Analyse des possibilités d'intégration du gène majeur Booroola au schéma génétique ovin québécois et son utilisation dans un système de production de 5 agnelages sur 3 ans

08-C-23

Requérant:
Fédération des producteurs d'agneaux et moutons du Québec (FPAMQ)

Organismes partenaires:
Centre d'expertise en production ovine du Québec (CEPOQ)
Centre canadien pour l'amélioration des porcs (CCAP)

Rédigé par:
Laurence Maignel, Généticienne (CCAP)

En collaboration avec:
Léda Villeneuve, agr. M.Sc. (CEPOQ)
Robie Morel, B.Sc. (CEPOQ)
Marie-Ève Tremblay, agr. (FPAMQ)
Producteurs du Club Boolys

Projet réalisé dans le cadre du programme
« Appui financier aux associations de producteurs désignées » du MAPAQ
Volet C « Appui à la réalisation de projets novateurs et structurants »

Décembre 2010

Table des Matières

1. Contexte *3*

2. Le gène Booroola *4*

3. Objectifs du projet *5*

4. Matériel et Méthodes *5*

4.1. Données disponibles 5

4.2. Méthodologie 5

5. Résultats *6*

5.1. La population Boolys 6

5.1.1. Historique 6

5.1.2. Effectifs 7

5.1.3. Pyramide des âges des reproducteurs en inventaire 8

5.1.4. Nombre de générations parcourues depuis le croisement initial 8

5.1.5. Évolution du pourcentage moyen de sang DLS et Mérinos Booroola dans la population femelle 9

5.1.6. Synthèse 11

5.2. Génotypes Booroola 12

5.2.1. Nomenclature 12

5.2.2. Données disponibles 12

5.2.3. Reproducteurs au génotype connu 12

5.2.4. Fréquence de l'allèle B dans la population Boolys 13

5.2.5. Probabilités de génotype 13

5.3. Impact du génotype Booroola sur la productivité des brebis 16

5.3.1. Répartition des agnelages 16

5.3.2. Caractères de reproduction étudiés 16

5.3.3. Performances ajustées par génotype 17

5.4. Héritabilité de la taille de portée et de l'intervalle entre agnelages 18

5.4.1. Problématique 18

5.4.2. Méthodologie 19

5.4.3. Principaux résultats 19

6. Conclusions *20*

7. Recommandations *21*

8. Opportunités d'utilisation du gène Booroola dans l'industrie ovine québécoise ... *22*

9. Références bibliographiques *25*

10. Diffusion des résultats *26*

Annexe 1 ..... *27*

Annexe 2 ..... *39*

Annexe 3 ..... *40*

Annexe 4 ..... *41*

Annexe 5 ..... *46*

1. Contexte

La production ovine a connu une croissance rapide durant les dernières années. En effet, selon les données de la Financière agricole du Québec, le nombre de brebis est passé de 82 000 à tout près de 180 000 entre 1996 et 2006, ce qui représente une augmentation de près de 119% en dix ans. Bien qu'il soit intéressant de voir cette production émerger aussi rapidement dans le portrait agricole québécois, ces statistiques de croissance s'accompagnent malheureusement de problématiques de productivité et de rentabilité dans les élevages. Plusieurs sources d'information ont en effet identifié le manque de productivité de l'industrie ovine. Lors de la dernière étude sur le coût de production de l'agneau au Québec présentée par le CECPA en 2008, on pouvait mettre en évidence cette faible productivité avec une prolificité de seulement 1,30 agneau commercialisé/brebis/année. Dans le cadre de cette même étude, l'analyse personnalisée d'un troupeau de brebis de croisement Booroola montre que la productivité annuelle de celles-ci atteint 1,31 agnelage par brebis comparativement à 1,06 pour les troupeaux du groupe de comparaison, ceci en lien avec la capacité de se reproduire toute l'année.

Par ailleurs, la forte hausse du cheptel ovin n'a certainement pas aidé la situation en limitant l'intensité de sélection des reproducteurs. La sélection pour des animaux performants doit toutefois être maintenue et, pour le choix des brebis, les caractères recherchés sont : intervalle agnelages, prolificité, aptitudes maternelle et laitière et nombre de kg d'agneau sevré par brebis. Ceux-ci sont des pistes de solution à explorer pour la production ovine québécoise. Parallèlement, l'aide financière accordée aux producteurs ovins par le biais de la Financière agricole du Québec (FADQ) est maintenant liée au nombre de kilogrammes d'agneau vendus alors qu'elle était auparavant liée au nombre de brebis dans le troupeau. En conséquence, il devient de plus en plus impératif que la productivité du cheptel soit augmentée puisque les deux sources principales de revenu des producteurs, soit la vente d'agneaux et le programme ASRA de la FADQ, y sont étroitement liées.

2. *Le gène Booroola*

Dans les années 1940, les frères Sears, propriétaires d'un troupeau ovin en Australie, remarquèrent que leurs brebis avaient plus de naissances multiples que celles de leurs voisins. Ils commencèrent à sélectionner des reproducteurs issus de ces portées (Fahmy & Castonguay, 1991). Dans les années 1980, Piper et Bindon avancèrent l'hypothèse que cette prolificité accrue pourrait être la conséquence d'une mutation. Cette mutation existe à l'état naturel chez la race Garole en Inde et la race Hu en Chine.

La mutation Booroola (notée *FecB*, ou *B*, ou *F*) est due au polymorphisme d'un seul nucléotide (« SNP ») dans le gène BMPR1B (bone morphogenetic protein receptor 1-B) sur le chromosome 6. Ce changement infime dans la séquence ADN provoque un changement dans la structure de la protéine codée par ce gène, avec pour principale conséquence la hausse du taux d'ovulation, donc de la taille de portée.

La mutation causale du gène BMPR-1B a été identifiée presque simultanément en Nouvelle-Zélande (Wilson *et al.*, 2001), en France (Mulsant *et al.*, 2001) et en Grande-Bretagne (Souza *et al.*, 2001), ce qui a permis de développer des tests ADN utilisables en routine et permettant de mieux contrôler la diffusion du gène Booroola dans les populations sélectionnées, en plus d'étudier précisément ses effets. Le gène Booroola est actuellement répertorié chez 48 races ovines présentes dans 19 pays différents. En novembre 2008, une conférence sur l'utilisation du gène Booroola en amélioration génétique ovine s'est tenue en Inde et a réuni les plus grands spécialistes internationaux en la matière (ACIAR, 2009). L'état des connaissances sur le gène Booroola y a été largement exposé, depuis des études moléculaires pointues pour expliquer les effets physiologiques de la mutation, jusqu'à des études de terrain et des bilans économiques des programmes d'introgression du gène Booroola dans différents pays.

Au Canada, le gène Booroola a été introduit dans une population d'animaux de race DLS en 1985, ce qui a conduit à la création de la lignée Boolys. Avec l'augmentation de la proportion des femelles porteuses du gène Booroola (B+ ou BB), le nombre d'agneaux nés et sevrés, de même que le nombre de kg d'agneau sevré par brebis par année, ont augmenté progressivement. À la fin de l'étude en 1996, le troupeau était constitué de 36% de brebis B+ et de 11,5% de brebis BB. Ainsi, entre 1990 et 1996, le nombre de kg d'agneau sevré par femelle a augmenté de 80% (63,7 kg par brebis par année), le nombre d'agneaux nés de 35% (1,87 agneau né/agnelage) et le nombre d'agneaux sevrés de 45% (1,51 agneau sevré/agnelage). Le rythme d'agnelage était de 1,5 agnelage par brebis par année en saillie naturelle sur pâturage.

3. Objectifs du projet

Objectif général

L'objectif général du projet était de proposer une stratégie d'intégration des gènes majeurs et des animaux porteurs au schéma génétique ovin québécois afin d'optimiser la productivité en élevage commercial.

Objectifs spécifiques

- Analyser la productivité à vie des brebis ++ (homozygotes non porteurs du gène Booroola), B+ (hétérozygotes pour le gène Booroola) et BB (homozygotes porteurs du gène Booroola) dans le cadre d'un système d'agnelage accéléré de 5 agnelages sur 3 ans;
- Étudier l'héritabilité de l'intervalle agnelage et de la prolificité de brebis croisées Booroola accouplant hors saison sans photopériode ou hormones;
- Entamer la réflexion sur les possibilités d'introduire les gènes majeurs, et plus spécifiquement le gène Booroola, au sein des populations ovines non porteuses, tant en race pure qu'en élevage commercial.

4. Matériel et Méthodes

4.1. Données disponibles

Les données disponibles pour l'étude étaient constituées de divers fichiers au format Excel, fournis par le CEPOQ:

- L'historique des généalogies depuis les croisements d'origine;
- L'inventaire des troupeaux participants et pedigree des géniteurs;
- L'historique des données de productivité des brebis extrait de la base de données GenOvis;
- Les données de productivité complémentaires pour une partie de l'inventaire de troupeaux utilisateurs de brebis Booroola;
- Les génotypes Booroola connus pour les animaux de l'historique, les brebis en inventaire et les béliers utilisés à la Cloche des Alpes.

4.2. Méthodologie

Les analyses nécessaires pour l'étude ont été réalisées en majeure partie à l'aide de procédures statistiques du logiciel *SAS* (SAS-STAT, 2002-2003), du logiciel *VCE* (Kovacs & Groenveld, 2003) pour les paramètres génétiques et du logiciel *Pedig* (Boichard, 2002) pour les calculs de probabilités d'origine de gènes. Un autre programme, développé par le CCAP, a permis de calculer les probabilités de génotypes pour l'ensemble des animaux non génotypés de la population.

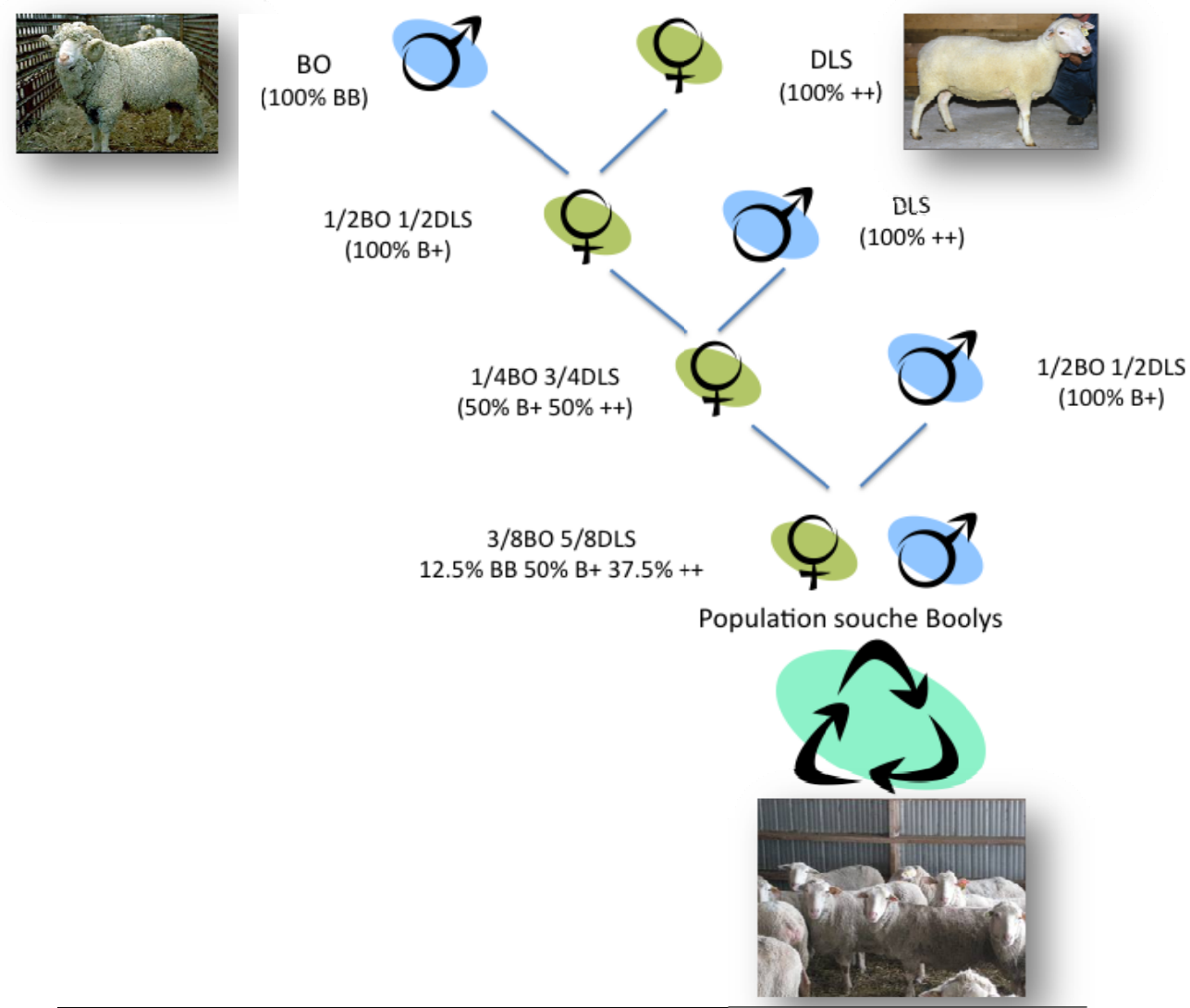
5. Résultats

5.1. La population Boolys

5.1.1. Historique

La population Boolys provient d'un croisement entre la lignée composite DLS (composée à 50% de Dorset australien, 25% Leicester et 25% Suffolk) et le Mérinos néo-zélandais porteur du gène Booroola appelé « Mérinos Booroola » (BO). La figure 1 présente le schéma de croisement initialement planifié par Agriculture Canada, qui a débuté ce programme en 1985. L'objectif ultime était de produire des animaux 5/8 DLS 3/8 BO, après avoir procédé à trois étapes de croisement successives. Les animaux de la population souche devaient ensuite être accouplés entre eux sur plusieurs générations afin de stabiliser la lignée ainsi obtenue. Les génotypes Booroola attendus à chaque génération sont donnés entre parenthèses.

Figure 1. Schéma de croisement d'obtention de la population Boolys

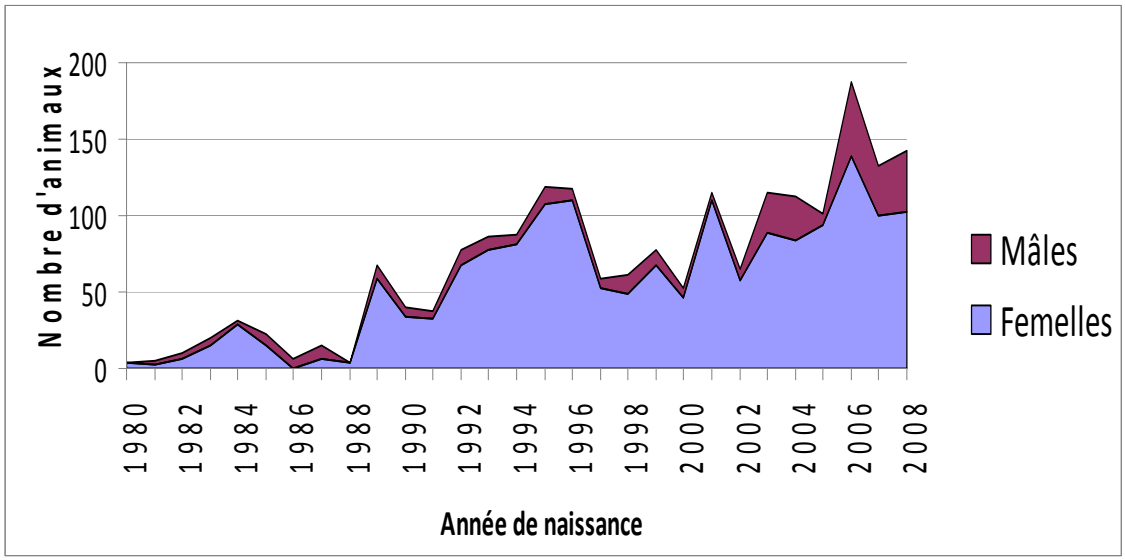


Le programme de création de la lignée a débuté en 1985, mais il a été stoppé peu de temps après et les animaux ont été transférés sur le troupeau de la Cloche des Alpes, où tous les animaux sont nés à partir de la troisième étape de croisement. Depuis 1996, la population Boolys obtenue a été maintenue et stabilisée. Elle est menée en système d'agnelages accélérés (5 agnelages sur 3 ans) avec accouplements au pâturage. Depuis 2002, le génotypage pour le gène Booroola est disponible et tous les béliers candidats à la reproduction sont génotypés. Seuls les béliers porteurs (B+ ou BB) sont conservés pour la production de sujets Boolys. Environ 40% des agnelles sont sélectionnées pour la reproduction, sur la base essentiellement de leur conformation. En effet, en sachant que les agnelles sont porteuses à 62% du gène, et donc plus prolifiques, l'éleveur peut alors mettre plus d'emphase sur la conformation fonctionnelle de l'animal.

5.1.2. Effectifs

Le fichier de données historiques fourni par le CEPOQ contenait les généalogies complètes jusqu'aux populations souches originelles, constituées de 15 béliers Mérinos Booroola et 97 brebis DLS. L'ensemble des fichiers disponibles pour l'étude contenait un total de 1993 reproducteurs, dont 1657 brebis et 336 béliers. Leur distribution par année de naissance, depuis le croisement d'origine, est représentée sur la figure 2 ci-dessous.

Figure 2. Nombre de reproducteurs par année de naissance



La grande majorité des brebis incluses dans l'étude étaient présentes sur le troupeau de la Cloche des Alpes. D'autres brebis, nées à La Cloche des Alpes mais vendues à d'autres exploitations, ont également été génotypées pour être considérées dans l'étude. Le tableau 1 ci-dessous présente le nombre de reproducteurs pour lesquels des informations de génotype étaient disponibles.

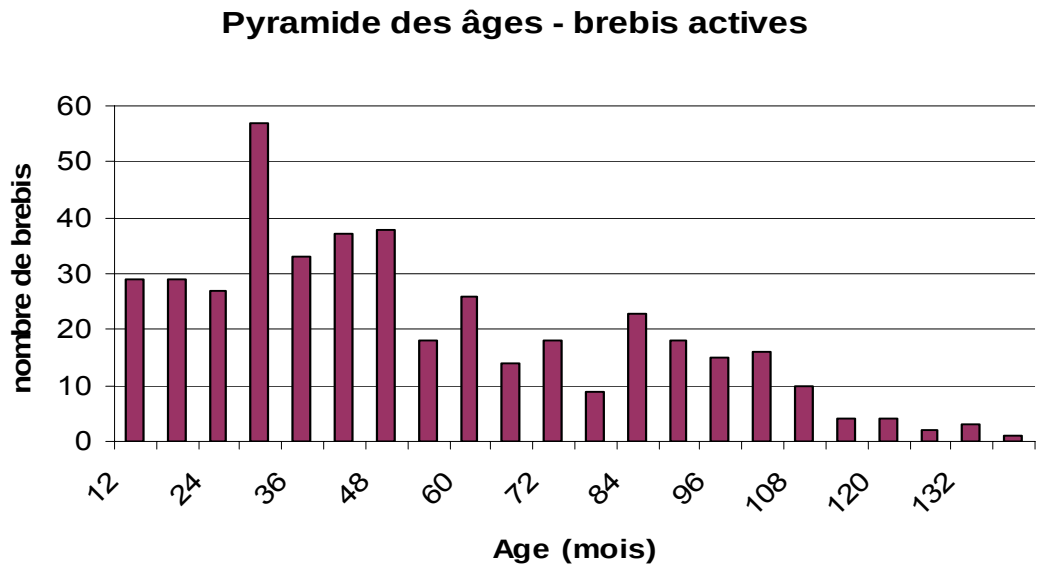
Tableau 1. Nombre d'animaux génotypés dans les troupeaux participants

Entreprise	Animaux génotypés
La Cloche des Alpes	433 brebis, 358 béliers
Alain Marcoux	15 brebis
Langis Croft	36 brebis
André Trépanier	26 brebis

5.1.3. Pyramide des âges des reproducteurs en inventaire

Les brebis Boolys en inventaire au moment de l'étude étaient âgées en moyenne de 53 mois, et les béliers de 34 mois. La figure 3 présente la pyramide des âges des brebis en inventaire au moment de l'étude. Leur âge variait de 1 à 11 ans, avec 58% de brebis de 4 ans et moins et 29% de brebis de 6 ans et plus. Cette pyramide des âges se révèle plus étalée que dans d'autres populations et dénote d'une bonne longévité, particulièrement pour une population ayant un rythme de reproduction élevé et une bonne prolificité. Par exemple, la proportion de brebis âgées de 6 ans et plus est de 9,1% dans la race Arcott-Rideau, 13,6% chez la race Polypay et 23,6% dans la race Dorset.

Figure 3. Pyramide des âges des brebis Boolys en inventaire

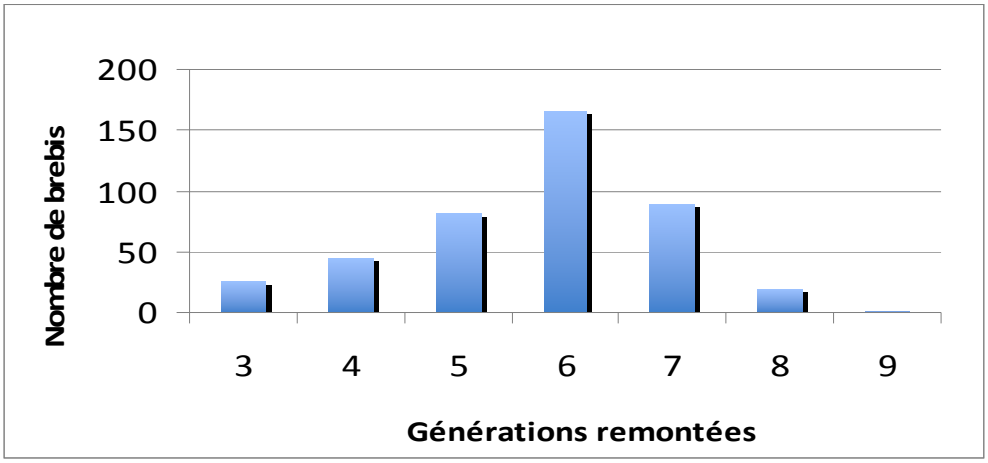


5.1.4. Nombre de générations parcourues depuis le croisement initial

À partir des données généalogiques disponibles, il est possible de calculer le nombre de générations que l'on peut remonter jusqu'à la population souche. La figure 4 présente le nombre de générations parcourues depuis la « population souche » Boolys pour les brebis en inventaire. Le nombre moyen de générations

parcourues depuis la population souche est de 5,6. La majorité des brebis sont issues de 5 à 7 générations d'inter-croisement de la population souche initiale, mais ce nombre varie assez largement, de 3 à 9 au sein de la population.

Figure 4. Nombre de générations depuis la population souche pour les femelles Boolys en inventaire



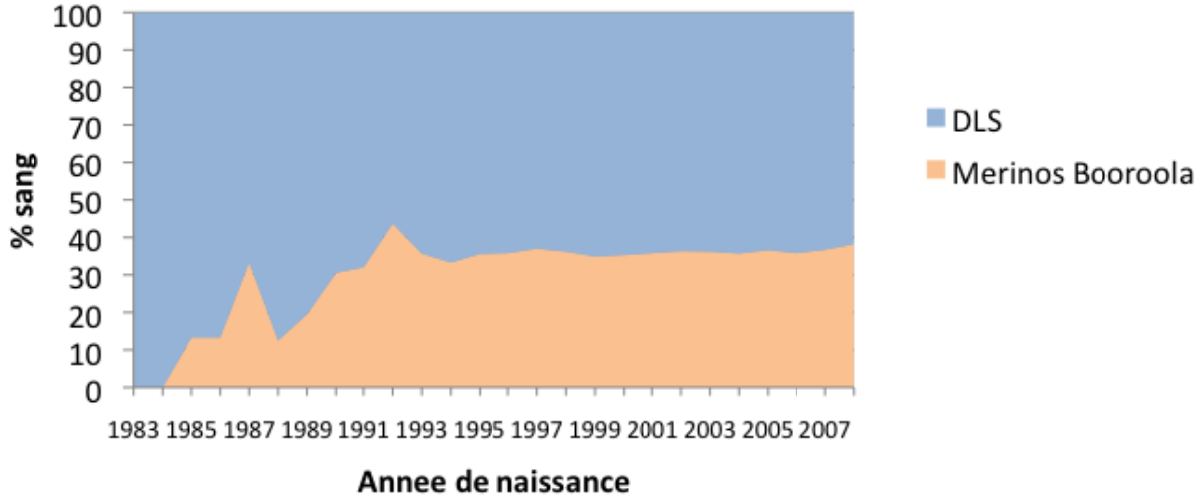
Le nombre de générations réalisées depuis la population souche fait partie des indicateurs de la stabilisation d'une lignée. En effet, dans une population issue d'un croisement entre plusieurs races, il faut réaliser un certain nombre de générations avant de voir la population devenir vraiment homogène et ne plus produire d'animaux possédant des caractéristiques très prononcées provenant de l'une ou l'autre des races d'origine. Le nombre de générations nécessaires varie selon les programmes de croisement, la taille de la population et la distance entre les races d'origine. Dans le cas de la population Boolys, les deux populations d'origine étaient des races à robe entièrement blanche, et une sélection spécifique pour un certain type d'animal a été opérée à chaque génération. L'homogénéité des sujets Boolys au niveau morphologique permet de dresser une description détaillée de la population, fournie à l'annexe 2.

5.1.5. Évolution du pourcentage moyen de sang DLS et Mérinos Booroola dans la population femelle

Le plan de croisement initial a bien été respecté, cependant en 1993, pour diverses raisons, quelques femelles demi- ou quart de sang Mérinos Booroola ont été introduites dans la population. La population actuelle n'est donc pas exactement 5/8 DLS et 3/8 BO tel qu'escompté. Les données généalogiques disponibles permettent de calculer, pour chaque animal du fichier, la proportion respective de sang DLS et Mérinos Booroola, à partir de la composition raciale de ses ascendants. Par exemple, une brebis issue d'une mère 3/4DLS et 1/4BO et d'un père 1/2DLS et 1/2BO sera considérée comme 5/8DLS et 3/8BO.
La figure 5 montre l'évolution respective du pourcentage de sang DLS et Mérinos Booroola dans la population femelle, par année de naissance, depuis les races originelles. Depuis la fin des années 90, la proportion de sang Mérinos

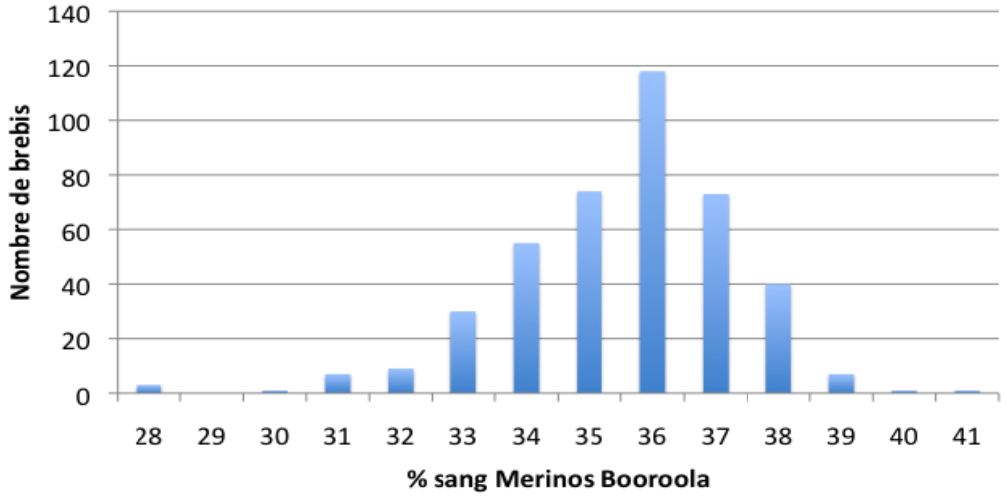
Booroola oscille entre 35 et 38% en moyenne dans la population, ce qui correspond bien au taux de 3/8 (37,5%) attendu.

Figure 5. Évolution de la proportion de sang DLS et Mérinos Booroola dans la population femelle Boolys, par année de naissance.



La proportion moyenne de sang Mérinos Booroola est une information intéressante, mais il est important de connaître, en plus de la moyenne, la composition réelle de la population actuelle, pour avoir une bonne idée de la variabilité rencontrée dans cette lignée. Grâce aux probabilités d'origine de gènes utilisées comme précédemment, on peut dresser un portrait de la population femelle en inventaire en termes de composition raciale. Les résultats sont présentés graphiquement dans la figure 6.

Figure 6. Distribution du pourcentage de sang Booroola dans la population femelle active



La grande majorité des brebis en inventaire présentent un pourcentage de sang Mérinos Booroola compris entre 33 et 38%, ce qui correspond à la valeur cible pour la lignée. Quelques animaux (moins de 20 au total) se situent en deçà ou

au-dessus de cette valeur, mais globalement, la population est homogène en termes de composition raciale.

5.1.6. Synthèse

En résumé, la population Booroola est issue d'en moyenne 5,6 générations depuis l'obtention de la population souche 3/8 Booroola 5/8 DLS. Les femelles en inventaire ont en moyenne 36% de sang Mérinos Booroola, ce qui est conforme à la proportion attendue (3/8) et leur composition raciale est très homogène. La population s'est stabilisée au cours des quinze dernières années, et est soumise à une politique constante de sélection sur la conformation. Depuis 2002, tous les béliers sont génotypés, ce qui permet de contrôler la fréquence du gène Booroola dans la population. Les animaux Boolys sont homogènes du point de vue morphologique, et leur description morphologique détaillée est fournie à l'annexe 2.

5.2. Génotypes Booroola

5.2.1. Nomenclature

Chaque mouton possède 27 paires de chromosomes, dont une paire de chromosomes 6, l'un provenant de sa mère et l'autre de son père. En un site très précis du chromosome 6, on trouve le gène Booroola, qui nous intéresse particulièrement ici. Ayant deux chromosomes 6, chaque animal possède donc deux copies du gène Booroola. Ce gène existe dans deux « versions » différentes, appelées allèles. L'allèle « + » également appelé normal ou sauvage, est porté par la grande majorité des races ovines. L'allèle B (encore noté F ou FecB), encore appelé allèle muté ou modifié, est une version légèrement différente du gène, qui est à l'origine d'une hausse de la prolificité. Chaque animal portant toujours deux gènes Booroola, son génotype Booroola peut être soit ++ (homozygote sauvage), soit B+ (hétérozygote), soit BB (homozygote Booroola).

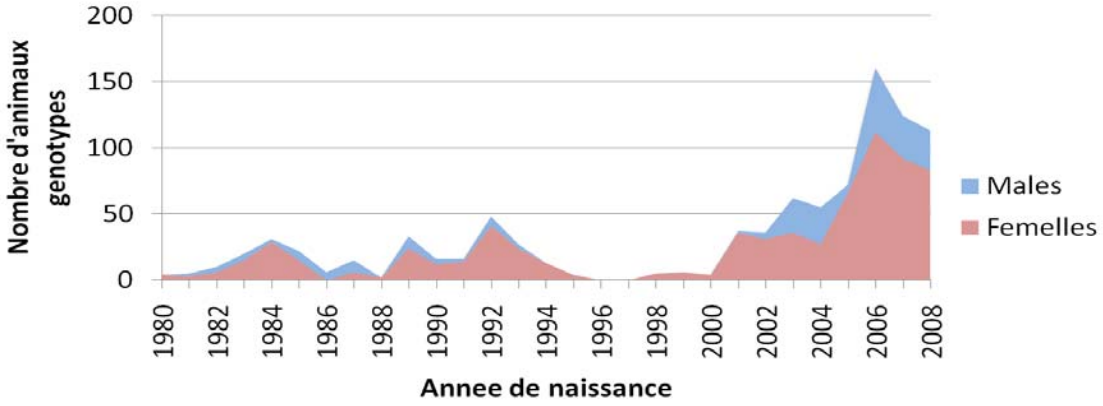
5.2.2. Données disponibles

Pour les besoins de l'étude, les brebis en inventaire ont été génotypées pour le gène Booroola à partir d'une prise de sang. Les béliers, quant à eux, sont génotypés systématiquement depuis que le test est disponible commercialement (2002). Les deux sources d'information ont été utilisées dans le projet.

5.2.3. Reproducteurs au génotype connu

La figure 7 présente le nombre de reproducteurs génotypés par année de naissance. Au total, 946 animaux, dont 710 brebis et 236 béliers reproducteurs, ont un génotype connu. Les animaux nés dans les années 80 et dont le génotype est connu correspondent à des animaux DLS ou Mérinos Booroola, ou demi-sang, dont le génotype était connu puisque la lignée DLS est non porteuse de l'allèle B (homozygote ++) et que le Mérinos Booroola est homozygote BB.

Figure 7. Reproducteurs mâles et femelles ayant un génotype Booroola connu, par année de naissance.



5.2.4. *Fréquence de l'allèle B dans la population Boolys*

A partir des génotypes connus dans la population, il est possible de calculer la fréquence de l'allèle B observée. Compte tenu de la proportion de sang Mérinos Booroola dans la population, on s'attend à une fréquence d'animaux porteurs (B+ ou BB) d'environ 62%, cependant il est nécessaire de vérifier cette valeur, car la population a pu évoluer dans un sens ou dans un autre au fil des générations, en particulier dans les années précédant la disponibilité du test ADN pour le gène Booroola. Le tableau 2 présente les nombres et proportions de chaque génotype, pour la population des mâles et femelles génotypés, nés entre 2000 et 2009.

Tableau 2. Fréquence des différents génotypes Booroola chez les mâles et femelles nés entre 2000 et 2009.

	++	B+	BB	Total
Femelles	187	261	38	486
	38%	*54%*	*8%*	*100%*
Mâles	103	152	23	278
	37%	*55%*	*8%*	*100%*

D'après le tableau 2, la fréquence de femelles porteuses de l'allèle B est de 62 %, alors que la fréquence de mâles porteurs est de 63 %. Ces valeurs sont en accord avec la composition raciale observée dans la population.
Il est à noter que les béliers ++ n'étant pas conservés pour la reproduction, la fréquence de béliers porteurs du gène est de 100 %. Une large majorité d'entre eux sont hétérozygotes.

5.2.5. *Probabilités de génotype*

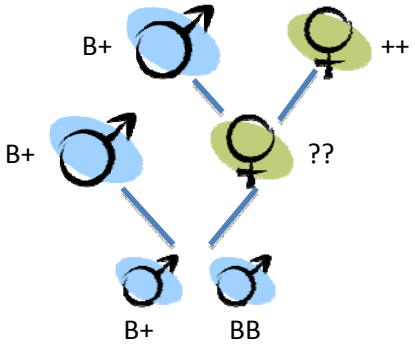
Le génotypage d'individus au sein d'une population fournit de l'information précieuse sur ces animaux, mais elle apporte également des indications sur le génotype de leurs apparentés, étant donné que chaque animal reçoit un allèle de son père et un autre de sa mère. Par exemple, un animal hétérozygote pour le gène Booroola (B+) a forcément reçu un allèle de son père et un autre de sa mère, ce qui indique qu'au moins un de ses parents était porteur de l'allèle B. De la même façon, un animal issu de deux parents homozygotes, par exemple un père BB et une mère ++, aura un génotype connu (B+) sans avoir besoin d'être génotypé. En revanche, si l'un des deux parents, ou les deux parents, sont hétérozygotes, il y a plusieurs possibilités de génotype des descendants, avec des probabilités connues. Le tableau 3 fournit toutes les combinaisons possibles, à partir des trois génotypes possibles pour chacun des parents.

Tableau 3. Génotypes possibles de la progéniture en fonction de la progéniture des parents

Père	Mère	Progéniture
BB	BB	100% BB
BB	B+	50% BB, 50% B+
BB	++	100% B+
B+	BB	50% BB, 50% B+
B+	B+	50% B+, 25% BB, 25% ++
B+	++	50% ++, 50% B+
++	BB	100% B+
++	B+	50% ++, 50% B+
++	++	100% ++

Parfois, le génotype d'animaux non génotypés peut être déduit d'après celui de leurs parents et de leurs descendants. Dans l'exemple ci-dessous, la femelle non génotypée (génotype ??) est en fait B+. En effet, d'après le génotype de ses parents elle peut être soit B+, soit ++. Comme un de ses descendants est BB, elle est forcément porteuse de l'allèle B, elle est donc B+.

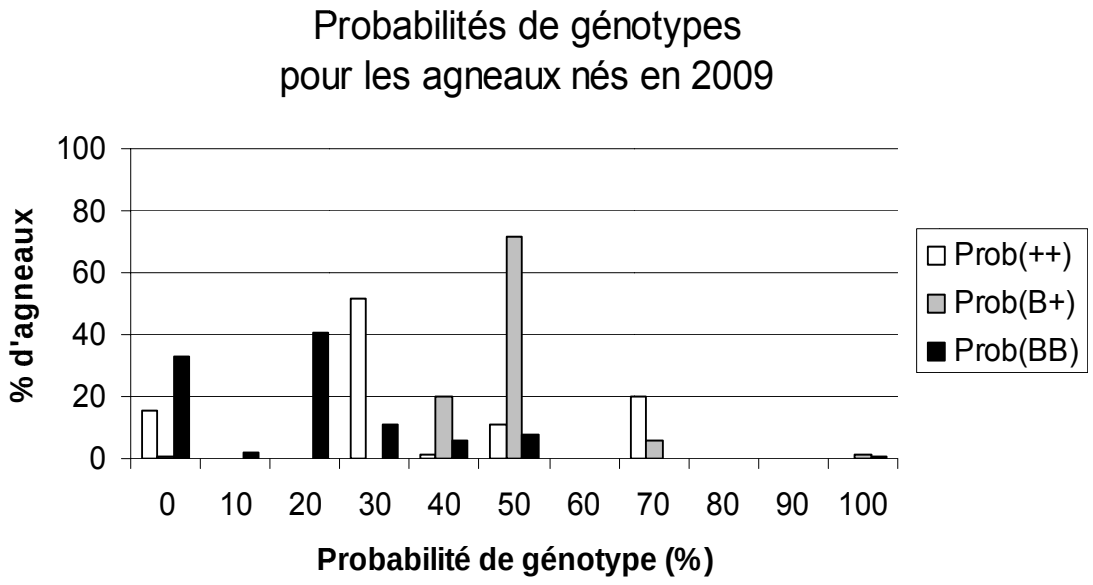
Figure 8. Exemple de famille ou un génotype peut être déduit à partir de celui des parents et des descendants



Le calcul des probabilités de génotypes présente plusieurs intérêts majeurs :

- Pouvoir déduire le génotype d'animaux qui ne sont pas ou plus disponibles pour le génotypage;
- Éviter le génotypage d'animaux dont le génotype peut être déduit (par exemple les descendants de parents homozygotes);
- Cibler le génotypage d'animaux importants dans la population;
- Détecter des erreurs de génotypage et/ou de généalogie;
- Calculer les probabilités de génotype de potentiellement tous les animaux de la population. La figure 9 ci-dessous présente les probabilités de chaque génotype pour tous les agneaux Boolys nés en 2009.

Figure 9. Distribution des probabilités de génotype pour les agneaux nés en 2009



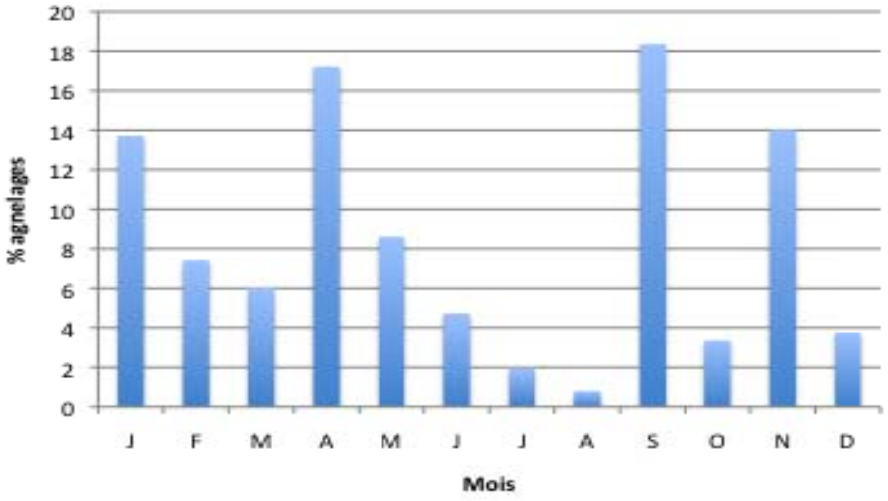
Le calcul des probabilités de génotypes Booroola prend en compte tous les génotypes connus, les liens d'apparentement dans la population et les fréquences alléliques observées. Le résultat de ce calcul fournit, pour chaque animal de la population, la probabilité d'être ++, B+ et BB. On voit d'après la figure 9, que ces probabilités sont assez variables dans la population. La grande majorité des agneaux nés en 2009 ont une chance sur deux d'être B+ (porteurs d'une copie du gène), ce qui est logique puisqu'ils sont issus de brebis majoritairement ++ ou B+ et de béliers B+ ou BB. Ces mêmes agneaux ont environ 1 chance sur 3 d'être ++ et 1 chance sur 5 d'être BB en moyenne. Globalement, ils ont donc plus de 60% de chances d'être porteurs de l'allèle B du gène Booroola. Les quelques agneaux qui ont 100% de chances d'être B+ ou BB (à la droite du graphique) sont issus d'un bélier BB et d'une brebis ++ ou BB. Dans ces deux cas de figure, le génotype des descendants peut être directement déduit de celui de ses parents.

5.3. Impact du génotype Booroola sur la productivité des brebis

5.3.1. Répartition des agnelages

La figure 10 ci-dessous montre la distribution des agnelages sur une année moyenne. On voit clairement des agnelages répartis tout au long de l'année et des pics aux mois de janvier, avril, septembre et novembre. Les brebis sont menées en trois groupes de reproduction distincts, selon un calendrier de régie spécifique fourni à l'annexe 2.

Figure 10. Distribution des agnelages par mois



5.3.2. Caractères de reproduction étudiés

Les caractères de productivité des brebis étudiés dans ce projet sont les caractères classiques saisis dans le cadre du programme GenOvis. Le tableau 4 fournit le nombre d'observations et les statistiques générales des caractères étudiés pour les brebis génotypées.

Tableau 4. Statistiques générales pour les caractères de reproduction étudiés

	Nombre d'observations	Moyenne	Écart type	Minimum	Maximum
Agneaux nés/agnelage	2999	1,81	0,77	1	5
Intervalle entre agnelages (jours)	2352	239	44	175	399
Agneaux nés/an*	326	3,27	0,84	1,85	6,62
Agneaux sevrés/agnelage	2985	1,58	0,80	0	5
Agneaux sevrés/an*	326	2,65	0,70	0,71	5,37
Poids moyen à la naissance (kg)	1792	3,85	0,74	1,0	7,0

** calculé pour les brebis ayant au moins 4 agnelages*

L'analyse a porté sur un total de 510 brebis génotypées, ayant eu de 1 à 17 agnelages sur la période considérée, pour un total de 2999 agnelages. Parmi ces brebis, 326 avaient eu, au moment de l'analyse, au moins 4 agnelages, et ont été intégrées dans les calculs de productivité annuelle (agneaux nés et sevrés par an). En moyenne, les brebis Boolys donnent naissance à 1,81 agneau et sèvrent 1,58 agneau par agnelage. Elles agnellent en moyenne tous les 8 mois environ, ce qui explique la bonne productivité annuelle observée (3,27 agneaux nés et 2,65 agneaux sevrés par an). Nous avons vu précédemment que le troupeau est composé de brebis de différents génotypes Booroola (porteuses de 0, 1 ou 2 copies du gène). Les analyses suivantes visent à déterminer si ces performances varient en fonction du génotype Booroola des brebis.

5.3.3. Performances ajustées par génotype

Tableau 5. Moyennes des moindres carrés par génotype pour les caractères de reproduction étudiés

	Génotype de la brebis		
	++	B+	BB
Nombre de brebis dans l'analyse	216	266	28
Agneaux nés/agnelage	1,74a	2,19b	2,33c
Intervalle entre agnelages (jours)	238,6a	239,3a	236,0a
Agneaux nés/an	2,66a	3,65b	3,89c
Agneaux sevrés/agnelage	1,46a	1,65b	1,56b
Agneaux sevrés/an	2,41a	2,80b	2,78b
Poids moyen à la naissance (kg)	3,90a	3,46b	3,35b

Les moyennes ajustées affectées d'une lettre différente sont statistiquement différentes (p<0,05)

Le tableau 5 présente les performances moyennes ajustées par génotype pour les brebis génotypées. Les moyennes sont ajustées pour tous les autres effets du modèle, à savoir le rang de portée, l'âge de la brebis intra-rang de portée, la combinaison troupeau-année-saison. Dans cet échantillon, les brebis porteuses d'une copie de l'allèle B ont un avantage de 0,45 agneau né par agnelage par rapport aux brebis non porteuses (2,19 vs. 1,74), et les brebis porteuses de deux copies ont un avantage de 0,59 agneau par agnelage (2,33 vs. 1,74). Les trois génotypes sont significativement différents pour ce caractère.

L'avantage des brebis B+ et BB sur la taille de portée se traduit aussi au niveau du nombre d'agneaux nés par an (+0,99 et +1,23 agneau né par an par rapport aux brebis non porteuses, respectivement).

Au niveau du nombre d'agneaux sevrés par agnelage et par an, les brebis porteuses de l'allèle B présentent un avantage de +0,19 agneau sevré/agnelage et +0,39 agneau sevré par an. On n'observe pas de différence significative entre les brebis B+ et BB sur ces deux caractères.

L'intervalle entre agnelages est le seul caractère analysé pour lequel on ne trouve aucune différence significative entre les trois génotypes, même si l'intervalle moyen entre agnelages pour les brebis BB a tendance à être légèrement plus court ($p<0,10$).

Les brebis B+ et BB produisent des agneaux significativement plus légers à la naissance que les brebis ++ (3,46 et 3,35 kg vs. 3,90kg).

Ces résultats, obtenus à partir d'un échantillon de brebis relativement grand, montrent clairement l'avantage que confère l'allèle B au niveau de la prolificité. Les valeurs obtenues sont cohérentes avec les résultats de nombreuses études publiées au cours des dernières années. Dans notre étude, une copie du gène apporte un avantage de l'ordre de 2/3 d'écart type phénotypique sur la taille de portée à la naissance, ce qui est très important. La présence de 2 allèles B apporte encore plus d'amélioration sur la prolificité (environ ¾ d'écart type phénotypique) mais ne semble pas se traduire par une hausse du nombre d'agneaux sevrés par agnelage ou par année.

5.4. Héritabilité de la taille de portée et de l'intervalle entre agnelages

5.4.1. Problématique

Avec les données de productivité des brebis disponibles dans le cadre de cette étude, il est possible de calculer les paramètres génétiques associés aux caractères de reproduction, en particulier l'héritabilité des caractères qu'il est possible et/ou souhaitable d'améliorer par voie de sélection génétique. Dans le contexte actuel, les principaux caractères d'intérêt sont la taille de portée et l'intervalle entre agnelages, qui sont des composantes majeures de la productivité numérique. Les valeurs d'héritabilité classiquement utilisées dans les programmes d'évaluation génétique tels que GenOvis ont été estimées dans des populations généralement exemptes du gène Booroola. Cette étude donne l'opportunité de fournir des résultats propres à la population Boolys, où la présence du gène Booroola en ségrégation apporte une plus grande variabilité d'origine génétique pour la taille de portée.

Il est important d'avoir à l'esprit que l'héritabilité est une estimation de la part de variation d'un caractère qui est d'origine génétique. A l'intérieur d'une même race ou lignée, elle donne une idée de la transmissibilité d'une performance des parents aux descendants, et de l'efficacité potentielle de la sélection génétique (quantitative) sur le caractère en question. Ces notions sont assez complexes lorsqu'on s'intéresse à des caractères ne s'exprimant que chez les femelles comme la taille de portée et l'intervalle entre agnelages.

L'héritabilité intervient également dans l'expression d'un caractère dans le cadre d'un plan de croisement, puisqu'elle est un indicateur de la ressemblance entre parents et descendants, mais d'autres aspects majeurs interviennent, tels que l'hétérosis et les différences de niveau génétique et phénotypique entre les

races ou lignées utilisées. Pour quantifier ces effets, il est souvent nécessaire de procéder à des essais de croisement.

5.4.2. Méthodologie

Les performances de toutes les brebis, génotypées ou non, disponibles dans la base de données GenOvis ou saisies pour les besoins du projet ont été utilisées et analysées conjointement avec les informations généalogiques, afin d'estimer la part de variance d'origine génétique expliquant la variance phénotypique observée pour les caractères étudiés.

Le logiciel VCE (Variance Component Estimation) a été utilisé pour estimer l'héritabilité de la taille de portée et de l'intervalle entre agnelages. Le modèle statistique utilisé incluait les effets du rang de portée, de l'âge de la brebis intra-parité, de l'effet du groupe contemporain (troupeau-année-saison), du génotype Booroola et de l'environnement permanent de la brebis. Les résultats obtenus sont fournis dans le tableau 6.

5.4.3. Principaux résultats

Tableau 6. Héritabilités estimées pour la taille de portée et l'intervalle entre agnelages

	Héritabilité	Erreur standard
Agneaux nés/agnelage	0,17	0,03
Intervalle entre agnelages 1 et 2	0,12	0,06
Intervalle entre agnelages suivants	0,02	0,05

Dans cet échantillon, l'héritabilité de la taille de portée à la naissance est dans la gamme haute des valeurs disponibles dans la littérature. En moyenne, une héritabilité de 0,11 est rapportée. Ceci montre que même si la présence du gène Booroola dans la population est à l'origine d'une grande partie de la variabilité génétique et phénotypique, d'autres gènes aux effets plus faibles interviennent également.

Concernant l'intervalle entre agnelages, l'analyse de toutes les parités ensemble aboutit à une héritabilité nulle. Si on considère chaque parité séparément, on trouve une héritabilité non nulle (0,12) seulement pour l'intervalle entre le 1er et le 2e agnelage. Pour tous les autres rangs de portée, l'héritabilité estimée est nulle ou inférieure à l'erreur standard. Ce résultat peut provenir de la taille réduite de l'échantillon disponible. Mais plus vraisemblablement, dans la population étudiée, l'intervalle entre agnelages, qui est assez peu variable au niveau phénotypique, l'est encore moins au niveau génétique. Ces résultats montrent surtout que la population Boolys, qui possède une aptitude naturelle au désaisonnement comme on l'a observé précédemment, est très homogène au niveau de ce caractère, et qu'il y a une faible marge d'amélioration de ce

caractère via la sélection, sauf éventuellement pour l'intervalle entre les deux premiers agnelages.

6. Conclusions

Cette étude a permis de créer un jeu de données original et de taille respectable, sur une population ovine porteuse du gène Booroola. Les données disponibles, en termes de génotypes, de généalogies et de performances, ont permis de dégager les principaux résultats suivants :

- La grande majorité des brebis de la population Boolys ont un pourcentage de sang Mérinos Booroola compris entre 33 et 38%;
- La fréquence d'animaux porteurs de l'allèle Booroola dans la population Boolys est de 62% chez les brebis et 100% chez les béliers conservés pour la reproduction;
- Une copie du gène Booroola confère 0,45 agneau né supplémentaire par agnelage, et deux copies en confèrent 0,59;
- Le génotype Booroola n'a pas d'effet sur l'intervalle entre agnelages;
- Les brebis porteuses de l'allèle B donnent naissance à des agneaux significativement plus légers à la naissance (3,90 vs. 3,45 kg);
- L'héritabilité de la taille de portée à la naissance est estimée à 17 % dans la population Boolys;
- L'héritabilité de l'intervalle entre les deux premiers agnelages est de 12 %, et elle est nulle pour les intervalles suivants.

L'ensemble de ces résultats confirme les avantages apportés par le gène Booroola au niveau de la prolificité à la naissance et au sevrage, chez les brebis porteuses d'au moins une copie du gène. Il confirme également que le gène Booroola n'a pas d'effet sur l'intervalle entre agnelages.

L'exemple du gène Booroola démontre dans cet exemple qu'il est possible d'améliorer un caractère rapidement et de façon importante grâce a la génétique moléculaire. A titre de comparaison, il faudrait environ 20 générations de sélection quantitative classique pour améliorer la taille de la portée à la naissance de 0,45 agneau par portée via la sélection classique, alors qu'une seule copie du gène Booroola génère le même progrès. Il s'agit là d'un des avantages majeurs de la génétique moléculaire : elle permet de réaliser des progrès importants et rapides, ce qui est particulièrement intéressant sur des caractères peu héritables et mesurés sur un seul sexe, tels que la taille de portée. Il faut cependant conserver à l'esprit que la sélection génomique doit être utilisée en complément de la sélection quantitative classique. En effet, de nombreux autres gènes, ayant des effets individuels faibles, expliquent également une grande partie de la variabilité de la prolificité. Ces gènes ne doivent pas être négligés.

En résumé, l'aptitude naturelle au désaisonnement et à l'accouplement au pâturage de la population Boolys, liée à sa composition raciale, lui confère déjà un avantage indéniable au niveau de la productivité, et ceci, quel que soit le

statut Booroola. La présence du gène Booroola apporte un avantage supplémentaire qui en fait une lignée maternelle particulièrement performante. Ces avantages transparaissent au niveau des résultats technico-économiques du troupeau de la Cloche des Alpes, compilés par le CECPA et présentés à l'annexe 4 de ce rapport. En particulier, le nombre d'agnelages par brebis (1,31 *vs.* 1,06 pour le groupe témoin) et le nombre d'agneaux nés par brebis (2,28 *vs.* 1,85 pour le groupe témoin), combinés à différents avantages liés à la conduite au pâturage permettent au troupeau de dégager une marge brute de 151.35$ par brebis (vs. 50.04$ pour le groupe témoin), même en tenant compte des frais additionnels liés au génotypage des béliers.

7. Recommandations

Un projet tel que celui-ci a permis de compiler des informations précieuses visant surtout à analyser les effets du gène Booroola dans un contexte précis. Il est important de continuer à collecter des données de performances pour ces troupeaux, afin de pouvoir confirmer certains résultats sur de plus grands nombres d'animaux. De plus, dans tout projet de génomique, les phénotypes (performances) sont indispensables pour être capable de démontrer à tout moment l'effet d'un gène et l'efficacité d'un programme de sélection.

La génétique moléculaire (sélection sur gène majeur, sélection assistée par marqueur ou sélection génomique) doit compléter, et non remplacer, la sélection quantitative classique. Dans le cas de la population Boolys, il s'agit d'être capable de sélectionner les reproducteurs non seulement sur la base de leur génotype Booroola mais aussi du reste de leur génome. En effet, une infinité de 'petits' gènes influencent également la taille de portée et les autres caractères et ne doivent pas être négligés. D'autre part, la sélection classique sur EPD peut permettre de pallier certains problèmes soulevés par la sélection génomique. Par exemple, la baisse du poids à la naissance observée chez la progéniture des brebis porteuses de l'allèle B pourrait être partiellement enrayée grâce à la sélection sur EPD pour les composantes directes et maternelles de ces deux poids. Elle est déjà probablement freinée par le fait que les agnelles de remplacement sont choisies en fonction de leur gabarit.

D'autres gènes sont connus chez les ovins pour avoir un impact majeur sur les caractères d'intérêt économique. Une revue non exhaustive est disponible dans la revue de littérature sur la génomique en annexe 1 de ce rapport. Il est important d'assurer une veille sur les nouveautés en terme de génomique, surtout actuellement puisque le génome ovin a été récemment séquencé et qu'un nombre croissant de nouveaux gènes vont fort probablement être identifiés.

Au niveau du programme GenOvis, diverses évolutions seraient souhaitables :

- Offrir la possibilité de saisir l'information sur les génotypes (pour le gène Booroola ou d'autres gènes);
- Calculer automatiquement les probabilités de génotype;
- Intégrer le génotype Booroola (ou d'autres gènes) dans les évaluations génétiques.

Parmi les suites potentielles à donner, plusieurs options découlent directement des résultats de ce rapport :

- Réaliser une analyse économique détaillée du système de production utilisant le gène Booroola en agnelages accélérés, en comparaison d'un système conventionnel;
- Approfondir d'autres aspects liés non couverts dans ce projet, tels que la saisonnalité de la production et ses liens avec la longévité des brebis par exemple, ainsi que la résistance aux maladies;
- Continuer à génotyper les béliers Booroola afin de maintenir une fréquence de l'allèle B optimale pour le troupeau et la population;
- Utiliser les génotypes des brebis fournis par le projet pour déduire certains génotypes dans les générations à venir;
- Optimiser la gestion de l'allèle B dans la population Booroola, tout en limitant les coûts de génotypage;
- Utiliser conjointement la génétique moléculaire (pour l'amélioration de la prolificité via le gène Booroola) et la génétique quantitative (pour l'amélioration de la survie et du poids des agneaux) pour maximiser le nombre de kg d'agneau vendu par brebis, dans une race où le rythme de reproduction est naturellement élevé;
- Étudier la transmission des avantages sur la taille de portée et le désaisonnement, par exemple en utilisant des béliers Boolys BB sur des brebis d'autres races utilisées au Québec, pour produire des brebis commerciales croisées;
- Examiner les possibilités d'utilisation des puces ADN à SNP (Single Nucleotide Polymorphism) maintenant disponibles pour les ovins, pour généraliser l'utilisation de marqueurs génétiques ayant potentiellement des effets aussi forts que le gène Booroola sur la productivité.

8. Opportunités d'utilisation du gène Booroola dans l'industrie ovine québécoise

À partir de la lignée Boolys porteuse du gène Booroola avec une fréquence élevée, plusieurs scénarios sont envisageables pour transmettre les avantages décrits précédemment aux producteurs commerciaux. En premier lieu, l'utilisation de brebis 100% Boolys dans un contexte commercial a déjà fait ses preuves et les statistiques présentées dans cette étude en font foi. Une seconde option est l'utilisation de béliers Boolys en croisement sur d'autres races pour produire des brebis commerciales hybrides pouvant hériter des avantages du gène Booroola sur la prolificité. Le tableau 7 présente différents scénarios possibles. Le choix du scénario le plus adapté devra se faire en fonction de la prolificité de départ dans la population/race choisie, mais aussi de la prolificité visée et du type de régie pratiquée.

Les moyennes de prolificité utilisées dans les simulations pour la population d'origine sont issues des données du Centre d'études sur les coûts de production en agriculture (CECPA) pour l'année 2009.

Tableau 7. Quelques scénarios possibles d'utilisation de la lignée Boolys en croisement

Scénarios	Description
Scénario A	Brebis ½ Boolys issues de béliers Boolys BB
Scénario B	Brebis ½ Boolys issues de béliers Boolys B+
Scénario C	Brebis ¾ Boolys issues de 2 étapes de croisement avec des béliers Boolys BB
Scénario D	Brebis ¾ Boolys issues de 2 étapes de croisement avec des béliers Boolys B+

Le tableau 8 présente les résultats théoriques de l'application des scénarios A, B, C et D, en tenant compte des effets du gène Booroola et de la transmission de l'aptitude au désaisonnement. Ces simulations sont basées sur plusieurs hypothèses fortes, par exemple que l'effet du gène Booroola sur la taille de portée dans la population receveuse est le même que dans la lignée Boolys (+0,45 agneau par agnelage pour une copie du gène, +0,59 pour deux copies) et que le niveau de régie est équivalent à celui du troupeau analysé dans cette étude, pour permettre l'expression du potentiel génétique pour la prolificité. Aucun effet d'hétérosis n'a été considéré dans ces calculs, ce qui fait que les résultats des simulations présentées ici sous-estiment probablement la réalité.

Tableau 8. Progrès théoriques sur la prolificité des brebis provenant de la présence du gène Booroola dans le cas de l'application des scénarios A, B, C, D

	Scénarios			
	A	B	C	D
Hypothèse de départ				
Prolificité dans la population d'origine (agneaux/agnelage)	1,74	1,74	1,74	1,74
Résultats				
Proportion de brebis croisées porteuses du gène Booroola	100%	50%	100%	62,5%
Détail des génotypes des brebis croisées				
++	0%	50%	0%	37,5%
B+	100%	50%	50%	50%
BB	0%	0%	50%	12,5%
Prolificité moyenne des brebis croisées (agneaux/agnelage)	2,19	1,97	2,26	2,02
Progrès relatif sur la prolificité dû à la présence du gène Booroola	+26%	+13%	+30%	+16%

D'après les résultats du tableau 8, l'utilisation de béliers Boolys pour une ou deux étapes de croisement, conduirait rapidement à une hausse de la productivité (en seulement une ou deux générations selon le scénario) variant, avec les hypothèses choisies ici, de +13 à +30 % sur le nombre d'agneaux nés par agnelage. On note que les scénarios A et C donnent des résultats proches

en termes d'amélioration de la prolificité (+26 et +30%), mais que ces deux scénarios font intervenir des brebis toutes hétérozygotes dans le cas A, et moitié B+, moitié BB dans le cas C, ce qui a des implications au niveau de la gestion de l'hyperprolificité.

Il est important de noter qu'en plus des progrès sur la taille de portée conférés par le gène Booroola, l'utilisation de la lignée Boolys peut également permettre de bénéficier des avantages de cette population sur l'aptitude au désaisonnement. Ainsi, selon la proportion de sang Boolys chez les brebis croisées (50% ou 75% selon les scénarios), on peut espérer, en adoptant un calendrier de régie spécifique, réduire l'intervalle entre agnelages de l'ordre 15 à 23% et ainsi améliorer la prolificité annuelle des brebis de 34 à 68% selon les scénarios. Rappelons que d'après nos résultats, le gène Booroola affecte la prolificité mais ne joue aucun rôle dans l'aptitude au désaisonnement.

9. Références bibliographiques

- ACIAR, 2009. Proceedings of the Helene Newtown Turner Memorial International Workshop held in Pune, Maharashtra, India, 10-12 November 2008.

- Boichard D., 2002. Pedig : a fortran package for pedigree analysis suited to large populations. 7th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production, Montpellier, 19-23 août 2002, paper 28-13.

- Fahmy M.H and Castonguay F., 1991. Research and commercialization of the Booroola gene in Canada. Pp. 19-26 in 'Major genes for reproduction in sheep', ed. by J.M Elsen, L. Bodin and J. Thimonier. INRA, Paris, France.

- Kovac M., Groeneveld E., 2003. VCE-5 User's Guide and Reference Manual. Version 5.1, 68 pages.

- Mulsant P., Lecerf F., Frabre S., Schibler L., Monget P., Lanneluc I., Pisselet C., Riquet J., Monniaux D., Callebaut I., Cribiu E., Thimonier J., Teyssier J., Bodin L., Cognie Y. and Elsen J.M., 2001. Mutation in bone mortphogenetic protein receptor-1B is associated with increased ovulation rate in Boorola Merino ewes. Proceedings National Academy of Science USA 98, 5108-5109.

- Piper L.R. and Bindon B.M., 1982. The Booroola Merino and the performance of medium non-peppin crosses at Armidale. Pp. 9-19 in 'The Booroola Merino : proceedings of a workshop held in Armidale, New South Wales, 24-25 August 1980' ed. by L.R. Piper, B.M. Bindon and R.D. Nethery, CSIRO, Melbourne, Australia.

- SAS/STAT, 2002-2003. SAS Institute Inc, Version 9.3.1, Cary, NC, USA.

- Souza C.J., MacDougall C., Campbell B.K., McNeilly A.S. and Baird D.T., 2001. The Booroola (FecB) phenotype is associated with a mutation in the bon morphogenetic receptor type 1B (BMPR1B) gene. Journal of Endocinology 169, R1-6.

- Wilson T., Wu Xi-Yang, Juengel J.L., Ross I.K., Lumsden J.M., Lord E.A., Dodds K.G., Walling G.A., McEwan J.C., O'Connell A.R., McNatty K.P. and Montgomery G.W., 2001. Highly prolific Booroola sheep have a mutation in the intracellular kinase domain of bone morphogenetic protein 1B receptor (ALK-6) that is expressed in both oocytes and granulosa cells. Biology of Reproduction, 64,1225-1235.

10. Diffusion des résultats

Le présent rapport final est disponible en version électronique sur le site Internet du CEPOQ. Par ailleurs, en cours de projet quelques articles de vulgarisation ont été publiés dans la revue *Ovin Québec*. En tout, 3 articles ont été rédigés et sont présentés en annexe 5. Le dernier de ces trois articles intitulé « *La génétique moléculaire pour faire des pas de géant sur la productivité des brebis : le cas du gène Booroola* » sera traduit en anglais et paraîtra en début d'année 2011 dans la revue *Sheep Canada*.

Par ailleurs, une fiche technique couleur de 4 pages résumant les principaux résultats a été produite à plus de 300 exemplaires. Cette fiche sera offerte aux producteurs via leur conseiller(ère) OVIPRO. Quelques exemplaires ont également été remis aux membres du Club Boolys pour en assurer la diffusion. Enfin, elle est disponible en version électronique sur les sites Internet du CEPOQ et de la FPAMQ.

Annexe 1

-

Gène Booroola, progrès en génomique ovine et options disponibles aux éleveurs ovins pour l'amélioration génétique

A. Mise en contexte et historique de la mutation du gène Booroola (FecB)

Au début des années 1940, les frères Sears, propriétaires d'une ferme ovine située dans la région de New South Wales en Australie, remarquèrent que les brebis dans leur troupeau avaient plus de naissances multiples que celles de leurs voisins. Les frères commencèrent donc à sélectionner les brebis de remplacement parmi les agnelles nées dans les portées à naissances multiples (Fahmy, 1983). En 1980, Piper et Bindon avancèrent l'hypothèse que la haute prolificité observée chez les animaux du troupeau des frères Sears était due à une mutation simple ou à un groupe de gène liés (Piper et Bindon, 1982 cité par Davis, 2009).

La mutation Booroola est fixée dans la race Garole en Inde (Mishra *et al.*. 2009) et dans la race Hu en Chine (Hua et Yang, 2009). Pardeshi *et al.* (2009) ont suggéré que cette mutation aurait pu se produire lors de deux évènements séparés ou chez un ancêtre en commun à ces deux races ovines. Les auteurs ont également avancé que la mutation du gène Booroola aurait pu être introduite dans les races ovines chinoises *via* le transport des animaux sur la route de la soie. Les moutons de race Garole, également connus sous le nom de moutons de Bengale, ont été transportés de l'Inde vers l'Australie en 1792 et il est probable que les moutons Mérinos Booroola soient des descendants directs de ces animaux (Turner, 1982, cité par Davis, 2005; Fogarty, 2009).

L'effet de la mutation Booroola au locus FecB est causée par un polymorphisme à nucléotide unique (SNP) dans le gène 1-B du récepteur de la protéine osseuse morphogénétique (BMPR 1-B). Ce gène se trouve sur le chromosome 6 du génome ovin. La transition d'un nucléotide adénosine à guanosine dans la séquence ADN provoque un changement d'acide aminé (arginine →glutamine) menant à une modification de la structure de la protéine codée par ce gène (Hua et Yang, 2009). La principale conséquence de cette mutation consiste en des taux d'ovulation accrus chez les brebis porteuses de cette mutation, ce qui conduit à des portées plus grandes (Fogarty, 2009).

B. Aspects physiologiques du mécanisme du gène Booroola

L'allèle B comportant la mutation Booroola est fixé dans les populations Garole et Hu. Cependant, les deux variantes du gène, B et +, sont en ségrégation dans les populations ovines Han, Javanaises et Kendrapada (Fogarty, 2009). Le gène Booroola est actuellement répertorié chez 48 races ovines présentes dans 19 pays différents (Davis, 2009). Une grande majorité de la propagation de la mutation Booroola est due à l'introgression de l'allèle B dans des populations où la mutation était absente. Les brebis qui héritent d'un seul allèle B d'un de leurs parents (génotype B+) produisent environ 1,5 d'ovules supplémentaires par rapport aux brebis non porteuses de la mutation (++). Le taux d'ovulation est doublé lorsque les brebis héritent un allèle B (génotype BB)

de leur père et leur mère (+3,0 ovule) (Davis, 2005). Quant à la taille de portée, une brebis qui hérite une copie de l'allèle Booroola (B) donne naissance en moyenne à un agneau de plus par agnelage tandis qu'une brebis ayant deux copies de la mutation Booroola donne naissance à 1,5 agneaux supplémentaires par agnelage (Davis, 2005). L'effet du gène Booroola est partiellement dominant pour la taille de la portée et additive pour le taux d'ovulation (Davis, 2005).

Au cours des dernières années, plusieurs études ont été publiées concernant les performances de brebis porteuses de la mutation Booroola. Les performances étudiées par plusieurs chercheurs incluent le taux d'ovulation, le poids des agneaux à la naissance et taux de survie des descendants issus de brebis porteuses de la mutation.

Taux d'ovulation

Ruoss *et al.* (2009) ont étudié l'effet de la voie BMPR affectée par la mutation Booroola sur la formation de follicules primaires. Ils ont comparé le nombre de follicules primaires entre les agnelles Booroola ayant une prolificité augmentée et les agnelles Mérinos (non porteuses de la mutation Booroola) à différents âges. Les follicules primaires sont les cellules qui sont finalement fécondées et produisent la descendance.

Les auteurs ont rapporté que lorsque les agnelles étaient âgées de 1,5 et 5 ans, le taux d'ovulation des agnelles Booroola était plus élevé que celui des agnelles Mérinos du même âge. Des différences entre le nombre de follicules primaires entre les deux races, à différents âges ont aussi été observées. À 5 ans, 66% des follicules primaires avaient été utilisés chez les brebis Booroola en comparaison de 97% chez les brebis Mérinos.

Mortalité

Southey *et al.* (2002) ont étudié et comparé la productivité des brebis porteuses et non porteuses de la mutation Booroola dans une population croisée Rambouillet x Mérinos Booroola. Ils ont observé que les descendants des brebis croisées hétérozygotes pour la mutation Booroola (B+) avaient des taux de mortalité embryonnaire beaucoup plus élevés (environ 15%) que les descendants des brebis non porteuses de la mutation (++). Tout comme Southey *et al.* (2002), Gootwine (2008) a également observé un taux de survie des agneaux plus faible chez la progéniture de brebis de race Awassi porteuses d'un (0,93) ou de deux allèles Booroola (0,86) comparé à des brebis non-porteuses de la mutation (0,98) . Chez les brebis Assaf, le taux de survie des agneaux était 0,78 pour les brebis BB, 0,86 pour les brebis porteuses d'un allèle B (B+) et 0,94 pour les brebis non-porteuses de la mutation Booroola (++) (Gootwine, 2008).

Poids des agneaux à la naissance

Southey et al, (2002) ont observé que plus le nombre d'agneaux par agnelage était élevé, plus le poids des agneaux à la naissance était faible. Les auteurs ont aussi rapporté que la survie des agneaux était diminuée chez les brebis porteuses d'une ou deux copies de la mutation FecB, tel que mentionné dans la section précédente.

Gootwine *et al.* (2006) ont étudié l'effet du gène Booroola dans une population de moutons croisés suite à l'introgression de la mutation Booroola dans une population de moutons Awassi. Ils ont observéque les agnelles ayant hérité deux allèles mutés (BB) avaient un poids à la naissance plus faible (4,03±0,08kg) que les agnelles B+ (4,16±0,04kg) et ++ (4,32kg±0,07kg). Ils ont également montré que le poids à la naissance des agneaux était lié de façon significative au génotype de la mère pour le gène Booroola. Les brebis génotypées comme « BB » donnaient naissance à des descendants plus légers (3,93±0.08kg) que les brebis ayant hérité seulement un allèle comportant la mutation Booroola (B+= 4,26±0,04kg) ou encore les brebis non porteuses de la mutation (++ = 4,33kg±0,07kg). Les auteurs ont conclu que la mutation FecB n'avait pas seulement un effet sur la prolificité mais aussi un impact négatif sur les caractères liés à la croissance chez le mouton.

Pareillement, Fogarty (2009), Hua et Yang (2009) et Vissher *et al.* (2000) cité par Fogarty (2009), ont également observé que chez plusieurs races ovines, les brebis BB avaient un poids à la naissance plus faible ainsi qu'une croissance pré-sevrage plus lente.

C. Étude sur l'introgression du gène FecB dans des races ovines

De nombreuses études ont été publiées au cours des dernières années traitant de l'introgression de la mutation Booroola dans une population ovine. En général, l'introgression est l'introduction d'un allèle utile d'un gène dans une population où il est absent *via* l'accouplement de ces animaux avec une population où l'allèle en question existe.

Quelques études sont résumées ci-dessous et leurs principaux résultats et conclusions soulignés. Elles incluent les études de Southey *et al*. (2002), Walken-Brown *et al.* (2009), Mishra *et al.* (2009), et Gootwine (2008). Lorsque l'allèle Booroola est introduit dans une nouvelle race ovine, des précautions sont requises afin de s'assurer qu'aucun autre gène lié à la prolificité n'est présent, de façon à éviter l'hyperprolificité, qui pourrait causer une augmentation de mortalité embryonnaire (Davis, 2009).

Différents gènes sont associés à l'hyperprolificité chez les moutons de différentes races. Huang et Yang ont donné un aperçu d'autres gènes potentiels liés à la prolificité

Source: www.consdabi.org

accrue tels que le gène du récepteur de la mélatonine 1a (MTNR1A), le gène du récepteur de la prolactine et le gène de l'alpha inhibine chez les moutons Han à petite queue (à droite).

Southey *et al.* 2002 (Populations ovines américaines)

Southey *et al.* (2002) ont étudié l'introgression de la mutation Booroola dans la population Mérinos de Rambouillet. Leur étude comprenait l'utilisation de moutons Mérinos Booroola ayant une prolificité accrue causée par la présence de la mutation Booroola. Les auteurs ont observé que les brebis B+ étaient plus productives que les brebis ++. Cependant, les brebis B+ avaient des taux de mortalité plus élevés et des agneaux moins lourds comparé aux brebis non-porteuses de la mutation Booroola (++). Les auteurs ont également estimé l'effet de la mutation Booroola en comparant les performances des brebis Booroola Mérinos x Rambouillet, les brebis F1, les brebis Rambouillet de race pure et les brebis nées dans la première ou deuxième génération d'un croisement en retour issues par des béliers Rambouillet.

Les auteurs ont observé que la mutation Booroola avait un effet important sur les performances de production. Les brebis porteuses d'un allèle B présentaient un taux d'ovulation plus élevé, des tailles de portées plus grandes mais aussi une augmentation de la mortalité embryonnaire variant entre 15 et19%. Au cours des dernières années, un test commercial a été mis à la disposition de l'industrie ovine par Genomz, une compagnie biotechnologique située en Nouvelle-Zélande (Davis, 2005) afin d'identifier les moutons porteurs de la mutation Booroola.

Les auteurs ont conclu que l'introgression de la mutation Booroola dans la population de moutons Rambouillet n'a pas amélioré la productivité des brebis comparé aux performances des brebis Rambouillet de race pure. Les brebis B+ avaient des tailles de portées et des taux d'ovulation plus élevés, mais également une mortalité embryonnaire et des agneaux plus forte. Les auteurs ont suggéré que l'introgression de la mutation Booroola dans une population ayant des caractères maternels exceptionnels ou dans une race assujettie à un système de production intensif serait avantageux afin de profiter de l'amélioration sur la taille de portée offert par la mutation Booroola.

Walken-Brown *et al.* 2009 (Mérino Booroola d'Australie)

Cette étude visait à étudier les conséquences biologiques et économiques de l'introgression de la mutation Booroola chez les moutons de race Mérino d'Australie. Un taux de survie plus bas avait été rapporté chez les agneaux Booroola issus de portées à naissances multiples, avec plus de mortalité observée dans les portées de 3 agneaux ou plus. Les auteurs ont également suggéré une « pénalité aux homozygotes », un désavantage possible pour les brebis qui héritent deux allèles comportant la mutation Booroola (BB). Les brebis qui héritent deux allèles FecB ont une fécondité plus faible et

une plus grande perte en matière de reproduction (moins d'agneaux scannés /brebis que les brebis B+ en dépit de la taille de portée semblable par agnelage entre les deux génotypes).

Les brebis BB ont des taux d'ovulation supérieurs aux brebis B+, mais tel que mentionné ci-dessus, une plus grande fréquence de mortalité embryonnaire. Cela est un cas différent pour les brebis non porteuses de la mutation Booroola (++). Elles ont des taux d'ovulation plus faibles, un nombre plus faible d'agneaux scannés par portée mais des taux de conception plus élevée. Les auteurs ont également suggéré que les taux de mortalité pourraient être influencés par le type de système de production utilisé par les éleveurs ovins.

Mishra *et al.* (2009) (Population de moutons de race Malpura en Inde)

Cette étude a examiné l'introgression de l'allèle FecB dans une population de moutons Malpura via l'accouplement des brebis Malpura aux béliers Garole en Inde. Les moutons Garole ont une prolificité accrue avec une taille moyenne de portée s'élevant à 2,27 agneaux. Cette race de moutons prospère dans les conditions climatiques défavorables. En revanche, les moutons Malpura sont plus grands que les moutons Garole et la taille de portée moyenne de cette race est de 1,05, avec la naissance de jumeaux se produisant seulement dans 4,71% des agnelages. Les auteurs ont étudié les effets de la mutation Booroola sur le nombre d'agneaux nés vivants par agnelage, le taux de sevrage ainsi que la taille de la portée au poids de marché ou à six mois par brebis ayant agnelé

Les auteurs ont rapporté que les brebis BB et B+ (1,83 ± 0, 21 et 1,71 ± 0,04 respectivement) avaient plus de nés-vivants par agnelage que les brebis ++ (1,01 ± 0, 01). Les brebis B+ avaient (1,46 ± 0,05) significativement plus d'agneaux sevrés que les brebis ++ (0.88 ± 0, 04). Les brebis B+ avaient également un meilleur taux de sevrage et une plus grande taille de portée à six mois que les brebis BB, bien que ce ne fût pas statistiquement significatif. Les auteurs ont conclu qu'une augmentation du nombre d'agneaux nés par brebis pourrait augmenter la rentabilité financière des éleveurs ovins et l'introgression de la mutation Booroola pourrait être utilisée à cette fin. Ils recommandèrent l'introgression de la mutation Booroola dans d'autres races ovines ayant des prolificités faibles afin d'augmenter la productivité des brebis.

Gootwine *et al.* 2008 (moutons Awassi et Assaf)

Les auteurs ont étudié l'introgression de la mutation Booroola dans les races ovines Awassi et Assaf. Ces deux races de moutons sont couramment utilisées dans la production ovine en Israël. Pour la race Awassi, les auteurs avaient indiqué que la fréquence des triplets avait augmenté de 2%, 17% et de 19% chez les brebis ++, B+ et BB respectivement. La fréquence des quadruplés et quintuplés avaient également augmenté de 3 et 4% respectivement chez les brebis B + et BB. En ce

qui concerne les taux de survie des agneaux selon le génotype de la brebis, ils étaient de 0,97 pour les brebis + +, 0,93 pour les brebis B+ et 0,86 pour les brebis BB.

Pour les moutons Assaf, la fréquence des triplets était de 9%, 46% et 49% pour les brebis ++, B+ et BB respectivement. Une tendance similaire à l'égard du taux de survie des agneaux entre les races ovines Awassi et Assaf a été signalée. Les taux de survie des agneaux selon le génotype des brebis étaient de 0,94 pour les brebis ++, 0,85 pour les brebis B+ et 0,78 pour les brebis BB.

Des effets de génotypes, de parité, l'année de l'agnelage et du bélier-père étaient significatifs ($p < 0,0001$), selon l'étude de Gootwine *et al.* (2008). Un allèle B augmenterait la prolificité par 0,62 agneaux par agnelage chez les brebis Awassi par rapport aux brebis de la même race qui ne sont pas porteuses de la mutation Booroola et 0,72 agneaux par agnelage chez les brebis de race Assaf. Les auteurs ont également réalisé une revue bibliographique et ont indiqué que l'effet moyen d'une copie de l'allèle B était de + 0,87 agneau/agnelage et que la gamme des valeurs rapportées dans la documentation s'étendait de 0,26 à 1,17 agneau/agnelage. Les différences de réponse à l'effet de la mutation Booroola en fonction de la race, incluant le taux d'ovulation et l'efficacité utérine pourraient être attribuées aux variations de l'effet de l'allèle B signalées dans plusieurs races, d'après Gootwine *et al.* (2008).

Tests pour le gène Booroola

Au cours des dernières années, un test commercial a été mis à la disposition de l'industrie ovine par Genomz, une compagnie de biotechnologie située en Nouvelle-Zélande (Davis, 2005). Genomz offre à ce jour le test commercial pour identifier les ovins porteurs de la mutation Booroola. Transbiotech, une compagnie de biotechnologie sans but lucratif située à Lévis au Québec offre aussi un test commercial pour la mutation Booroola (Transbiotech, 2010). Plus d'informations sur la compagnie Transbiotech et ses services sont disponibles à l'adresse suivante : www.tbt.qc.ca.

Tests ADN disponibles pour l'industrie ovine

Marqueurs Pfizer

La Compagnie Pfizer Animal Genetics a plusieurs tests d'ADN disponibles pour les éleveurs et producteurs ovins de la Nouvelle-Zélande et à travers le monde. Les différents tests d'ADN disponibles sont brièvement expliqués ci-dessous. Plus d'informations sur ces tests peuvent être obtenues en visitant le lien suivant: www.pfizeranimalgenetics.com.

- **Shepherd ®:** Ce test permettra aux éleveurs et producteurs de tester tous les béliers, brebis et agneaux dans un troupeau afin de générer un pédigree et obtenir des informations sur les lignées. L'ascendance est déterminée d'après les échantillons d'ADN prélevés sur tous les béliers, brebis et agneaux nés dans le troupeau. Les éleveurs peuvent aussi envoyer des données de performance et de sondage. Des valeurs génétiques ainsi que des indices génétiques peuvent également être calculés.

- **LoinMAX®** est un test ADN pour un polymorphisme à nucléotide unique (SNP) situé près du gène callipyge sur le chromosome 18, qui est associé à la taille du muscle de la longe. (Dodds *et al.* 2007). Les moutons identifiés comme possédant le gène LoinMAX ont 10% plus de viande maigre dans la longe que les moutons qui ne possèdent pas cette mutation.

Source: www.pfizeranimalgenetics.com

- **MyoMax ®:** Ce test ADN est un test commercial d'un SNP présent dans le gène de la myostatine qui se trouve sur le chromosome 2 du génome ovin. Ce test permet aux éleveurs et aux producteurs d'identifier les moutons possédant une variante d'allèle du gène qui augmenterait le poids de carcasse des agneaux et le rendement en maigre de la carcasse (Dodds *et al.* 2007). Les moutons possédant l'allèle MyoMax ont des muscles plus développés dans les membres et la longe, moins de gras sur la carcasse et un poids de carcasse amélioré comparé aux moutons qui ne sont pas porteurs de l'allèle MyoMax. Sur l'image à droite, l'agneau à gauche ne possède aucun allèle Myomax tandis que l'agneau à droite possède deux allèles Myomax. Il est à noter que les deux agneaux ont été élevés sous des conditions de production identiques et sont issus de la même source de génétique (pfizeranimalgenetics.com).

- **WormStar ®:** est un test ADN que les éleveurs peuvent utiliser pour identifier des races ou lignées ovines qui sont plus résistantes aux infections de parasites, excrètent moins d'œufs de parasites dans les matières fécales, produisent plus de kg d'agneau et de laine.

- **Inverdale ®:** Inverdale est un autre exemple de gène associé avec une prolificité accrue et des portées plus grandes. Le gène Inverdale est localisé sur le chromosome X et une copie de l'allèle Inverdale chez la brebis peut augmenter la taille de la portée par 0,6 agneau. Par contre, deux copies de l'allèle Inverdale héritées provoquent l'infertilité chez l'animal. (Davis, 2005).

Autres tests commerciaux disponibles aux éleveurs et producteurs d'ovins

- **Sensibilité à la tremblante:** La compagnie Pfizer Animal Genetics offre également des services pour identifier les allèles qui augmentent ou diminuent la sensibilité à la tremblante. Il existe également deux compagnies canadiennes, Laboratoires IDEXX à Markham en Ontario et Transbiotech à Lévis, Québec qui offrent un service de tests sur la résistance à la tremblante pour les codons 136 et 171. Transbiotech offre également un test sur la résistance à la tremblante pour le codon 154 (Transbiotech, 2010).

- **Syndrome de l'araignée:** Cette condition a été signalée chez les moutons Suffolk et les croisés Suffolk aux États-Unis (Thomas, 2006). Le gène responsable de cette maladie génétique a été localisé sur le chromosome 6 du génome ovin où deux copies de l'allèle récessif causent l'aspect physique de la maladie (Thomas, 2006). Les animaux atteints de ce syndrome ont une malformation sévère des os à la naissance ou dans les 30 jours suivants l'agnelage (Thomas, 2006). Les laboratoires IDEXX offrent un test pour identifier les animaux atteints de cette maladie (IDEXX, 2010). Un agneau atteint du syndrome de l'araignée est montré dans la photo à droite.

Source: www.pipevet.com

- **Gène Callipyge:** Le gène Callipyge a été découvert en 1983 dans l'État de l'Oklahoma chez un bélier de race Dorset présentant une musculature très développée. Le gène a été localisé sur le chromosome 18 en 1998 et complètement séquencé en 2002 (Thomas, 2006). Les moutons possédant l'allèle pour des muscles plus développés ont des muscles *Longissimus dorsi* plus gros et des muscles plus développés

Source: fuschmu.wordpress.com

dans les pattes (Abdulkhaliq *et al*, 2002). À gauche, deux agneaux sont montrés. L'agneau à gauche possède une copie du gène callipyge et celui à droite présente une musculature normale. Le test pour le gène Callipyge est disponible pour les éleveurs ovins au Canada *via* la compagnie Transbiotech.

Les développements récents dans la génomique ovine

La génomique est un domaine en expansion pour ce qui a trait à l'amélioration génétique du bétail. L'industrie ovine a profité des développements moléculaires incluant les recherches sur le gène Booroola et Callipyge. Les éleveurs et producteurs ovins ont utilisé ces marqueurs pour améliorer leurs troupeaux. La puce à SNP ovine est disponible à l'industrie depuis presque deux ans. Ces puces permettent d'obtenir plus de 50 000 polymorphismes à nucléotide simple situés dans l'ADN de chaque animal testé et pourraient mener à la découverte de nouveaux gènes associés avec des caractères importants pour les éleveurs et producteurs ovins. Le développement des puces à SNP ovines a été rendu possible grâce à des collaborations entre les scientifiques travaillant sur les ovins à travers le monde *via* le Consortium international de la génomique ovine (International Sheep Genomics Consortium).

Le Consortium international de la génomique ovine a été fondé en 2002 (ISGC, 2010). Cette organisation a réalisé d'énormes progrès dans le domaine de la génomique ovine, dont le séquençage du génome ovin, le développement des puces à SNP (50K et plus récemment 5K) ainsi que des puces à ADN. La puce à SNP comportant 50 000 SNP mise à la disposition de l'industrie par Illumina est montrée ci-dessous.

Source: www.illumina.com

Conclusion

Cette revue représente une brève vue d'ensemble des études réalisées sur le gène Booroola dans plusieurs races ovines. La mutation Booroola ou FecB a été introduite dans nombreuses populations à cause de son association avec la prolificité accrue. Il existe cependant des études qui ont rapporté des associations négatives entre la mutation Booroola et le poids des agneaux à la naissance, le taux d'ovulation et la survie des agneaux jusqu'au poids de marché. On a également signalé qu'il peut exister une «pénalité homozygote» ou un désavantage pour les animaux qui héritent de deux allèles B.

Des compagnies canadiennes telles que Transbiotech et les Laboratoires IDEXX offrent des tests commerciaux pour plusieurs gènes tels que le gène Booroola, Callipyge et les tests de sensibilité à la tremblante. Les développements et progrès récents dans le domaine de la génomique ovine ont mené à la création d'une puce à SNP ovine disponible pour l'industrie. Ceci permettra la découverte de plus de gènes utiles qui seront liés avec des caractères importants dans les prochaines années. Ces découvertes seront bénéfiques pour l'industrie ovine dans son ensemble.

Liste des ouvrages cités

Abdulkhaliq, A. M., H. H. Meyer, J. M. Thompson, Z. A. Holmes, N. E. Forsberg, and S. L. Davis. 2002. Callipyge gene effects on lamb growth, carcass traits, muscle weights and meat characteristics. Small Ruminant Research 45, 89-93.

Davis, G. H. 2005. Major genes affecting ovulation rate in sheep. Genet. Sel Evol. 37 Suppl 1:S11-S23.

Davis, G.H. 2009. The Booroola gene: origin, distribution, use and management of the FecB mutation. Page 22-31. In: Use of the FecB (Booroola) gene in sheep-breeding programs. Proceedings of the Helen Newton Turner Memorial International Workshop 10-12 November 2008, Pune, Maharashtra, India.

Dodds, K. G., J. C. McEwan, and G. H. Davis. 2007. Integration of molecular and quantitative information in sheep and goat industry breeding programmes. Small Ruminant Research 70: 32-41.

Fahmy, M.H. 1983. La lignée Merino Booroola serait-elle un "race miracle"? Le bulletin des agriculteurs. Décembre 2003 : 34-36.

Fogarty, N. M. 2009. A review of the effects of the Booroola gene (FecB) on sheep production. Small Ruminant Research 85, 75-84.

Gootwine, E., A. Rozov, A. Bor, and S. Reicher. 2006. Carrying the FecB (Booroola) mutation is associated with lower birth weight and slower post-weaning growth rate for lambs, as well as a lighter mature bodyweight for ewes. Reprod. Fertil. Dev. 18:433-437.

Gootwine, E., S. Reicher, and A. Rozov. 2008. Prolificacy and lamb survival at birth in Awassi and Assaf sheep carrying the FecB (Booroola) mutation. Anim Reprod. Sci 108:402-411.

Hua, G. H. and L. G. Yang. 2009. A review of research progress of FecB gene in Chinese breeds of sheep. Anim Reprod. Sci 116:1-9.

IDEXX laboratories, 2010. [online] www.idexx.ca (Last accessed July 9, 2010).

International Sheep Genomics Consortium (ISGC), 2010. www.sheephapmap.org (Last accessed July 9, 2010).

Mishra, A. K., A. L. Arora, and S. Kumar. 2009. Increasing prolificacy and ewe efficiency in sheep through FecB gene introgression. Current Science 97[6], 925-930.

Pardeshi,V.C., J.M. Maddox, N.Y. Kadoo and V.S. Gupta. 2009. Genetic modulation of the FecB gene expression, pages 57-65. In: Use of the FecB (Booroola) gene in sheep-breeding programs. Proceedings of the Helen Newton Turner Memorial International Workshop 10-12 November 2008, Pune, Maharashtra, India.

Ruoss, C., A. Tadros, T. O'Shea, J. McFarlane, and G. Almahbobi. 2009. Ovarian follicle development in Booroola sheep exhibiting impaired bone morphogenetic protein signalling pathway. Reproduction. 138:689-696.

Southey, B. R., D. L. Thomas, R. G. Gottfredson, and R. D. Zelinsky. 2002. Ewe productivity of Booroola Merino–Rambouillet crossbred B sheep during early stages of the introgression of the Fec allele. Livestock Production Science 75, 33-44.

Thomas, D. L. 2006. Tools Available to Wisconsin Sheep Producers for Genetic Improvement of Their Flocks. 11 pages. [online] www.ansci.wisc.edu (Last accessed July 9, 2010)

Transbiotech, 2010. [online] /www.tbt.qc.ca (Last accessed July 9, 2010)

Walkden-Brown, S.W., D.H. Wolfenden and L.R. Piper. 2009. Biological and economic consequences of introgression of the FecB mutation into Merino sheep in Australia. Pages 100-110. In: Use of the FecB (Booroola) gene in sheep-breeding programs. Proceedings of the Helen Newton Turner Memorial International Workshop 10-12 November 2008, Pune, Maharashtra, India.

Annexe 2
–
Description de la population Boolys

Apparence générale :
- Mouton de taille moyenne sans corne
- Instinct très grégaire
- Docile et facile à manipuler
- Tête blanche avec tolérance de quelques taches pigmentées sur les lèvres ou le museau
- La couleur de la laine est blanche ; aucune coloration n'est tolérée dans la toison
- Poids à maturité ; bélier (85-100 kg) ; brebis (65-80 kg)

Tête :
- Relativement courte et fine
- Face exempte de laine
- taches noires acceptées sur les oreilles
- Oreilles de taille moyenne, recouvertes de poils blancs, portées horizontalement ; légères taches noires acceptées sur les oreilles
- Fausses cornes sont acceptées chez le bélier seulement
- Les yeux sont bien dégagés de laine ; laine sur le sommet de la tête

Cou :
- Relativement court
- Peau lâche et forme un repli sous le cou déjà visible chez l'agneau naissant
- Plis de peau bien visibles

Épaules :
- Épaules larges

Poitrine
- Poitrine bien développée
- Bonne capacité abdominale

Dos, reins et croupe :
- Dos plat et large
- Croupe large

Pieds et membres :
- Pattes relativement courtes, proportionnelles à la profondeur de l'animal
- Pattes recouvertes de laine jusqu'au genou

Toison :
- Le corps est recouvert de laine sauf les pattes à partir des genoux
- La laine est très dense et fine, d'une excellente qualité
- Ventre recouvert de laine
- Numéro de filage 58 à 62

Peau :
- Peau lâche qui forme des plis surtout au niveau du cou

Défauts sérieux :
- Taches de couleurs dans la laine ou sur les pattes
- Fausses cornes chez la brebis

Annexe 3
–
Calendrier de régie de la Cloche des Alpes

Agnelages				Accouplements		
			Groupe 1			
Jan 06	to	Feb 15		Apr 01	to	Jul 10
Aug 25	to	Oct 10		Oct 20	to	Feb 28
Mar 15	to	Jul 20 (or Apr 20)		Jun 01	to	Jul 10
Nov 01	to	Dec 08		Dec 10	to	Feb 28
Apr 21	to	Jul 20		Jul 10	to	Sep 25
			Group 2			
Nov 01	to	Dec 08		Dec 10	to	Feb 28
Apr 21	to	Jul 20		Jul 10	to	Sep 25
Dec 20	to	Feb 15		Apr 01	to	Jul 10
Aug 25	to	Oct 10		Oct 20	to	Feb 28
Mar 15	to	Jul 20 (or Apr 20)		Jun 01	to	Jul 10
Apr 21	to	Jul 20		Jul 10	to	Sep 25
			Groupe 3			
Aug 25	to	Oct 10		Oct 20	to	Feb 28
Mar 15	to	Jul 20 (or Apr 20)		Jun 01	to	Jul 10
Nov 01	to	Dec 08		Dec 10	to	Feb 28
Apr 21	to	Jul 20		Jul 10	to	Sep 25
Dec 20	to	Feb 15		Apr 1	to	Jul 10

Annexe 4

–

Résultats technico-économiques du troupeau de la Cloche des Alpes
(source: CECPA 2009)

CECPA

2. TEMPS DE TRAVAUX

Producteur

2.1 Heures par activité

	ACTIVITÉS					
	"Ovins" (heures)	"Cultures" (heures)	"Autres prod." (heures)	Forfait (heures)	Personnel (heures)	Total (heures)
Exploitant 1	1 672	373	50	0	4	2 100
Exploitant 2	0	0	0	0	0	0
Famille 1*	1 398	96	0	0	41	1 535
Famille 2**	6	45	0	0	3	54
Salariés	0	14	0	0	0	14
Total	**3 077**	**528**	**51**	**0**	**47**	**3 703**

* Conjoint(e) et membres de la famille rémunérés avec DAS.

** Membres de la famille non rémunérés ou rémunérés sans DAS et travailleurs bénévoles.

2.2 Heures par unité de production

	Votre entreprise	Moyenne du groupe
Nombre de brebis	486,0	497,5
Nombre d'heures " ovin et culture"	3 605	5 605
Heures activités "ovins + cultures" / brebis	7,4	11,3
Heures activités "ovins" / brebis	6,3	8,8
Heures activités ovins + cult. des exploitants / brebis	4,2	5,8
Heures activités ovins + cult. de la famille / brebis	3,2	4,5
Heures activités ovins + cult. des salariés / brebis	0,0	1,0

2.3 Taux horaire

	Nbre heures déclarées	Salaires +DAS + CSST	Taux horaire $/H
Salariés	14	110	8,00
Famille	1545		

CECPA Page 2

3. TROUPEAU

Producteur

3.1 Résultats techniques de l'année 2006

		Votre entreprise		Moyenne du groupe	
		Nb	Ratio	Nb	Ratio
Nombre de brebis[1]		486,0		497,5	
Nombre d'agnelages		639,0	1,31	528,5	1,06
Agneaux nés (nés/brebis)		1 107,0	2,28	922,1	1,85
Agneaux morts		144,0	13%	151,9	16%
Agneaux morts (atelier lourd-reproduction)		7,0	1%	11,5	1%
Agneaux réchappés (réchap./ brebis)		956,0	1,97	758,7	1,53
Agnelles et béliers de remplacement		111,0	0,23	75,3	0,15
Agneaux vendus / consommés (sans var.inv.)		767,0	1,58	644,0	1,29
Variation d'inventaire agneaux		78,0	0,16	39,5	0,08
Agneaux vendus ajustés		845,0	1,74	683,4	1,37
Lait-léger[2]	93%	726,0	1,60	283,0	1,34
Lourd[2]	7%	53,0		381,3	
Reproduction		66,0	0,14	19,1	0,04

1) moyenne des 2 comptages ASRA, inclus les agnelles saillies.

2) inclus l'ajustement pour la standardisation des inventaires.

3.2 Conciliation et standardisation des inventaires

		Agneaux	Brebis	Béliers	Total
Inventaire début		256,0	478,0	30,0	764,0
Naissance / Achat	+	1107,0	0,0	0,0	1107,0
Vente marché / réforme	-	689,0	90,0	1,0	780,0
Vente reproduction	-	66,0	0,0	26,0	92,0
Consommation[1]	-	12,0	0,0	0,0	12,0
Mortalité	-	151,0	8,0	0,0	159,0
Transfert (-)	-	111,0	----	----	111,0
Transfert (+)	+	----	75,0	36,0	111,0
Inventaire fin	=	334,0	455,0	39,0	828,0
	Valideur	0,000	0,000	0,000	0,000
Standardisation***					
Ajustements achats			23,0	0,0	23,0
Ajustements ventes		78,0	0,0	9,0	87,0
Inventaire fin standardisé		**256,0**	**478,0**	**30,0**	**764,0**

1) Incluant les ventes directes aux consommateurs.

*** La standardisation des **agneaux** consiste à annuler la variation d'inventaire en additionnant ou en soustrayant les ventes.

*** La standardisation des **brebis et béliers** consiste à annuler la variation d'inventaire en ajustant les achats ou les ventes selon la cause qui provoque cette variation.

5. CULTURES ET ALIMENTATION

Producteur

5.1 Superficies cultivées en 2006

	Votre entreprise		Moyenne du groupe	
	ha	ha / brebis	ha	ha / brebis
Ha en foin	44,8	0,09	74,9	0,15
Ha en céréales pures (incluant maïs-grain)	0,0		6,8	0,01
Ha en céréales grainées	0,0		13,3	0,03
Ha en maïs-fourrager et foin céréale	5,7	0,01	4,4	0,01
Ha en pâturage	21,0	0,04	4,3	0,01
Total	**71,5**	**0,15**	**103,8**	**0,21**
Ha en location	0,0	0%	28,3	27%
Ha possédés	71,5	100%	75,6	73%

5.2 Rendements observés en 2006

	B. ronde	B. rect.	Grosse B. carrés	Vrac	Total TM	Tm / ha
	Nb	Nb	Nb	TM	100 % MS	
Foin sec	0	12000	99		196	4,5
Ensilage foin et maïs-fourrager	130			0	31	
Paille	0	0			0	0,0
Céréales (incluant maïs-grain) 86% m.s.				0	0	0,0

5.3 Inventaires de début et de fin, achats et récoltes

	TM					
	Inventaire de début	Achats	Récoltes	Ventes	Inventaire de fin	Quantité consommée
Concentrés						
Maïs-grain	0,0	0,6	0,0	0,0	0,0	0,6
Céréales à paille	85,0	130,0	0,0	0,0	90,0	125,0
Moulée agneau	0,0	0,2			0,0	0,2
Moulée brebis	0,0	0,0			0,0	0,0
Supplément protéique	0,4	7,8			0,4	7,8
Fourrages						
Foin + Maïs fourrager	137,6	0,0	227,0	0,0	165,1	199,5
Autres aliments						
Substitut de lait	0,04	0,76			0,04	0,76
Sel et minéraux	0,13	2,00			0,13	2,00

5.4 Consommation d'aliments

	Votre entreprise		Moyenne du groupe	
	Total - tm	Kg / brebis	Total - tm	Kg / brebis
Nb de brebis	486		497,5	
Tm de concentré à 86% m.s.	134	275	119	240
Tm de fourrage à 100% m.s.	199	410	325	654

8. ÉTAT DES RÉSULTATS ACTIVITÉ "OVINS - CULTURES"

Producteur

ÉLÉMENTS	Votre entreprise Total	Votre entreprise $ / Brebis	Moyenne du groupe	Écart
		486	497,5	-11,5
Produits	$		$	
Ventes agneaux de marché	93 441	192,27	187,13	5,13
Ventes de reproducteurs	27 247	56,06	17,16	38,91
Ventes de réforme	9 557	19,66	8,10	11,57
Ventes laine	1 424	2,93	1,23	1,70
Ventes cultures	2 752	5,66	11,58	-5,92
Revenus de location, forfait et déneigement	0	0,00	3,88	-3,88
Revenus bancaires, ristournes, subventions...	2 211	4,55	5,56	-1,01
Remboursement taxes foncières	1 962	4,04	4,06	-0,02
Revenus ASRA / ASREC cultures	558	1,15	17,02	-15,87
Revenu ASRA "agneaux"	59 896	123,24	126,31	-3,07
Total des produits	**199 049**	**409,57**	**382,04**	**27,53**
Charges variables				
Achats de reproducteurs(béliers+agnelles)	4 485	9,23	11,48	-2,25
Intrants cultures	1 429	2,94	19,74	-16,80
Achats aliments	22 073	45,42	49,51	-4,09
Achats de litière (paille, bran de scie)	0	0,00	2,28	-2,28
Salaires des employés, DAS et CSST	110	0,23	10,46	-10,23
Locations mach.,équipement et forfait	3 096	6,37	20,32	-13,95
Carburants	4 510	9,28	14,18	-4,90
Entretien mach., auto et camionnette	8 831	18,17	15,17	3,00
Frais de ventes	4 804	9,88	20,90	-11,01
Méd., vét.,identifiants et éponges	8 162	16,80	9,79	7,00
Cotisation ASRA "agneaux"	19 465	40,05	41,27	-1,22
Cotisations ASRA / ASREC cultures	781	1,61	9,53	-7,92
Int. court terme, int. fourn. et frais bancaires	621	1,28	6,23	-4,95
Total charges variables	**78 368**	**161,25**	**230,87**	**-69,62**
Charges fixes				
Entretien bâtiments et fonds de terre	315	0,65	6,90	-6,25
Assurances (ferme, véhicules)	2 868	5,90	7,87	-1,96
Taxes foncières brutes	3 497	7,20	5,60	1,60
Intérêts sur emprunts à long terme	6 122	12,60	24,50	-11,90
Divers (élect., tél., fourn. bureau, autres frais)	6 637	13,66	17,93	-4,28
Total charges fixes	**19 439**	**40,00**	**62,80**	**-22,80**
Amortissements	27 688	56,97	38,33	18,64
Total des charges	**125 495**	**258,22**	**331,99**	**-73,77**
Marge avant rémunération du travail[1] et avoir net	**73 555**	**151,35**	**50,04**	**101,30**

1) Travail de l'exploitant et de la famille

9. ÉTAT DES RÉSULTATS DÉTAILLÉS "activité ovins - cultures" (suite)

Producteur

ÉLÉMENTS	Votre entreprise Total		Votre entreprise $ / Brebis		Moyenne du groupe
	$		486		497,5
Locations mach.,équipement et forfait	**3 096**		**6,37**		**20,32**
Forfait		2002		4,12	10,32
Location		1093		2,25	10,00
Carburants	**4 510**		**9,28**		**14,18**
Diesel coloré		2314		4,76	8,09
Essence + diesel blanc		2196		4,52	5,86
Huile à chauffage		0		0,00	0,23
Entretien mach., auto et camionnette	**8 831**		**18,17**		**15,17**
Frais de ventes	**4 804**		**9,88**		**20,90**
Frais de ventes		3054		6,28	17,30
Prélevé plan conjoint		1750		3,60	3,60
Méd., vét.,identifiants et éponges (génotypage)	**8 162**		**16,80**		**9,79**
Méd. / vét.		5741		11,81	4,85
Identifiants		2422		4,98	3,58
Cotisation ASRA "agneaux"	**19 465**		**40,05**		**41,27**
Cotisations ASRA / ASREC cultures	**781**		**1,61**		**9,53**
Int. court terme, int. fourn. et frais bancaires	**621**		**1,28**		**6,23**
Int. court terme + int. fournisseurs		183		0,38	4,58
Frais bancaires		438		0,90	1,65
Total charges variables	**78 368**		**161,25**		**230,87**
Charges fixes					
Entretien bâtiment et fond de terre	**315**		**0,65**		**6,90**
Entretien bâtiments		315		0,65	4,68
Entretien fonds de terre		0		0,00	2,22
Assurances (ferme, véhicules)	**2 868**		**5,90**		**7,87**
Assurances ferme		2749		5,66	6,77
Assurances véhicules		119		0,25	1,10
Taxes foncières brutes	**3 497**		**7,20**		**5,60**
Intérêts sur emprunts à long terme	**6 122**		**12,60**		**24,50**
Divers (élect., tél., fourn. bureau, autres frais)	**6 637**		**13,66**		**17,93**
Électricité		1478		3,04	5,88
Téléphone		245		0,50	0,95
Honoraires professionels		1237		2,55	4,07
Fourniture de bureau		645		1,33	0,86
Formation		0		0,00	0,26
Immatriculations et permis		174		0,36	0,76
Club et associations		270		0,56	2,75
Fournitures moutons		2588		5,32	2,12
Divers		0		0,00	0,28
Total charges fixes	**19 439**		**40,00**		**62,80**
Amortissements	**27 688**		**56,97**		**38,33**
Machineries		19827		40,80	26,25
Bâtiments		7737		15,92	11,66
Drainage		124		0,25	0,42
Total des charges	**125 495**		**258,22**		**331,99**
Marge avant rémunération du travail et avoir net	**73 555**		**151,35**		**50,04**

Annexe 5

–

Articles de vulgarisation (3)

Par Hélène Méthot, agr., M.Sc., coordonnatrice des projets de R&D
et Johanne Cameron, agr., M.Sc., coordonnatrice de la vulgarisation

De l'ADN aux gènes majeurs, en passant par les EPDs...

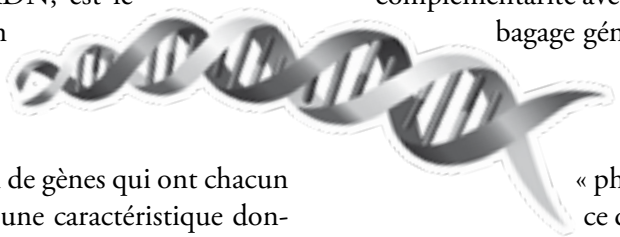
voici l'avenir de la génétique ovines

Lors de la Tournée provinciale sur la génétique et la conformation, nous vous avons cassé les oreilles sur l'importance de sélectionner des sujets bien conformés, évalués génétiquement ainsi que sur la nécessité de mettre en place, dans votre entreprise, un schéma génétique vous permettant d'améliorer votre productivité et la qualité de vos agneaux. Maintenant que ces principes sont acquises, abordons d'autres éléments de la sélection génétique afin que vous puissiez vous faire votre propre idée.

Pour les éleveurs, la sélection génétique est souvent animée par la passion! Parce pour atteindre l'objectif fixé de la lignée « parfaite » (ex : gain supérieur, prolificité, membres, capacité, caractères de race, développement musculaire, ...), cela peut prendre des années, voire même des décennies! Il s'agit ainsi d'un processus lent et fastidieux, souvent truffé d'essais et d'erreurs, de bonnes et de mauvaises décisions et de beaucoup d'observation et de suivi. Pour faire cette sélection, les éleveurs se basent sur les évaluations génétiques et sur ce qu'ils observent dans la bergerie, en termes qualitatif et quantitatif (qualité des sujets, potentiel génétique). Mais la génétique moderne nous aide désormais à accélérer la sélection de certains caractères que l'on souhaite fixer chez nos animaux... grâce aux gènes majeurs!

Le mouton... dans son plus simple attirail

Comme pour l'être humain et tous les autres organismes vivants, l'ovin a l'air de ce qu'il a l'air à cause de son bagage génétique. Ce dernier, nommé ADN, est le code source de toute l'information requise pour qu'une brebis puisse exister, ceci dans toute son individualité. La fameuse double hélice de l'ADN regroupe une succession de gènes qui ont chacun une mission bien précise quant à une caractéristique donnée, comme la couleur de la laine, la longueur des oreilles, la capacité de croissance, la couleur de la tête, etc. Et tous ces gènes sont présents en deux copies, l'une provenant de la mère et l'autre du père, et sont disposés face à face au sein de l'hélice, d'où le dédoublement de cette dernière. Toute cette information est présente dans chacune des cellules du corps et dirige le développement et la spécialisation de celles-ci pour en faire, par exemple, une cellule du foie, de poumon, ou de peau. Lorsque ces instructions ne sont pas suivies, on observe alors un développement chaotique des cellules qui forment une tumeur.



Ainsi, tout ce qui constitue un mouton est programmé et décidé au moment de la rencontre de l'ovule (une moitié de l'hélice provenant de la mère) et du spermatozoïde (l'autre moitié de l'hélice provenant du père). En choisissant une brebis et un bélier de qualité, les chances que de bons gènes soient transmis au rejeton sont supérieures. Voilà la sélection génétique.

De l'ADN aux performances en bergerie

Les principes de la sélection génétique reposent sur le fait que tout ce qui est **observable** chez un animal est lié, en complémentarité avec l'effet de l'environnement, à son bagage génétique. En termes génétiques, on dit ainsi que les caractéristiques mesurables, quantifiables et observables chez les animaux sont « phénotypiques ». Voilà la provenance de la fameuse équation **P = G + E**, où on indique, comme ci-haut que le phénotype (P), donc l'observable, est égal à l'effet combiné de la génétique (G) et de l'environnement (E).

$$P = G + E$$

Certains gènes sont dits dominants puisqu'ils auront toujours gain de cause sur leur homologue de la paire dans la double hélice et le caractère exprimé sera celui de la copie dominante (ex : une une vache holstein se voit noire sur blanche même si elle a une copie du gène rouge combiné à une copie du gène noir). D'autres sont dits récessifs puisqu'ils n'auront pas d'effet visible si en paire avec un dominant, bien qu'ils soient bel et bien présents au sein de la paire de gène. Ainsi, pour que le caractère lié à un gène récessif s'exprime, la paire de gènes doit être constituée de deux exemplaires du gène récessif (ex: une vahce holtein rouge et blanche a deux copies du gène rouge).

Et le reste du temps, une paire de gènes « quelconques » se traduira par l'expression du caractère conformément à un mélange aléatoire programmé par chacune des copies du gène. Dans tous ces cas, la stratégie de sélection génétique repose sur l'identification des individus qui présentent un phénotype, donc un caractère ou une performance observables, supérieurs à la moyenne de la population.

Mais voilà… pour compliquer la chose, certains gènes ne se comportent pas comme le reste de leurs semblables. Ils peuvent avoir par exemple un effet additif, où la présence d'une copie de ce gène au sein de la paire donne non pas une moyenne des performances codées, mais bien l'addition de ce potentiel. C'est entre autres le cas du gène majeur *Booroola* dont la présence augmente la prolificité des femelles porteuses. Ainsi, la présence d'une seule copie du *Booroola*, en combinaison avec un gène « régulier » pour ce caractère, augmente d'un cran la prolificité des femelles et l'ajout de la seconde copie, pour compléter la paire, hausse d'un autre cran la taille de portée.

D'autres gènes présentent également des particularités quant à leur mode d'expression, pensons entre autres au *Callipyge* qui influence la masse musculaire, mais il serait fastidieux d'en faire ici la description exhaustive.

Des gènes dits « majeurs »

L'ADN du mouton a récemment été complètement cartographié et quelques gènes ont déjà été identifiés. Pour ces gènes connus et qui ont une incidence notable, on parle de gènes majeurs. D'un point de vue très simple, on peut définir un gène majeur comme étant un gène dont l'expression aura un effet important sur le phénotype, donc un effet généralement observable ou quantifiable. Une fois que ces gènes sont identifiés et connus, les scientifiques sont en mesure de produire des « marqueurs » permettant de les repérer chez un animal, et ce, par une simple analyse de tissus contenant de l'ADN (du sang par exemple). C'est entre autres le cas du gène de résistance à la tremblante pour lequel on connaît désormais des profils à privilégier et d'autres à éliminer. Ainsi, par un test de génotypage en laboratoire, le profil des deux copies du gène peut être identifié, ceci constituant une information additionnelle pour le choix des animaux de remplacement. Et puisque le gène de résistance à la tremblante ne comporte pas de dominance, en connaissant le génotype d'un bélier, on a une bonne idée de la résistance que présentera sa progéniture à la maladie, ce qui est d'autant plus précis si le génotype des mères est également connu.

Les gènes *Booroola*, *Thoka* et *Inverdale*, tous liés à la prolificité des brebis, sont également considérés comme étant des gènes majeurs. Concernant la production de viande, pensons aux gènes *Carwell* (locus) et *Callipyge* alors que ce dernier hausse la taille de certains muscles, mais, selon certaines études, augmente aussi la dureté de la viande. Les travaux en génomique, soit l'étude du bagage génétique, sont en plein essor et de nouvelles connaissances devraient faire surface dans un futur plus ou moins rapproché. La recherche, partout dans le monde, se penche actuellement sur d'autres gènes pouvant proférer une résistance naturelle à différentes maladies, comme le *Maedi Visna*, le piétin ou la mammite. On tente également d'identifier différents gènes majeurs, comme le gène relié au désaisonnement des animaux, des gènes liés à la composition des protéines du lait ou à la résistance aux parasites, … Une fois ces gènes connus, des marqueurs peuvent être développés pour simplifier leur repérage dans un cadre d'utilisation commerciale par les producteurs agricoles. Ces derniers pourront alors vérifier si un animal donné est porteur du gène souhaité ou non par une simple analyse de laboratoire. La décision de garder le sujet devient donc simple, ce qui a pour effet d'accélérer de façon très notable le progrès génétique pour ce même caractère. Évidemment, nous n'en sommes pas tout-à-fait rendus là… Mais il s'agit de l'une des avenues que nous offrira de plus en plus la génétique moderne, laquelle se penche un peu plus sur la connaissance des « unités de base », soit l'ADN et l'ARN… L'ère de la génétique moléculaire est désormais aux portes de la production ovine!

Et la bonne vieille génétique quantitative…

La génétique quantitative est en fait l'étude des caractères qui se quantifient, qui se mesurent. Les exemples les plus évidents, en production ovine, sont entre autres le poids, la taille de portée, la production laitière, etc. Ce sont généralement des paramètres qui sont contrôlés par plusieurs gènes et dont l'expression sera également façonnée par l'environnement. Au sein d'une population, toutes les combinaisons possibles de ces groupes de gènes seront présentes, se traduisant ainsi par une grande variabilité des individus la composant. Les programmes d'évaluation génétique,

comme GenOvis, visent une sélection basée sur les caractères quantitatifs en identifiant les individus présentant les meilleures performances attribuables à leurs gènes (donc en extirpant l'effet de l'environnement pour isoler celui de leur ADN).

Avec cette approche, on obtient un progrès génétique plus ou moins rapide selon l'héritabilité du caractère sélectionné ainsi que la pression de sélection exercée. L'héritabilité correspond en fait à la proportion du caractère qui est attribuable à la génétique et, du même coup, la quantité d'information génétique qui sera transmise à la progéniture. De façon générale, les caractères de reproduction sont faiblement héritables, ce qui se traduit par un progrès génétique lent, alors que les caractères de croissance et de qualité de carcasse sont plus héritables et qu'en ce sens, on constate plus rapidement le résultat de notre sélection. Pour sa part, la pression de sélection correspond en quelques sortes à la sévérité de la sélection des individus pour un caractère. Ainsi, si on ne conserve que les 10 meilleurs individus d'un groupe de 100 pour un paramètre donné, par exemple le poids à 100 jours d'âge, on exerce une pression de sélection supérieure à la situation où l'on en garderait 50, elle-même supérieure à un groupe de 75 animaux conservés. Puisque ces 10 sujets correspondent aux 10% supérieurs du groupe, on se trouve à transmettre seulement cette génétique supérieure à la génération suivante, qui sera donc constituée d'un bagage génétique de meilleure qualité pour ce critère. En conservant 50 animaux, donc les 50% supérieurs du groupe, on s'assure de ne conserver que les animaux qui sont meilleurs que la moyenne du groupe (moyenne = 50%). Ceci se traduit donc par l'amélioration du profil génétique de la progéniture face aux parents. Lorsqu'on conserve les 75 animaux, donc les 75% supérieurs du groupe, on se retrouve avec 25 animaux qui performent moins bien que la moyenne du groupe. La pression de sélection est alors nettement amputée puisque ces animaux moins performants transmettront leur génétique inférieure à la génération suivante.

L'équilibre dans la sélection

Bien que la sélection pour les gènes majeurs soit extrêmement intéressante, différentes études ont montré qu'une gestion équilibrée de la génétique doit se composer d'une sélection combinée du phénotype (génétique quantitative) et des gènes majeurs connus lorsqu'ils sont présents dans la population. Il semble qu'il s'agisse de la stratégie la plus efficace à long terme alors qu'une stratégie simplement basée sur les gènes majeurs, bien que plus rapide lors des premières générations, est rattrapée et dépassée par l'approche combinée. Ceci est explicable par le fait qu'il est préférable de miser sur l'amélioration globale du bagage génétique d'une population et non pas simplement par la fixation d'un gène désirable ou deux.

Il faut également être très prudent dans la sélection ciblée d'un gène en particulier, ne sachant pas nécessairement si, du même coup, on réduit la qualité génétique globale sans le savoir. Advenant cette situation adverse, le nombre de générations requis pour atteindre le niveau de performances initial pourrait être élevé et en ce sens, le gain génétique réalisé initialement aurait un prix très élevé. Imaginons sélectionner une race durant des générations, uniquement pour un caractère spécifique lié à un gène majeur (ex : la résistance à une quelconque maladie) et ensuite observer, quelques années plus tard, que cette sélection a entraîné une réduction marquée de la croissance… Il n'y aurait donc rien de logique dans cette façon de faire! Et voilà pourquoi la sélection génétique demeurera complexe mais surtout, se doit de demeurer aussi « complète »!

Le Québec... dans le coup

La recherche en génomique est en ébullition au sein de la communauté scientifique mondiale et ce, pour toutes les espèces animales. Le Québec ne fait pas exception alors qu'un projet de recherche est actuellement en cours concernant le gène *Booroola* présent dans le cheptel local. Cette démarche est en accord avec les observations du généticien Jacques Chesnais qui suggérait d'entamer une réflexion quant à l'intégration des gènes majeurs au schéma génétique ovin québécois. Ce projet découle d'une collaboration entre la Fédération des producteurs d'agneaux et moutons du Québec (FPAMQ), le Centre d'Expertise en production ovine du Québec (CEPOQ), un groupe d'éleveurs de sujets croisés Booroola, le Centre canadien pour l'amélioration des porcs (CCAP), et grâce à la participation financière du Conseil pour le développement de l'agriculture du Québec (CDAQ). Les résultats seront disponibles en décembre 2010.

Pour conclure, les mystères de la génétique sont encore loin d'être tous élucidés! Il faut donc s'armer de patience et poursuivre le travail déjà entamé. Et dans quelques années, nous aurons encore plus d'outils pour y voir un peu plus clair!

Le gène majeur Booroola sous la loupe

RECHERCHE

Hélène Méthot, agr., M.Sc., Coordonnatrice des projets de R&D au CEPOQ
Laurence Maignel, M.Sc., Généticienne au Centre canadien pour l'amélioration des porcs
Marie-Ève Tremblay, Directrice générale de la FPAMQ

*Les productions animales sont rendues à l'ère de la **génomique**, soit l'étude du bagage génétique, pour des fins de sélection d'animaux reproducteurs. Dans cette optique, il est utile de regarder quels sont les gènes connus et disponibles dans la population ovine québécoise… Déjà, la présence du gène Booroola, qui est associé à une prolificité élevée, est repérée. Afin de mieux connaître sa diffusion et ses effets, un projet de recherche a été développé et est actuellement en cours. Son titre : Analyse des possibilités d'intégration du gène majeur Booroola au schéma génétique ovin québécois et son utilisation dans un système de production de 5 agnelages sur 3 ans.*

Pour mieux connaître le gène Booroola…

La mutation du gène BMPR-1B, communément appelé gène Booroola, a un effet additif sur le taux d'ovulation. L'effet sur la taille de portée serait quant à lui, partiellement dominant ou multiplicatif selon les populations étudiées. Pour plus d'information sur cet aspect et la génomique, référez-vous au texte « *De l'ADN aux gènes majeurs, en passant par les EPD…* » paru en page 37 de l'édition Été 2009 de l'*Ovin Québec*.

Le gène Booroola est présent à l'état naturel chez certaines populations (notamment en Inde), mais il a également été introduit chez différentes races ovines non porteuses à l'origine, en général par des programmes d'introgression basés sur des croisements en retour successifs. Les effets de ce gène ont fait l'objet de nombreuses publications au cours des 20 dernières années, en particulier suite à son introgression à partir d'une population Mérinos Booroola australienne, qui détient elle-même le gène suite à des croisements avec la race Garole originaire d'Inde à la fin du 18ième siècle. Cette population Mérinos Booroola australienne a été exportée sous la forme de semence, embryons et animaux vivants vers de nombreux pays (France, Canada, Israël, Afrique du Sud, Uruguay, États-Unis, Allemagne, Hongrie, Pologne, Tchécoslovaquie, Espagne) au cours des années 1980, puis diffusée dans d'autres pays. La mutation causale du gène BMPR-1B a été identifiée presque simultanément en Nouvelle-Zélande (Wilson et al., 2001), en France (Mulsant et al., 2001) et en Grande-Bretagne (Souza et al., 2001), ce qui a permis de développer des tests ADN utilisables en routine et permettant de mieux contrôler la diffusion du gène Booroola dans les populations sélectionnées, et d'étudier précisément ses effets. Le gène Booroola est actuellement répertorié chez 48 races ovines présentes dans 19 pays différents. En novembre 2008, une conférence sur l'utilisation du gène Booroola en amélioration génétique ovine s'est tenue en Inde et a réuni les plus grands spécialistes internationaux en la matière (ACIAR, 2009). L'état des connaissances sur le gène Booroola y a été largement exposé pour expliquer les effets physiologiques du gène, jusqu'à des études de terrain et des bilans économiques des programmes d'introgression dans différents pays.

La mutation du gène BMPR-1B, communément appelé gène Booroola, a un effet additif sur le taux d'ovulation.

L'augmentation de la prolificité chez les brebis porteuses du gène Booroola est expliquée par une hausse du taux d'ovulation qui serait associée à une moindre dégénérescence des plus gros follicules, sous l'effet de modulations complexes du système hormonal de la brebis. Une synthèse des travaux de recherche réalisés sur le gène (Davis, 2008) rapporte des effets très variables d'une race à l'autre, avec une taille de portée moyenne des brebis porteuses de deux copies du gène B variant de 1,98 à 2,84 agneaux d'après les résultats publiés à ce jour.

Chez des brebis Mérinos Booroola X Rambouillet produites aux États-Unis, le taux d'ovulation a plutôt été haussé de 1,6 ovules par brebis pour se traduire par une augmentation de prolificité de 0,65 agneau né par brebis agnelée chez les femelles porteuses vs les non porteuses (Southey et al., 2002). Plusieurs autres exemples ont aussi été publiés dans différents pays, avec différentes races.

L'introduction du gène Booroola en élevage commercial a été réalisées en France (Teyssier et al., 2003). Ainsi, un troupeau de brebis Mérinos d'Arles a été soumis à des croisements d'absorption en utilisant des mâles porteurs du gène. Il a été observé que

le taux d'ovulation des femelles 15/16 Mérinos d'Arles et 1/16 Booroola Merinos porteuses de l'allèle B démontraient une supériorité de 1,1 ovules pour les brebis B+ vs les ++. De plus, la fertilité des agnelles saillies à un an était supérieure chez les B+ pour atteindre 88 % contre 76 % chez les non porteuses ++. Globalement, la présence d'un allèle B chez les brebis a permis une augmentation de la productivité au sevrage, en termes d'agneaux, de 67 % comparativement aux brebis non porteuses ++.

Au Canada, le gène Booroola a été introduit dans une population d'animaux de race DLS en 1985 (Fahmy et al., 1997), ce qui a conduit à la création de la lignée Boolys. Avec l'augmentation de la proportion des femelles B+ ou BB, le nombre d'agneaux nés et sevrés, de même que le nombre de kg d'agneau sevré par brebis par année, ont été haussés progressivement. À la fin de l'étude, le troupeau était constitué de 36 % de B+ et de 11,5 % de BB. Ainsi, entre 1990 et 1996, le nombre de kg d'agneau sevré par femelle a augmenté de 80 % (63,7 kg par brebis par année), le nombre d'agneaux nés de 35 % (1,87 agneau né/agnelage) et le nombre d'agneaux sevrés de 45 %(1,51 agneau sevré/agnelage). Le rythme d'agnelage était de 1,5 agnelage par brebis par année en saillie naturelle sur pâturage. Ces sujets étaient utilisés en contexte commercial. Toutefois, le portrait actuel de cette population, en termes de génotype (++, B+ et BB) et de performances, demande à être précisé, d'où l'intérêt de réaliser un projet de recherche sur le sujet.

Les objectifs du projet

Objectif général. Proposer une stratégie d'intégration des gènes majeurs et des animaux porteurs au schéma génétique ovin québécois afin d'optimiser la productivité en élevage commercial.

Objectifs spécifiques.

→ Analyser la productivité à vie des brebis ++ (homozygotes non porteurs du gène Booroola), B+ (hétérozygotes pour le gène Booroola) et BB (homozygotes porteurs du gène Booroola) dans le cadre d'un système d'agnelage accéléré de 5 agnelages sur 3 ans;

→ Étudier l'héritabilité de l'intervalle agnelage et de la prolificité de brebis croisées Booroola accouplant hors saison sans photopériode ou hormones sur pâturage;

→ Entamer la réflexion sur les possibilités d'introduire les gènes majeurs, et plus spécifiquement le gène Booroola, au sein des populations ovines non porteuses, tant en race pure qu'en élevage commercial.

Ce qui sera fait pour y arriver

Étape 1. Par le génotypage de tous les sujets potentiellement porteurs du gène B et soumis au système de production étudié, la productivité à vie des brebis ++, B+ et BB sera analysée. De plus, l'héritabilité de l'intervalle entre agnelages sera étudiée. Cette étape devrait donc fournir une analyse descriptive des différents génotypes Booroola en présence dans la population Boolys, de même qu'une analyse comparative des performances des trois génotypes Booroola en agnelages accélérés.

Étape 2. L'équipe de généticiens associée au projet (CCAP) émettra des recommandations quant à l'intégration des gènes majeurs et des sujets porteurs au schéma génétique, ainsi que dans le cadre du programme d'évaluation génétique GenOvis, en s'appuyant sur l'exemple du gène Booroola. Une revue de littérature sur les dernières avancées en génétique moléculaire ovine, incluant les marqueurs disponibles et leur utilisation en sélection, le statut du séquençage du génome et de la sélection génomique, de même qu'une synthèse des résultats obtenus concernant le gène Booroola et son potentiel d'utilisation seront également fournis par les spécialistes.

Les partenaires

Ce projet est une initiative de la Fédération des producteurs d'agneaux et moutons du Québec (FPAMQ) et du Club Boolys, avec la collaboration du Centre d'expertise en production ovine du Québec (CEPOQ) et du Centre canadien pour l'amélioration des porcs (CCAP). Sa réalisation est rendue possible grâce au soutien financier du ministère de l'Agriculture, des Pêcheries et de l'Alimentation du Québec (MAPAQ) par le biais de son Programme d'appui financier aux regroupements et aux associations de producteurs désignés - Volet C « Appui à la réalisation de projets novateurs et structurants ».

Pour conclure...

Les résultats du projet devraient être disponibles au cours du printemps 2010 et vous seront présentés dans un prochain numéro de l'*Ovin Québec*. Gardez l'œil ouvert pour être à la fine pointe des connaissances en génomique!

Photographie : Cloche des Alpes

Laurence Maignel, M.Sc., généticienne, CCAP
Léda Villeneuve, agr., M.Sc., adjointe à la recherche, CEPOQ
Robie Morel, B.Sc. coordonnateur secteur génétique, CEPOQ
Marie-Eve Tremblay, directrice générale, FPAMQ

La génétique moléculaire pour faire des pas de géant sur la productivité des brebis : le cas du gène Booroola

Avec les avancées récentes en génétique moléculaire, la sélection des animaux de ferme se fera de plus en plus sur la base des connaissances en génomique et sur l'utilisation de gènes dits « majeurs » parce qu'ils ont un effet important sur des caractères d'intérêt économique. Mais certains de ces gènes sont connus depuis déjà longtemps. C'est le cas du gène Booroola, un des gènes les plus étudiés pour son impact sur la prolificité des brebis. Ce gène a été introduit au Québec dès les années 1980, dans le cadre d'un programme d'introgression initié par Agriculture Canada. Depuis, la lignée Boolys ainsi créée a été stabilisée et sélectionnée dans un système de production de 5 agnelages sur 3 ans. Nous présentons ici les principaux résultats relatifs aux effets du gène Booroola sur les caractères de reproduction dans le contexte de la population Boolys, et les applications potentielles qui permettraient de tirer partie des effets bénéfiques de ce gène sur la productivité des troupeaux ovins.

L'histoire du gène Booroola

Dans les années 1940, les frères Sears, propriétaires d'un troupeau ovin à Booroola dans le nord de l'Australie, remarquèrent que leurs brebis avaient plus de naissances multiples que celles de leurs voisins. Ils commencèrent à sélectionner des reproducteurs issus de ces portées. Dans les années 1980, Piper et Bindon avancèrent l'hypothèse que cette prolificité accrue pourrait être la conséquence d'une mutation. Cette mutation existe à l'état naturel chez la race Garole en Inde et la race Hu en Chine, et a fort probablement été transmise à la population Mérinos australienne lors de croisements avec la race Garole à la fin du 18ème siècle.

Rappelons que la mutation Booroola (notée FecB, ou B, ou F) est due au polymorphisme d'un seul nucléotide « SNP » dans le gène BMPR1B (*Bone Morphogenetic Protein Receptor 1-B*) sur le chromosome 6. Ce changement infime dans la séquence ADN provoque un changement dans la structure de la protéine codée par ce gène. Par différents processus physiologiques complexes, la principale conséquence de la mutation est la hausse du taux d'ovulation, conduisant à une augmentation de prolificité. Une conférence internationale a récemment fait le point sur l'état des connaissances sur le gène à travers le monde (ACIA, 2009), et une synthèse des travaux de recherche réalisés sur le gène (Davis, 2008) rapporte des effets très variables d'une race à l'autre, avec une taille de portée moyenne des brebis porteuses de deux copies du gène B variant de 1,98 à 2,84 agneaux d'après les résultats publiés à ce jour. Le gène Booroola est actuellement répertorié chez 48 populations ovines présentes dans 19 pays différents. Dans la majorité des cas, il a été introduit dans des populations non porteuses du gène, à partir de populations originaires d'Asie et d'Océanie.

Pour en savoir plus sur le gène Booroola, nous vous invitons à consulter les articles intitulés «*De l'ADN aux gènes majeurs, en passant par les EPDs… voici l'avenir de la génétique ovine* » et « *Le gène majeur Booroola sous la loupe* » parus respectivement dans l'*Ovin Québec* de l'été 2009 et celui de printemps 2010.

Le gène Booroola au Québec

Au Canada, le gène Booroola a été introduit dans une population de brebis de race DLS (Dorset-Leicester-Suffolk) à partir d'un programme de croisement avec des béliers Mérinos Booroola néo-zélandais initié à la ferme expérimentale de La Pocatière en 1985. Ceci a conduit à la création de la lignée Boolys, aujourd'hui détenue par Denis Lavallée et Luzia Imhof de la Ferme La Cloche des Alpes. Un premier bilan réalisé en 1996 sur le troupeau de La Cloche des Alpes faisait état de 1,87 agneau né/agnelage, 1,51 agneau sevré/agnelage et 1,5 agnelage par brebis par année en saillie naturelle sur pâturage. Le portrait actuel de cette population a pu être réalisé, 25 ans après la création de la lignée, en termes de génotypes Booroola et de performances, grâce a un projet de recherche initié par la Fédération des producteurs d'agneaux et moutons du Québec (FPAMQ) en collaboration avec le Centre d'expertise en production ovine du Québec (CEPOQ) et le Centre canadien pour l'amélioration des porcs (CCAP) ainsi que le Club Boolys, avec le soutien financier du MAPAQ. Ce projet a permis, entre autres, d'analyser la productivité des brebis ++ (homozygotes non porteuses du gène Booroola), B+ (hétérozygotes pour le gène Booroola) et BB (homozygotes porteuses du gène Booroola) dans le cadre d'un système d'agnelage accéléré de 5 agnelages sur 3 ans.

Fréquence du gène Booroola dans la population Boolys

Dans le cadre du projet, les brebis Boolys en inventaire ont été génotypées pour le gène Booroola. Au total, 510 brebis ont été génotypées sur les 4 troupeaux participants. Parmi elles, 54 % portaient une copie du gène Booroola (B+) et 8 % portaient deux copies (BB). Le reste des brebis (38 %) ne portaient pas le gène Booroola. Concernant les béliers, ils sont génotypés systématiquement depuis que le test ADN est disponible (2002) et seuls les béliers porteurs du gène Booroola (B+ ou BB) sont gardés pour la reproduction. En résumé, dans la population étudiée, 62 % des brebis et 100 % des béliers sont porteurs du gène Booroola.

Effets du gène Booroola sur la productivité des brebis Boolys

L'analyse a porté sur un total de 510 brebis génotypées, ayant eu de 1 à 17 agnelages sur la période considérée, pour un total de 2 999 agnelages inclus dans l'étude (**tableau 1**). Parmi ces brebis, 326 avaient eu, au moment de l'analyse, au moins 4 agnelages, et ont été intégrées dans les calculs de productivité annuelle (agneaux nés et sevrés par an).

En moyenne, les brebis Boolys donnent naissance à 1,81 agneau et sèvrent 1,58 agneau par agnelage. Elles agnellent en moyenne tous les 8 mois environ, ce qui explique la bonne productivité annuelle observée (3,27 agneaux nés et 2,65 agneaux sevrés/brebis/an). Le groupe analysé est composé de brebis de différents génotypes Booroola (porteuses de 0, 1 ou 2 copies du gène). Les analyses suivantes visent à déterminer si ces performances varient en fonction du génotype Booroola des brebis.

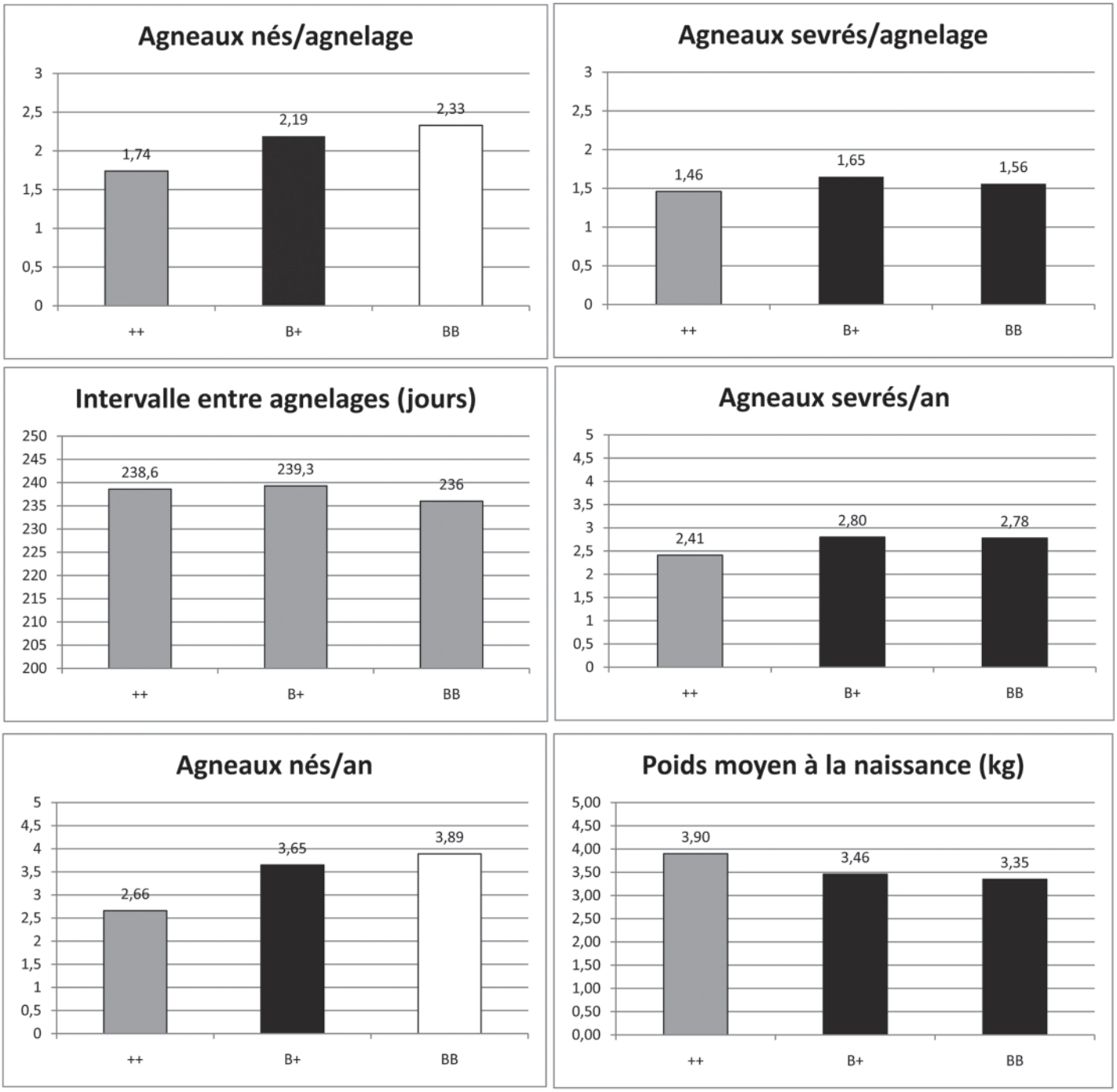
La **figure 1** présente donc les performances moyennes par génotype pour les brebis génotypées. Les moyennes sont ajustées pour tous les autres effets du modèle, à savoir le rang de portée, l'âge de la brebis intra-rang de portée, la combinaison troupeau-année-saison. Dans cet

Tableau 1. Données de reproduction moyennes pour la population Boolys

	Nombre d'observations	Moyenne	Écart type	Minimum	Maximum
Agneaux nés/agnelage	2999	1,81	0,77	1	5
Intervalle entre agnelages (jours)	2352	239	44	175	399
Agneaux nés/an*	326	3,27	0,84	1,85	6,62
Agneaux sevrés/agnelage	2985	1,58	0,80	0	5
Agneaux sevrés/an*	326	2,65	0,70	0,71	5,37
Poids moyen à la naissance (kg)	1792	3,85	0,74	1,0	7,0

* calculé pour les brebis ayant au moins 4 agnelages

Figure 1. Effet du génotype de la brebis sur les performances de reproduction (les différences significatives (p<0,05) sont représentées par des barres de couleurs différentes)



échantillon, les brebis porteuses d'une copie de l'allèle B ont un avantage de 0,45 agneau né par agnelage par rapport aux brebis non porteuses (2,19 vs. 1,74), et les brebis porteuses de deux copies ont un avantage de 0,59 agneau par agnelage (2,33 vs. 1,74). Les trois génotypes sont significativement différents pour ce caractère. L'avantage des brebis B+ et BB sur la taille de portée se traduit aussi au niveau du nombre d'agneaux nés par an (+0,99 et +1,23 agneau né /an par rapport aux brebis non porteuses, respectivement). Au niveau du nombre d'agneaux sevrés par agnelage et par an, les brebis porteuses de l'allèle B présentent un avantage de +0,19 agneau sevré/agnelage et +0,39 agneau sevré par an. On n'observe pas de différence significative entre les brebis B+ et BB sur ces deux caractères. L'intervalle entre agnelages est le seul caractère analysé pour lequel on ne trouve aucune différence significative entre les trois génotypes. Les brebis B+ et BB produisent des agneaux significativement plus légers à la naissance que les brebis ++ (3,46 et 3,35 kg vs. 3,90 kg), ce qui est cohérent avec la hausse de la taille de portée, puisque taille de portée et poids a la naissance sont étroitement liés.

Ces résultats, obtenus à partir d'un échantillon de brebis relativement grand et d'un grand nombre d'agnelages, montrent clairement l'avantage que confère l'allèle B au niveau de la prolificité dans la population Boolys. Les valeurs obtenues sont cohérentes avec les résultats de nombreuses études publiées au cours des dernières années et démontrent, comme certaines autres études, que la présence de deux allèles B n'est pas forcement souhaitable puisque même si elle se traduit par une prolificité accrue à la naissance, elle s'accompagne également d'une mortalité des jeunes plus élevée.

En résumé, l'aptitude naturelle au désaisonnement et à l'accouplement au pâturage de la population Boolys, liée à sa composition raciale, lui confère déjà un avantage indéniable au niveau de la productivité, et ceci quel que soit le statut Booroola. La présence du gène Booroola apporte un avantage supplémentaire sur la prolificité qui en fait une lignée maternelle particulièrement performante. En conséquence, l'utilisation de la lignée Boolys pour introduire le gène Booroola dans un troupeau s'accompagnera également de progrès potentiels sur le rythme d'agnelage.

Possibilités d'utilisation du gène Booroola dans l'industrie ovine québécoise

A partir de la lignée Boolys porteuse du gène Booroola avec une fréquence élevée, plusieurs scénarios sont envisageables pour transmettre les avantages décrits précédemment aux producteurs commerciaux. En premier lieu, l'utilisation de brebis 100 % Boolys dans un contexte commercial a déjà fait ses preuves et les statistiques présentées dans cette étude en font foi. Une seconde option est l'utilisation de béliers Boolys en croisement sur d'autres races pour produire des brebis commerciales. Le **tableau 2** présente différents scénarios possibles. Le choix du scénario le plus adapté devra se faire en fonction de la prolificité de départ dans la population/race choisie, mais aussi de la prolificité visée et du type de régie pratiquée.

Les moyennes de prolificité utilisées dans les simulations pour la population d'origine sont issues des données du Centre d'études sur les coûts de production en agriculture (CECPA) pour l'année 2009.

Le **tableau 3** présente les résultats théoriques de l'application des scénarios A, B, C, D, en tenant compte des effets du gène Booroola et de la transmission de l'aptitude au désaisonnement. Ces simulations sont basées sur plusieurs hypothèses fortes, par exemple que l'effet du gène Booroola sur la taille de portée dans la population receveuse est le même que dans la lignée Boolys (+0,45 agneau par agnelage pour une copie du gène, +0,59 pour deux copies) et que le niveau de régie soit équivalent à celui du troupeau étudié, pour permettre l'expression du potentiel génétique pour la prolificité. Aucun effet d'hétérosis n'a été considéré dans ces calculs, ce qui fait que les résultats des simulations sous-estiment probablement la réalité.

D'après les résultats du tableau 3, l'utilisation de béliers Boolys pour une ou deux étapes de croisement, conduirait rapidement à une hausse de la productivité (en seulement une ou deux générations selon le scénario) variant, avec les hypothèses choisies, de +13 à +30 % sur le nombre d'agneaux nés par agnelage. On note que les scénarios A et C donnent des résultats proches en termes d'amélioration de la prolificité (+26 et +30 %), mais que ces deux scenarios font intervenir des brebis toutes hétérozygotes dans le cas A, et moitié B+, moitié BB dans le cas C, ce qui a des implications au niveau de la gestion de l'hyperprolificité.

Il est important de noter qu'en plus des progrès sur la taille de portée conférés par le gène Booroola, l'utilisation de la lignée Boolys peut également permettre de bénéficier des avantages de cette population sur l'aptitude au désaisonnement. Ainsi, selon la proportion de sang Boolys chez les brebis croisées (50 % ou 75 % selon les scénarios), on peut espérer, en adoptant un calendrier de régie spécifique, réduire l'intervalle entre agnelages de l'ordre 15 à 23 % et ainsi améliorer la prolificité annuelle des brebis de 34 à 68 % selon les scenarios. Rappelons que d'après nos résultats, le gène Booroola ne joue aucun rôle dans l'aptitude au désaisonnement.

Tableau 2. Quelques scénarios possibles d'utilisation de la lignée Boolys en croisement

Scénarios	Description
Scénario A	Brebis ½ Boolys issues de béliers Boolys BB
Scénario B	Brebis ½ Boolys issues de béliers Boolys B+
Scénario C	Brebis ¾ Boolys issues de 2 étapes de croisement avec des béliers Boolys BB
Scénario D	Brebis ¾ Boolys issues de 2 étapes de croisement avec des béliers Boolys B+

Tableau 3. Progrès théoriques sur la prolificité des brebis provenant de la présence du gène Booroola dans le cas de l'application des scénarios A, B, C, D

	Scénario A	Scénario B	Scénario C	Scénario D
Hypothèse de départ				
Prolificité dans la population d'origine (agneaux/agnelage)	1,74	1,74	1,74	1,74
Résultats théoriques				
Proportion de brebis croisées porteuses du gène Booroola	100 %	50 %	100 %	62,5 %
Détail des génotypes des brebis croisées				
++	0 %	50 %	0 %	37,5 %
B+	100 %	50 %	50 %	50 %
BB	0 %	0 %	50 %	12,5 %
Prolificité moyenne des brebis croisées (agneaux/agnelage)	2,19	1,97	2,26	2,02
Progrès relatif sur la prolificité dû à la présence du gène Booroola	+26 %	+13 %	+30 %	+16 %

Conclusions

Le gène Booroola est connu depuis de nombreuses années grâce à son effet important qui a permis de le localiser rapidement et de l'utiliser dans diverses populations à travers le monde depuis plusieurs décennies. Il est un exemple frappant de ce que la génétique moléculaire peut apporter en termes d'améliorations rapides de la productivité, et de la facilité avec laquelle le contrôle de la fréquence du gène peut permettre de réguler la prolificité à un niveau optimal, pour l'adapter au contexte spécifique d'une population naturellement dessaisonnée conduite pour permettre 5 agnelages sur 3 ans.

Les résultats obtenus dans le cadre de ce projet et partiellement présentés dans cet article confirment l'importance de l'effet du gène Booroola sur la taille de portée, mais on sait aussi que ces effets varient d'une population à l'autre, notamment selon le taux d'ovulation moyen dans la population considérée. Il est donc important de valider les calculs théoriques par des tests de croisements, si possible avec différentes races couramment utilisées, pour connaître l'expression du gène chez d'autres races.

Avec le séquençage récent du génome ovin, il est évident que d'autres gènes majeurs seront identifiés dans les années à venir, et permettront de réaliser des progrès importants, surtout sur les caractères peu héritables et/ou difficiles à mesurer, tels que la reproduction et la résistance aux maladies. Il est capital pour l'industrie ovine de rester à l'affût des progrès dans ce domaine et d'évaluer leur impact sur la rentabilité de la production. Ces avancées fourniront des outils aux éleveurs qui permettront de réaliser des avancées rapides sur certains caractères, mais devront toujours être utilisés en complément de la sélection classique basée sur la génétique quantitative (via les EPDs) et la conformation.

En terminant, veuillez noter que le rapport final complet du projet sera disponible sur le site Internet du CEPOQ dans les semaines à venir. De plus, une fiche technique couleur de 4 pages est disponible gratuitement auprès de votre conseiller(ère) OVIPRO, de même qu'en version électronique sur les sites Internet du CEPOQ et de la FPAMQ.

Remerciements

Ce projet est une initiative de la Fédération des producteurs d'agneaux et moutons du Québec (FPAMQ) et du Club Boolys, avec la collaboration du Centre d'expertise en production ovine du Québec (CEPOQ) et du Centre canadien pour l'amélioration des porcs (CCAP). Sa réalisation est rendue possible grâce au soutien financier du ministère de l'Agriculture, des Pêcheries et de l'Alimentation du Québec (MAPAQ) par le biais de son Programme d'appui financier aux regroupements et aux associations de producteurs désignés - Volet C « Appui à la réalisation de projets novateurs et structurants ».