproducteurs.*
Analyses en laboratoire	Septembre 2003 à Janvier 2004	Septembre 2003 à avril 2004	La transmission des résultats par troupeau a été complétée en avril; ils ont été par la suite acheminés individuellement à chaque producteur participant	*La phase de rééquipement et de revalidation interne chez TransBIOTech a été plus longue que prévue*
Rédaction d'un rapport intérimaire	Février 2004	Février 2004	Production d'un rapport d'étape pour le CDAQ	
Compilation et validation des données	Janvier à avril 2004	Avril à septembre 2004	Produire un fichier de données complètes et validées	*Cette phase s'est faite en 2 temps : les données pour les mâles de différentes races d'abord puis les données des femelles du CEPOQ*
Analyses des résultats	Avril à août 2004	Avril à décembre 2004	Digérer les données pour en tirer une information pertinente et utile	*idem*
Rédaction du rapport	Septembre à décembre 2004	Mars à juin 2005	Remise d'une copie du rapport au CDAQ et aux partenaires	
Diffusion des résultats	Janvier à mars 2005	Avril 2004 à juin 2005	Diffusion des résultats selon le plan établi	*Volet vulgarisation auprès des producteurs, volet plus scientifique auprès des professionnels*

3 RÉSULTATS

3.1 Portrait par race : résultats obtenus

Les résultats des analyses en génotypage sont présentés par allèle (fig. 1, tabl. 3) et par génotype (fig. 2, tabl. 4) en fonction de la race. On constate que les allèles et génotypes associés à une plus grande résistance sont présents chez toutes les races évaluées. Certaines races - Dorset, Arcott-Canadien et Polypay - ont cependant accès à un plus fort noyau de reproducteurs hautement résistants (ARR/ARR). Par ailleurs, l'allèle de forte sensibilité à la tremblante (VRQ) est présent, en faible proportion, chez 5 des 7 races évaluées soit les races Arcott-Canadien, Dorset, Romanov, Hampshire et Suffolk. Une échelle de la résistance relative des différents allèles et génotypes est présentée à la figure 10, page 28.

Figure 1. **Répartition des allèles selon la race**
Les allèles sont placés du plus résistant (en haut) au plus sensible (en bas).

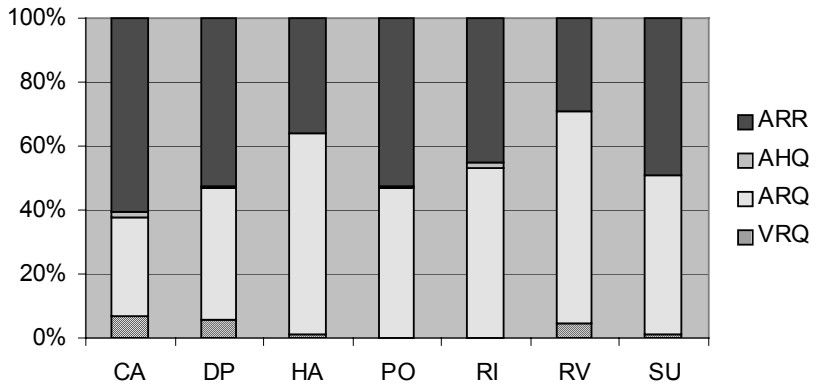


Figure 2. **Répartition des génotypes selon la race**
(Les génotypes sont placés du plus résistant (en haut) au plus sensible (en bas)).

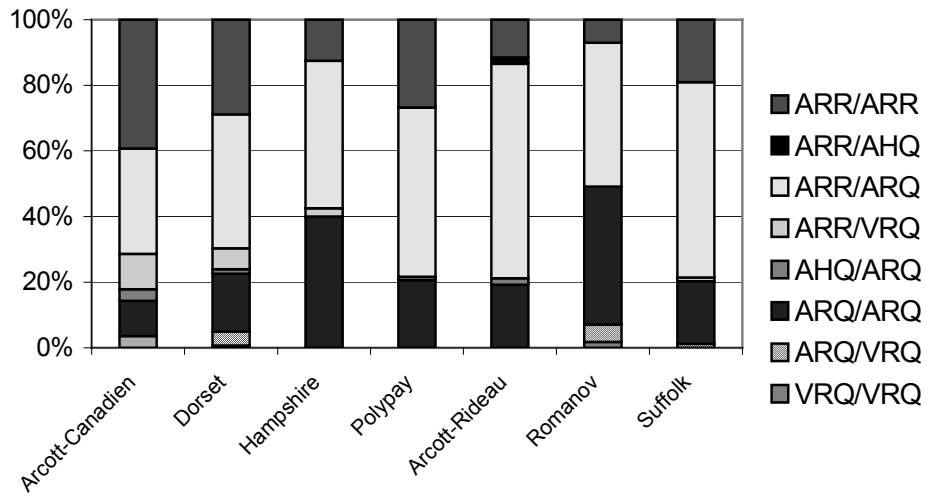


Tableau 3. Répartition des allèles selon la race.

	Race														
	CA		DP		HA		PO		RI		RV		SU		Total
	nb	%	nb	%	nb	%	nb	%	nb	%	nb	%	nb	%	nb
ARR	34	60,7%	149	52,5%	29	36,25%	102	52,6%	47	45,2%	33	28,9%	83	49,4%	477
AHQ	1	1,8%	2	0,7%		0%	1	0,5%	2	1,9%		0%		0%	6
ARQ	17	30,4%	116	40,8%	50	62,5%	91	46,9%	55	52,9%	76	66,7%	83	49,4%	488
VRQ	4	7,1%	17	6,0%	1	1,25%		0%		0%	5	4,4%	2	1,2%	29
Total	**56**	**100%**	**284**	**100%**	**80**	**100%**	**194**	**100%**	**104**	**100%**	**114**	**100%**	**168**	**100%**	**1000**

Tableau 4. Répartition des génotypes selon la race.

	Race														
	CA		DP		HA		PO		RI		RV		SU		Total
	nb	%	nb	%	nb	%	nb	%	nb	%	nb	%	nb	%	nb
ARR/ARR	11	39,3%	41	28,9%	5	12,5%	26	26,8%	6	11,5%	4	7,0%	16	19,1%	109
ARR/AHQ		0%		0%		0%		0%	1	1,9%		0%		0%	1
ARR/ARQ	9	32,1%	58	40,9%	18	45%	50	51,6%	34	65,4%	25	43,9%	50	59,5%	244
ARR/VRQ	3	10,7%	9	6,3%	1	2,5%		0%		0%		0%	1	1,2%	14
AHQ/ARQ	1	3,6%	2	1,4%		0%	1	1,0%	1	1,9%		0%		0%	5
ARQ/ARQ	3	10,7%	25	17,6%	16	40%	20	20,6%	10	19,2%	24	42,1%	16	19,1%	114
ARQ/VRQ	1	3,6%	6	4,2%		0%		0%		0%	3	5,3%	1	1,2%	11
VRQ/VRQ		0%	1	0,7%		0%		0%		0%	1	1,8%		0%	2
Total	**28**	**100%**	**142**	**100%**	**40**	**100%**	**97**	**100%**	**52**	**100%**	**57**	**100%**	**84**	100%	**500**

Pour une même race, des variations inter-troupeaux importantes ont été observées. À titre d'exemple, les résultats par troupeau sont présentés pour les races Dorset et Polypay (fig. 3). Seuls les troupeaux ayant plus de 8 béliers testés sont présentés. Cette grande variation entre les troupeaux pour une même race incite à être très prudent dans l'énoncé de recommandations générales.

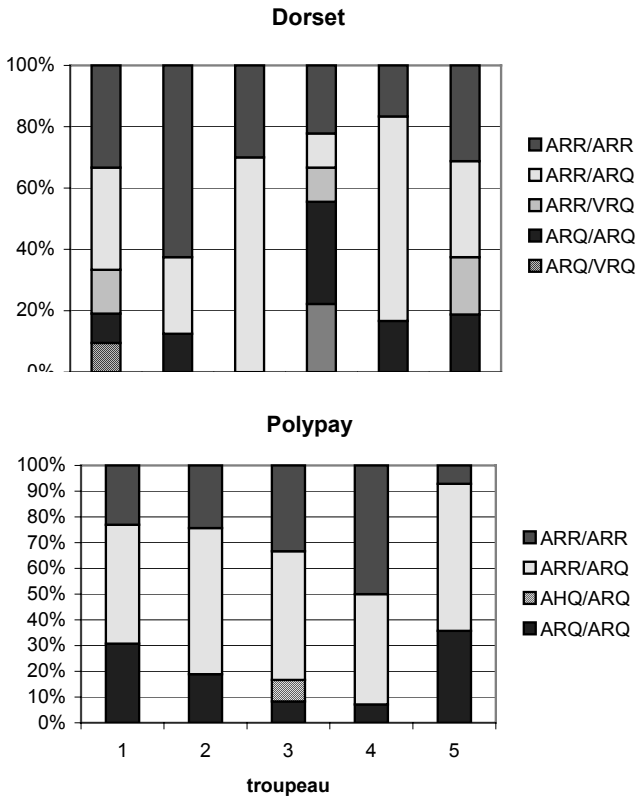


Figure 3**. Répartition des génotypes entre troupeaux pour les races Dorset et Polypay.** Se référer à la légende de la figure 1.

3.2 Génotype tremblante et paramètres zootechniques : résultats obtenus

Le portrait des génotypes au CEPOQ est présenté à la figure 4 et au tableau 5.

Figure 4**. Répartition des génotypes parmi les brebis du CEPOQ**

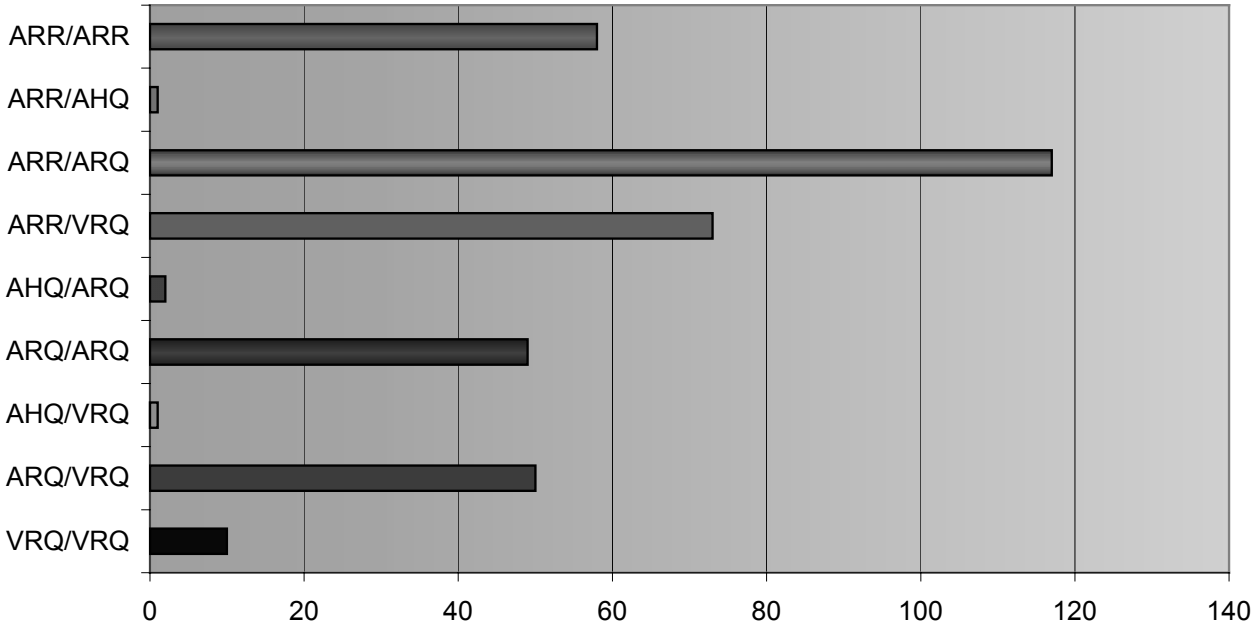


Tableau 5. Répartition des génotypes parmi les brebis du CEPOQ en fonction de l'âge

	Année de naissance										
génotype	1995	1996	1997	1998	1999	2000	2001	2002	2003	**Total**	
ARR/ARR			12		2	8	17	8	11	**58**	16,1%
ARR/AHQ						1				**1**	0,3%
ARR/ARQ		1	29	2	9	19	31	21	5	**117**	32,4%
ARR/VRQ	1		7		3	9	28	17	8	**73**	20,2%
AHQ/ARQ		1				1				**2**	0,6%
ARQ/ARQ		2	5	1	4	16	15	5	1	**49**	13,6%
AHQ/VRQ							1			**1**	0,3%
ARQ/VRQ		1	1		3	11	20	12	2	**50**	13,9%
VRQ/VRQ			1		3		4	1	1	**10**	2,8%
Total	1	5	55	3	24	65	116	64	28	**361**	

Il est intéressant de constater que tous les principaux génotypes, mis à part ceux qui contiennent l'allèle AHQ, sont représentés dans une proportion significative. Cette situation est intéressante par le fait qu'elle permet de comparer quantitativement le potentiel génétique des brebis selon le génotype qu'elles possèdent. La distribution en fonction de l'année de naissance de cette répartition (tableau 5) témoigne du choix des béliers qui s'est toujours fait sans connaître le génotype-tremblante. Si le poids de l'allèle VRQ semble s'être consolidé au fil des années, c'est probablement parce que de bons béliers en étaient porteurs.

Il a été décidé, à cette étape de ne conserver pour l'analyse statistique, que les données des brebis possédant les 6 génotypes les plus fréquents soit : ARR/ARQ, ARR/VRQ, ARR/ARR, ARQ/VRQ, ARQ/ARQ et VRQ/VRQ. Ce dernier étant beaucoup moins fréquent, les résultats le concernant doivent être analysés avec prudence. Les analyses de variance ont donc été réalisées sur les 357 brebis possédant les 6 génotypes étudiés.

Résultats de l'analyse statistique

En observant les box-plots (figures 5, 6, 7 et 8), on remarque que, pour tous les EPD, il y a beaucoup de chevauchement entre chacun des génotypes. Ces chevauchements traduisent peu ou pas de différences d'ÉPD en fonction du génotype-tremblante. Pour 2 des EPD étudiés (poids naissance Mat. & poids 50 jours Mat.), le « box plot » du génotype ARQ/ARQ semble associé à des EPD inférieurs. Par contre, pour l'EPD nb agneaux nés, le « box plot » du même génotype semble associé à des EPD supérieurs.

Les analyses de variance permettent de comparer statistiquement les données. L'hypothèse nulle (il n'y a pas de différence statistiquement significative entre les divers éléments comparés) était rejetée lorsque le test du F était plus grand que 2,21. Si F était en deçà de cette valeur (2,21), on ne pouvait rejeter l'hypothèse nulle et il n'y avait donc pas de différence statistiquement significative entre les résultats des groupes comparés.

L'analyse de variance pour l'EPD nombre d'agneaux sevrés ($F < 2,21$) ne permet pas de démontrer une association entre cet indicateur de potentiel génétique et le génotype tremblante.

Pour les autres EPD (nombre d'agneaux nés, poids naissance Mat. et poids à 50 jours Mat.), bien que les résultats permettent de rejeter l'hypothèse nulle, les ratios du F sont faibles et ne traduisent pas une association forte entre le génotype des brebis et leur potentiel génétique de productivité. On note cependant que :

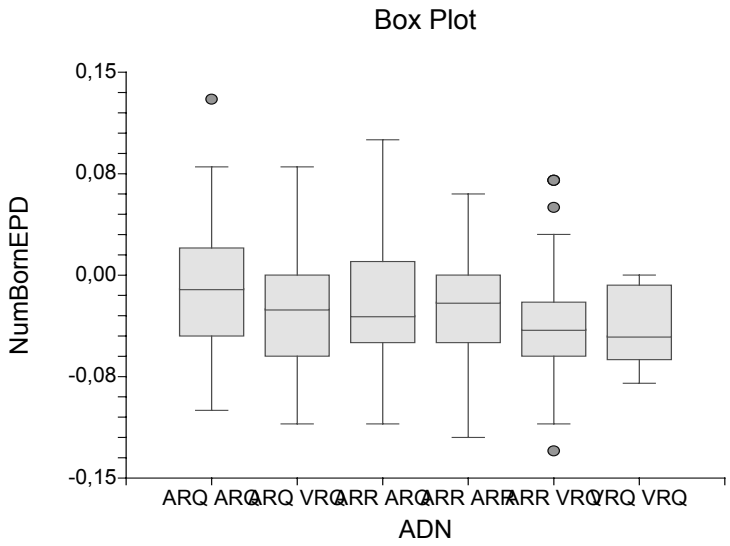
- ✓ Les génotypes ARQ/ARQ et ARR/ARQ sont légèrement supérieurs au génotype ARR/VRQ pour l'EPD nombre d'agneaux nés.
- ✓ Le génotype ARQ/ARQ est légèrement inférieur au génotype ARR/VRQ pour l'EPD poids à la naissance – Mat..
- ✓ Le génotype ARQ/ARQ est légèrement inférieur aux génotypes ARR/VRQ, ARR/ARR et ARR/ARQ pour l'EPD poids à 50 jours – Mat..

Tableau 6. Association entre génotype-tremblante et potentiel génétique (analyse de variance)

		EPD nb nés			EPD pds naiss. mat.			EPD nb sevrés ***(H_0 non rejetée)***			EPD pds 50 jrs mat.		
génotype	n	Moy.	S.E.	S..	Moy.	S.E.	S..	Moy.	S.E.	S.	Moy.	S.E.	S..
ARR/ARR	58	- 0,02	0,006		0,03	0,01		- 0,013	0,004		0,12	0,03	a^1
ARR/ARQ	117	- 0,02	0,004	a^1	0,02	0,01		- 0,008	0,003		0,11	0,02	a^1
ARR/VRQ	73	- 0,04	0,005	a^2	0,06	0,01	a^1	- 0,018	0,004	a^2	0,13	0,03	a^1
ARQ/ARQ	49	- 0,01	0,006	a^1	- 0,02	0,02	a^2	- 0,002	0,004	a^1	0,02	0,03	a^2
ARQ/VRQ	50	- 0,03	0,006		0,04	0,01		- 0,013	0,004		0,07	0,03	
S. = signification statistique au test de comparaisons multiples Tukey Kramer *a* → p < 0,05													

Les brebis de génotype ARQ/ARQ et ARR/ARQ auraient donc le potentiel de donner naissance à plus d'agneaux que celles de génotype ARR/VRQ mais les agneaux des mères ARQ/ARQ seraient plus légers la naissance et au sevrage. Les différences sont cependant faibles.

Figure 5. EPD nombre d'agneaux nés



Analyse de variance

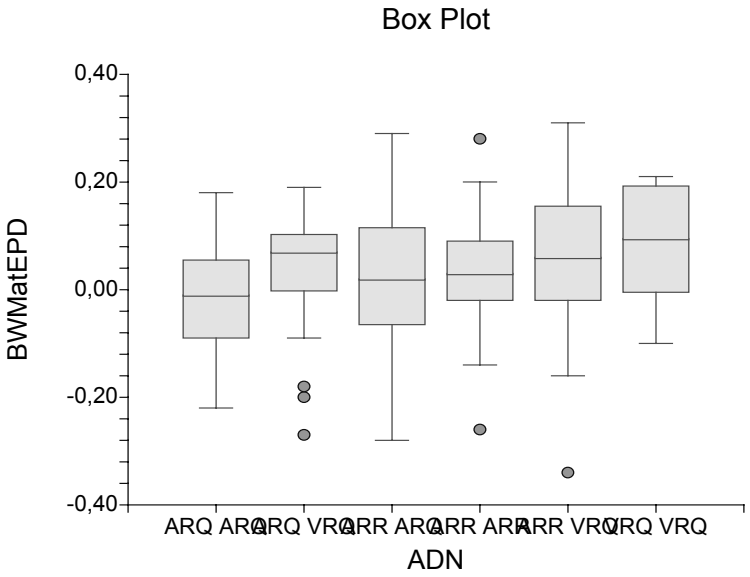
F-ratio: 3,07
Niveau de probabilité: 0,01
Puissance (alpha=0,05) : 0,86

Hypothèse nulle rejetée

Tukey-Kramer a posteriori :

ARR VRQ < ARQ ARQ et ARR ARQ

Figure 6. EPD poids naissance contribution maternelle



Analyse de variance

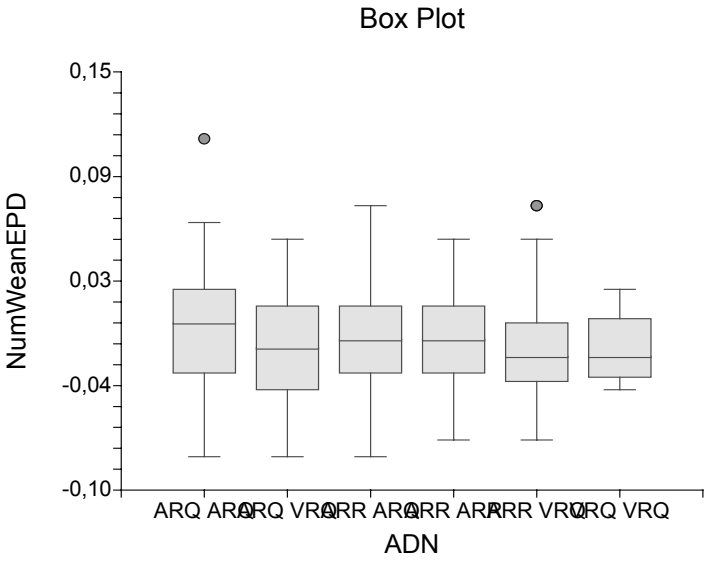
F-ratio: 3,90
Niveau de probabilité: 0,002
Puissance (alpha=0,05) : 0,94

Hypothèse nulle rejetée

Tukey-Kramer a posteriori :

ARR VRQ > ARQ ARQ

Figure 7. EPD nombre d'agneaux sevrés

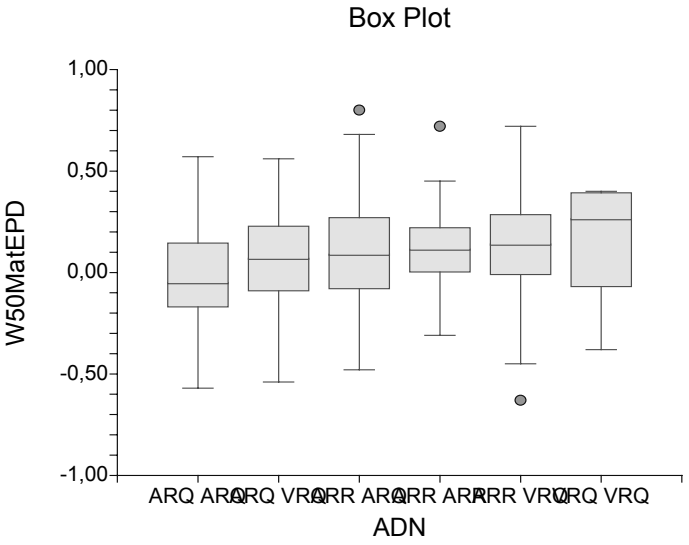


Analyse de variance

F-ratio: 2,02
Niveau de probabilité: 0,07
Puissance (alpha=0,05) : 0,68

Hypothèse nulle non rejetée

Figure 8. EPD poids à 50 jours contribution maternelle



Analyse de variance

F-ratio: 3,02
Niveau de probabilité: 0,01
Puissance (alpha=0,05) : 0,86

Hypothèse nulle rejetée

Tukey-Kramer a posteriori :

ARQ ARQ < ARR ARQ, ARR VRQ et ARR ARR

Considérant que la précision des EPD augmente avec le nombre de données provenant des descendants, des collatéraux et des ancestraux, les données ont aussi été analysées par analyse de variance en excluant toutes les brebis qui avaient eu moins de 4 agneaux au cours de leur vie; 206 brebis restaient dans la base de données. L'hypothèse nulle ne peut être rejetée pour les EPD nb agneaux nés, nb agneaux sevrés et poids 50 jours – Mat.. Ce qui indique une absence d'association (ou une faible association) entre le génotype d'une brebis et son potentiel génétique pour le nombre d'agneaux nés, le nombre d'agneaux sevrés et le poids à 50 jours – contribution maternelle.

Pour l'EPD poids naissance – Mat, l'hypothèse nulle peut être rejetée et le génotype ARQ/ARQ est associé à un potentiel génétique inférieur à celui des brebis ARR/VRQ. Ce qui corrobore les résultats obtenus pour l'ensemble des brebis du troupeau. Mais encore là, bien que les résultats permettent de rejeter l'hypothèse nulle, le ratio du F est faible et ne traduit pas une association forte entre le génotype des brebis et leur potentiel génétique à produire plus de kg d'agneaux à la naissance.

3.3 Recommandations pour une sélection par rapport au génotype tremblante

Puisque le renouvellement annuel d'un troupeau varie entre 15-20% pour les brebis et 30-40% pour les béliers, les éleveurs ovins sont régulièrement en processus de sélection de reproducteurs. Ce processus est nécessaire pour leur propre renouvellement ou pour la vente à d'autres producteurs. Ils doivent donc établir leurs propres objectifs d'élevage et choisir les béliers et brebis qui cadrent avec ces objectifs.

Les connaissances acquises au cours des dernières années permettent de lier concrètement sensibilité à la tremblante et polymorphisme au gène PrP. Elles indiquent la plus grande résistance des ovins ARR/ARR et la grande sensibilité des animaux VRQ/VRQ et ARQ/VRQ dans les élevages infectés. C'est à partir de ces constatations qu'il est devenu possible de sélectionner en tenant compte de ce paramètre et de faire évoluer la population vers une plus grande résistance à la tremblante.

La résistance est-elle absolue? On sait maintenant que non. C'est probablement une résistance forte mais relative. Quelques cas d'ovins ARR/ARR atteints de tremblante ont été décrits au cours des dernières années (Buschmann 2004, Pro-Med 2004). Particulièrement des cas atypiques où l'épidémiologie, les lésions, l'atteinte clinique et les profils en immunodiagnostic étaient différents de ce qui est habituellement rencontré pour la tremblante classique. Des chercheurs norvégiens rapportent plusieurs cas atypiques chez des animaux de génotypes différents de ceux qui sont les plus fréquents lors de tremblante classique (Moum *et al.* 2005). Ces données récentes, sans remettre en cause tout le fondement de la sélection génétique pour la tremblante, incitent à la prudence dans nos recommandations. Et remettent l'emphase sur une recommandation de base en contrôle de maladie : « Le maintien d'un troupeau fermé limite fortement l'introduction de nouvelles maladies. » Pour la tremblante, ce principe est particulièrement vrai par rapport à l'introduction de femelles, les mâles étant considérés comme de très faibles (voire nuls) agents de transmission.

Ailleurs dans le monde, la plupart des démarches concertées et structurées de sélection pour la tremblante ont visé à privilégier l'utilisation de béliers ARR/ARR et à éliminer l'allèle VRQ.

L'évolution peut être rapide si le bassin de reproducteurs visés est suffisamment grand par rapport à la population de référence. Ainsi, en France, le programme de sélection pour la résistance à la tremblante a débuté en 2002 pour toutes les races ovines françaises. Il concerne principalement les élevages sélectionneurs impliqués dans les schémas de sélection des différentes races. Pour atteindre ses objectifs, il bénéficie d'un financement public. Les résultats sont très encourageants. Ainsi, pour les 26 races, on constate dès la deuxième année une augmentation marquée de la fréquence de l'allèle ARR et une quasi élimination de l'allèle VRQ chez les jeunes mâles sélectionnés.

Chez nous …

Considérant le portrait établi dans le cadre du présent projet, les sept races évaluées sont bien placées pour entreprendre un travail de sélection sur la résistance. Toutes présentaient un pourcentage d'allèles ARR de plus de 25%. Dans les races Polypay, Dorset et Arcott-Canadien, le pourcentage de cet allèle dépasse même 50%.

Par ailleurs, l'allèle de forte sensibilité à la tremblante (VRQ) est présent, en faible proportion, chez 5 des 7 races évaluées soit les races Arcott-Canadien, Dorset, Romanov, Hampshire et Suffolk. La faible proportion rend cependant réaliste la perspective d'éliminer cet allèle ou de diminuer fortement son importance rapidement.

Pour atteindre l'objectif d'accroissement de la résistance à la tremblante, les éleveurs ovins québécois vont rencontrer certaines difficultés :

- Le problème du faible volume de reproducteurs pour certaines races qui rend plus contraignante la proposition d'ajouter un nouveau critère au processus de sélection des reproducteurs.
- Les très grandes variations entre les races et les troupeaux qui rendent inintéressante et inappropriée une démarche commune et unique; les moyens et les cibles devront être variées et ajustées selon la race et la situation génotypique de chaque troupeau.
- La démarche demeure fragile puisqu'elle repose actuellement sur l'initiative et le financement des éleveurs.

Un projet pan-canadien de génotypage pour la tremblante à large échelle a cependant été accepté il y a quelques mois par AAC. Sans être une orientation officielle des autorités gouvernementales, ce projet, qui devrait se dérouler au cours des 2 prochaines années, apportera un soutien financier important et encouragera de ce fait les éleveurs à travailler avec cet outil. L'industrie (Ontario Sheep Marketing Agency et la Fédération canadienne du mouton) sera le maître d'œuvre du projet. Les éleveurs québécois pourront certainement bénéficier du courant mais les modalités ne sont pas encore connues.

Les éleveurs doivent enfin se demander si c'est une démarche justifiée et prioritaire dans leur contexte spécifique. Ainsi, aux Etats-Unis, des études de prévalence ont démontré que les ovins à tête blanche étaient beaucoup moins à risque d'être infectés que ceux à tête noire, indépendamment du génotype des animaux (APHIS infosheet, déc. 2003). Nous n'avons pas accès à de telles données pour le Canada mais ce qui a été mis en évidence chez nos voisins porte à réflexion et doit être considéré dans la décision de s'orienter ou non vers une sélection pour la résistance à la tremblante.

Concrètement, si le génotypage est choisi

Considérant le coût élevé des analyses en génotypage et puisqu'ils sont responsables de la moitié du bagage génétique d'un troupeau, il est suggéré de travailler principalement à partir des béliers. Dans certains troupeaux ou races à très faibles effectifs (ou si des fonds sont disponibles pour génotyper un grand nombre d'animaux), le génotypage des brebis pourra être envisagé. Cette démarche accélèrerait évidemment l'évolution vers une plus grande résistance.

Choix des béliers : les producteurs ovins doivent-ils faire appel au génotypage pour la tremblante?

Pour être efficace, la réflexion devra se faire sur une base individuelle mais aussi et surtout sur une base collective : Clubs de race, Société des éleveurs de mouton de race pure du Québec (SEMRPQ), et autorités gouvernementales. Elle devra être modulée en fonction de :

- la situation de départ de la race par rapport à la résistance à la tremblante
- du bassin de reproducteurs disponibles
- des priorités établies pour les critères de sélection
- des nouvelles connaissances qui ne cessent d'apporter des nuances et qui permettent de s'ajuster par rapport à ce qui a déjà été fait ailleurs.

En simplifiant, 2 chemins sont proposés.

Le Plan A s'adresse aux éleveurs-sélectionneurs en pur-sang, aux producteurs de F1, et aux troupeaux ou bergeries ayant déjà subi un épisode de tremblante. Le Plan B s'adresse aux producteurs commerciaux et aux producteurs qui élèvent eux-mêmes leurs agnelles croisées.

Dans le plan A (figure 9), l'éleveur doit d'abord faire un premier tri à partir de tous les mâles disponibles. Ce premier tri se fait à partir des données génétiques (GenOvis) et/ou de productivité qui indiquent le potentiel zootechnique des animaux. C'est un choix sur papier fait en fonction des priorités de chaque troupeau. Seuls certains mâles passent avec succès cette étape et peuvent être évalués dans le cadre du 2ème tri.

Une fois le premier tri réalisé, l'éleveur peut aller en bergerie et prendre le temps d'observer et d'examiner chacun des béliers retenus. Il devra évaluer leur conformation et leur santé générale. La conformation doit permettre une utilisation prolongée de l'animal en tant que reproducteur : dentition, capacité, développement, apparence générale, pieds et membres, intégrité du système reproducteur, circonférence scrotale, … S'il y a lieu, c'est le moment de procéder à des analyses pour établir le statut de l'animal par rapport à une ou des maladies d'importance pour le troupeau ou pour les acheteurs (ex. : sérologie Maedi visna, sérologie *Brucella ovis* , …). À la suite du 2ème tri, certains mâles sont encore exclus et ce n'est que pour ceux qui ont passé les 2 premiers tris que l'on recommande de procéder à des analyses en génotypage pour la tremblante. L'interprétation des résultats et la décision de ne garder que les béliers d'un seul génotype (ou de plusieurs) variera selon la situation de départ du troupeau et de la race. En ce sens, le portrait établi dans ce projet peut déjà apporter beaucoup d'aide à la décision. Les grands principes restent : favoriser l'allèle de haute résistance ARR et viser l'élimination de l'allèle de haute sensibilité VRQ. Dans de nombreuses situations, la solution sera de ne garder que les béliers ARR/ARR. Certaines races ou certains troupeaux devront cependant prendre un chemin moins direct. Ils devront pour ce faire se référer aux échelles de résistance telle que celle présentée à la figure 10.

Figure 9. Plan A : Diagramme de sélection intégrant le génotypage pour la tremblante

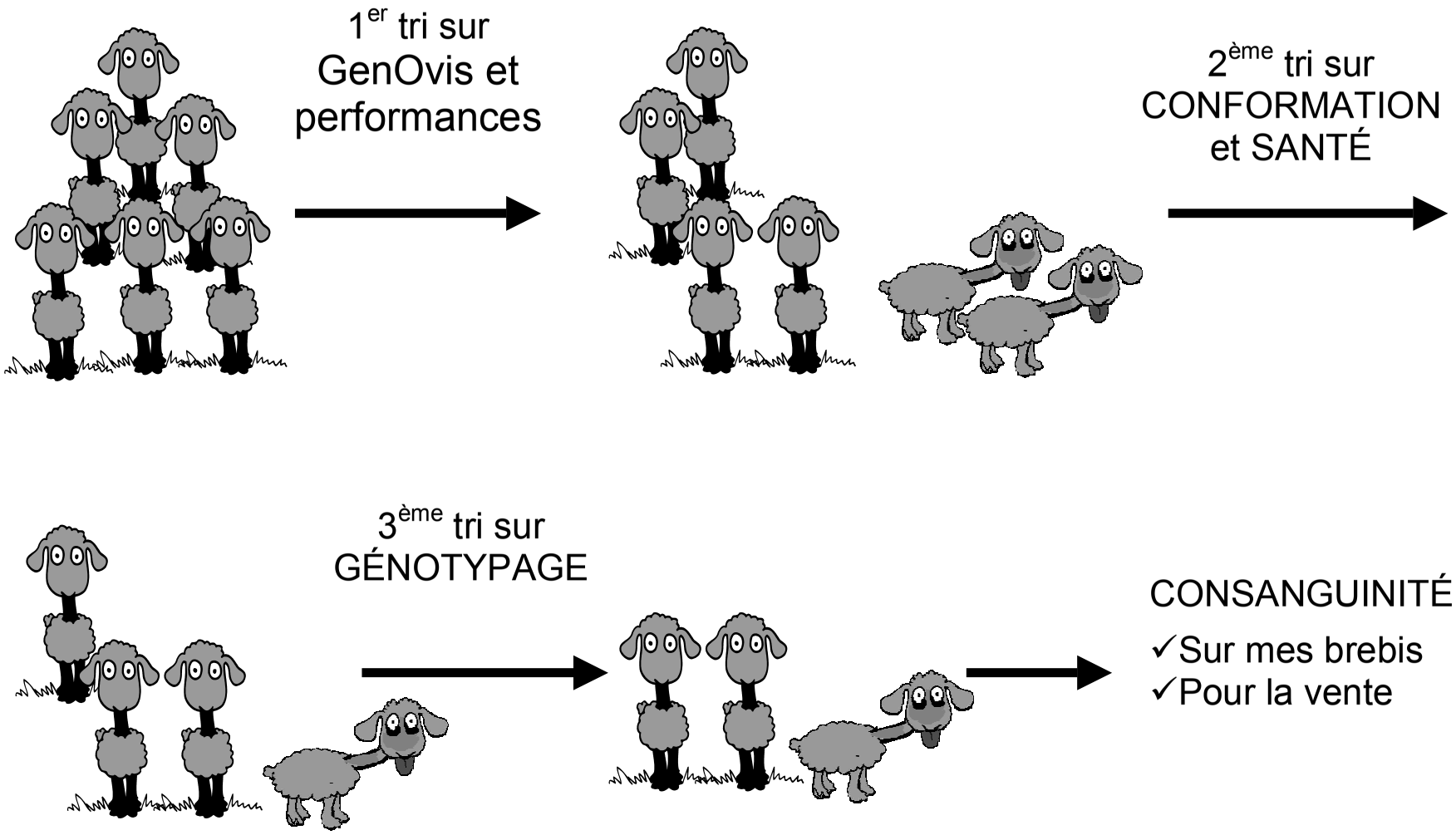
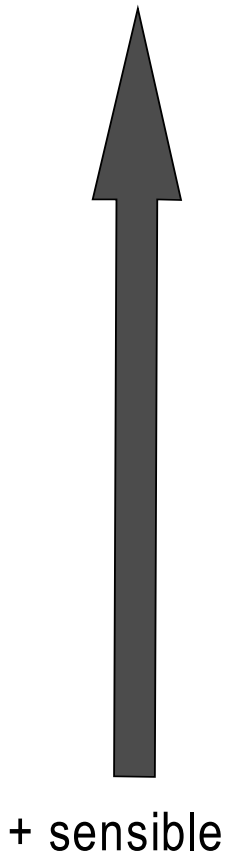


Figure 10. Échelle de résistance des principaux génotypes-tremblante.

Échelle de résistance



ARR / ARR	**AA RR**	**RR**	Les plus résistants à la tremblante.
ARR / ARQ	**AA QR**	**QR**	Résistants mais attention aux descendants.
ARR / VRQ	**AV QR**	**QR**	Sensibles, particulièrement à certaines souches.
ARQ / ARQ	**AA QQ**	**QQ**	Hautement sensibles.
ARQ / VRQ	**AV QQ**	**QQ**	
VRQ / VRQ	**VV QQ**	**QQ**	Les plus sensibles à la tremblante.

Parmi les béliers retenus, il faudra enfin s'assurer que la consanguinité ne limite pas l'usage à l'intérieur du troupeau. Si tel est le cas, on pourra alors se tourner vers la vente de reproducteurs.

Dans certains troupeaux ou schéma de sélection plus avancés ou bénéficiant de ressources plus avantageuses, il pourra être pertinent de pratiquer le génotypage de certaines brebis identifiées comme « mères à béliers ». Bien que plus coûteuse, cette approche permet de faire des accouplements raisonnés et d'avancer beaucoup plus rapidement.

Le **plan B** s'adresse à des producteurs commerciaux qui achètent des béliers à l'extérieur de leur troupeau. Avant de faire la promotion d'achat de béliers résistants pour la tremblante, il est essentiel d'insister sur l'importance d'acheter d'abord des béliers AMÉLIORATEURS pour le troupeau. On revient donc aux 2 premières étapes du plan A en portant un accent particulier aux besoins spécifiques du troupeau.

Dans un deuxième temps, parmi ces béliers améliorateurs, le producteur peut avoir avantage à privilégier un bélier ARR/ARR pour éviter la transmission de la maladie à partir de mères infectées. Certaines études rapportent en effet que la présence de l'allèle ARR chez le fœtus d'une brebis infectée par la tremblante empêche (ou limite fortement ? Des études complémentaires sont requises pour le préciser.) l'excrétion du prion anormal lors de la mise bas (Andreoletti 2002, Tuo 2002). L'infection circule alors beaucoup moins efficacement dans le troupeau. Cet argument de restriction de la transmission est évidemment aussi valable en troupeau sélectionneur.

Les résultats du présent projet ainsi que ceux recueillis dans la littérature indiquent une faible (voire nulle) association entre productivité ou potentiel génétique de productivité et génotype-tremblante. Le producteur qui suit une de ces 2 séquences de sélection (plans A et B) et qui place en premier lieu le tri sur les critères de potentiel génétique et de productivité ne devrait donc pas subir d'impact négatif (d'une sélection sur le génotypage) sur la productivité de son troupeau.

3.4 Diffusion des résultats

Le tableau 7 présente les activités de diffusion des résultats effectuées dans le cadre du projet.

Tableau 7. Activités de diffusion des résultats réalisées

Activités réalisées	***Endroit***	**Date**
Présentation du projet	Site Internet du CEPOQ	Depuis l'été 2003
	Site Agri-Réseau Industrie ovine	Depuis avril 2003
	Terre de Chez Nous	Mai 2003
	Sheep Canada	Été 2003
	Ovin Québec	Septembre 2003
Envoi postal des résultats personnels à chaque producteur		Mars 2004
Envoi postal des résultats globaux (portrait par race) à chaque producteur participant		Automne 2004
Diffusion des résultats	Ovin Québec Revue RAIZO MAPAQ-INSA	Automne 2004, printemps 2005 Printemps 2005
	Journées techniques régionales	Joliette, février 2005 Gaspésie, 13 avril 2005 Lac St-Jean, 30 avril 2005 Chaudière-Appalaches 2 juin 2005 Abitibi-Témis., 4 juin 2005
	Journées de Recherche en Production Ovine,	Drummondville, 11 mai 2005
	Sites Internet Agri-Réseau, FMV et CEPOQ	juin 2005
	Poster lors d'un congrès scientifique ou article scientifique	Québec, juillet 2004 : CMML, poster

4 PLAN DE FINANCEMENT

Le tableau 8 contient les noms des fournisseurs ainsi que les montants dépensés pour les différents postes budgétaires. La copie des factures justifiant chacun des montants se trouve en annexe.

Tableau 8. Détails des montants dépensés

Postes budgétaires et fournisseurs	Contribution CEPOQ	No de facture	Total demandé	Commentaires
1. Main d'œuvre				
Professionnelle en recherche	4 300,00 $	1	13 200$	
Professionnelle en santé vétérinaire	32 500,00 $	1	0 $	
Spécialiste en génétique ovine	2 500,00 $	1	0 $	
Frais professionnels (analyse, publication, diffusion)		1	9 800,00$	40 jours
Personnel de la ferme du CEPOQ	2 500,00 $	1	700,00$	
Personnel externe (vet) Gaspésie		2	179,58$	
Sous-total	***41 800,00$***		***23 879,58$***	
2. Coûts d'utilisation des animaux				
Animaux du CEPOQ	800,00$	63	0$	
Sous-total	***800,00$***		***0$***	
3. Frais de déplacement				
Déplacements prises de sang, rencontres et autres		3-31	3 758,62$	
Sous-total			***3 758,62$***	
4. Autres dépenses				
Analyses de Laboratoire Transbiotech		32-34	33 234,00$	
Analyses de Laboratoire de validation		35	3 992,00$	
Frais d'administration	3 344,00$	64	2 092,00$	
Diffusion		54-62	2 250,01$	
Matériel		36-46 + 4	1 924,64$	
Envois postaux		47-51	661,45$	
Sous-total	***3 344,00$***		***44 154,10$***	
TOTAL	***45 944,00$***		***71 792,23$***	

Notes :

1. Les contributions natures des autres partenaires sont relatives au temps qu'ils ont consacré au projet en 2004 et 2005. Il est a noter qu'une forte proportion de celles prévues initialement par M. Castonguay ont été réalisées par M. L'Homme.
2. La diffusion des résultats de ce projet se poursuivre toute l'année 2005 lors de la tournée CEPOQ 2005. Toutes les dépenses associées seront considérées comme des contributions du CEPOQ à ce projet. Un montant de 1 000$ est estimé et non calculé dans la présente demande.
3. Le billet d'avion pour la présentation des résultats par Johanne Cameron en Abitibi a été payé sur le compte de dépenses de Mme Hélène Méthot.

5 CONCLUSIONS ET RECOMMANDATIONS

Le projet *« Évaluation de la fréquence des allèles du gène Prp (tremblante) chez les principales races de mouton »* a permis de caractériser le cheptel ovin québécois quant à la résistance génétique à la tremblante en :

- ✓ Établissant, avec précision, un portrait de la fréquence des allèles et des génotypes pour les codons 136, 154 et 171 du gène Prp chez les principales races de moutons au Québec par le testage des mâles reproducteurs.
- ✓ Évaluant le lien entre les génotypes et les performances zootechniques des brebis à l'intérieur du troupeau de recherche du CEPOQ.
- ✓ Établissant les bases d'un schéma de sélection en fonction du génotype pour la tremblante

Le portrait a permis de constater que les sept races évaluées dans le cadre du projet sont bien placées pour entreprendre un travail de sélection sur la résistance à tremblante. Toutes présentaient un pourcentage d'allèles ARR de plus de 25%. Dans les races Polypay, Dorset et Arcott-Canadien, le pourcentage de cet allèle dépasse même 50%. Par ailleurs, l'allèle de forte sensibilité à la tremblante (VRQ) est présent, en faible proportion, chez 5 des 7 races évaluées soit les races Arcott-Canadien, Dorset, Romanov, Hampshire et Suffolk. La faible proportion rend cependant réaliste la perspective d'éliminer cet allèle ou de diminuer fortement son importance rapidement. Pour une même race, les différences entre troupeaux sont importantes.

Les résultats du présent projet ainsi que ceux recueillis dans la littérature indiquent une faible (voire nulle) association entre productivité ou potentiel génétique de productivité et génotype-tremblante. Si le critère de la résistance à la tremblante est intégré à une démarche logique de sélection des reproducteurs, il ne devrait pas y avoir d'impact négatif (d'une sélection sur le génotypage) sur la productivité des animaux.

Pour atteindre l'objectif d'accroissement de la résistance à la tremblante, la réflexion devra se faire sur une base individuelle mais aussi et surtout sur une base collective : Clubs de race, Société des éleveurs de mouton de race pure du Québec (SEMRPQ), et autorités gouvernementales. Elle devra être modulée en fonction de :

- la situation de départ de la race par rapport à la résistance à la tremblante
- du bassin de reproducteurs disponibles
- des priorités établies pour les critères de sélection
- des nouvelles connaissances qui ne cessent d'apporter des nuances et qui permettent de s'ajuster par rapport à ce qui a déjà été fait ailleurs.

Enfin, toute orientation doit s'établir à la lumière des programmes et projets mis en œuvre (ou à venir) par les gouvernements et certains acteurs de l'industrie.

Note : les recommandations complètes sont présentées à la section 3,3.

Le projet « Évaluation de la fréquence des allèles du gène Prp (tremblante) chez les principales races de mouton » a été réalisé par le CEPOQ en partenariat avec TransBIOTech de Lévis. Il a reçu le soutien financier du CDAQ. Nous tenons aussi à remercier Denise Bélanger, épidémiologiste à la FMV de St-Hyacinthe, pour son aide à l'analyse des données et tous les producteurs ayant permis les prélèvements dans leur troupeau.

6 RÉFÉRENCES CITÉES

Acin C, Martin-Burriel I, Monleon E, Rodellar C, Badiola JJ, Zaragoza P. PrP polymorphisms in Spanish sheep affected with natural scrapie. Vet Rec 2004; Sep 18 : 370-372.

Acutis PL, Sbaiz L, Verburg F, Riina MV, Ru G, Moda G, Caramelli M, Bossers A. Low frequency of the scrapie resistance-associated allele and presence of lysine-171 allele of the prion protein gene in Italian Biellese ovine breed. J Gen Vir 2004; 85: 3165-3172.

Alexander BM, Stobart RH, Russell WC, O'Rourke KI, Lewis GS, Logan JR, Duncan JV, Moss GE. The incidence of genotypes at codon 171 of the prion protein gen (PRNP) in five breeds of sheep and production traits of ewes associated with those genotypes. J Anim Sci. 2005; 83(2):455-459.

Alexander BM, Stobart RH, Russell WC, Taylor AN, Moss GE, O'Rourke KI. Incidence of genetic susceptibility to scrapie in selected purebred and commercial flocks. University of Wyoming Annual Animal Science Research Report, 2002.

Andreoletti O, Lacroux C, Chabert A, Monnereau L, Lantier F, Berthon P, Eychenne F, Lafond-Benestad S, Elsen JM, Schelcher F. PrP(Sc) accumulation in placentas of ewes exposed to natural scrapie: influence of foetal PrP genotype and effect on ewe-to-lamb transmission. J Gen Virol 2002; 83(10): 2607-2616.

Barillet F. Le programme français de sélection des ovins pour la résistance à la tremblante. Cahier de conférences du 7ème Congrès Mondial du Mouton et de la Laine 2004.

Brandsma JH, Janss LLG, Visscher AH. Association between PrP genotypes and littersize and 135 days weight in Texel sheep. Liv Prod Sci 2004; 85: 59-64.

Buschmann A, Luhken G, Schultz J, Erhardt G, Groschup MH. Neuronal accumulation of abnormal prion protein in sheep carrying a scrapie-resistant genotype (PrP ARR/ARR). J Gen Virol 2004; 85(9): 2727-2733.

Chase-Topping ME, Kruuk LEB, Lajous D, Touzeau S, Matthews L, Simm G, Foster JD, Rupp R, Eychenne F, Hunter N, Elsen JM, Woolhouse MEJ. Genotype-level variation in lifetime breeding success, littersize and survival of sheep in scrapie-affected flocks. J Gen Virol 2005; 86: 1229-1238.

De Silva U, Guo X, Kupfer DM, Fernando SC, Pillai ATV, Najar FZ, So S, Fitch GQ, Roe BA. Allelic variants of ovine prion protein gene (PRNP) in Oklahoma sheep. Cytgenet Genome Res 2003; 102: 89-94.

Drogemuller C, de Vries F, Hamann H, Leeb T, Distl O. Breeding German sheep for resistance to scrapie. Vet Rec 2004; 154(9): 257-260.

Drogemuller C, Leeb T, Distl O. PrP genotype frequencies in German breeding sheep and the potential to breed for resistance to scrapie. Vet Rec 2001; 149(12): 349-352

Elsen JM, Barillet F, François D, Bouix J, Bibé B, Palhière I. Génétique de la sensibilité à la tremblante des ovins. Bulletin des GTV 2002 ; 13 :: 123-128.

Moum T, Olsaker I, Hopp P, Moldal T, Valheim M, Moum T, Benestad SL. Polymorphisms at codons 141 and 154 in the ovine prion protein gene are associated with scrapie Nor98 cases. J Gen Vir 2005; 86: 231-235.

O'Doherty E, Aherne M, Ennis S, Weavers E, Roche JF, Sweeney T. Prion protein gene polymorphisms in pedigree sheep in Ireland. Res Vet Sci 2001; 70(1): 51-56.

Palhière I, François D., Elsen JM, Barillet F, Amigues Y, Perret G, Bouix J. Allele frequencies of the *PrP* gene in 29 French sheep breeds. Possible use in selection for resistance to scrapie. Proceedings of the 7th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production, 2002.Montpellier, France.

Prokopova L, Lewis RM, Dingwall WS, Simm G. Scrapie genotype: a correlation with lean growth rate? Proceedings of the 7th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production 2002.

ProMED-mail. New strain of scrapie hits sheep industry. ProMED-mail, 9 déc. 2004.

Roels S, Renard C, De Bosschere H, Geeroms R, Van Poucke M, Peelman L, Vanopdenbosch E. Detection of polymorphisms in the prion protein gene in the Belgian sheep population: Some preliminary data. Vet Quat 2004; 26(1): 3-11.

Sipos W, Kraus M, Schmoll F, Achmann R, Baumgartner W. PrP genotyping of Austrian sheep breeds. J Vet Med A Physiol Pathol Clin Med. 2002; 49(8): 415-418.

Thorgeirsdottir S, Sigurdarson S, Thorisson HM, Georsson G, Palsdottir A. PrP gene polymorphism and natural scrapie in Icelandic sheep. J Gen Virol 1999; 80(9): 2527-2534.

Tongue SC, Wilesmith JW, Cook CJ. Frequencies of prion protein (PrP) genotypes and distribution of ages in 15 scrapie-affected flocks in Great Britain. Vet Rec 2004; 154: 9-16.

Tranulis MA, Osland A, Bratberg B, Ulvund MJ. Prion protein gene polymorphisms in sheep with natural scrapie and healthy controls in Norway. J Gen Vir 1999; 80: 1073-1077.

Tuo W, O'Rourke KI, Zhuang D, Cheevers WP, Spraker TR, Knowles DP. Pregnancy status and fetal prion genetics determine PrPSc accumulation in placentomes of scrapie-infected sheep. Proc Natl Acad Sci U S A. 2002; 99(9): 6310-6315.