



PRINCIPAUX GÈNES D'INTÉRÊT EN PRODUCTION OVINE

Mohamed H. Fahmy, Ph.D.¹

INTRODUCTION

Certains caractères héréditaires sont dits qualitatifs. La transmission des caractères morphologiques, tels que la présence de cornes et la couleur, est assez simple puisqu'ils sont contrôlés par un seul gène ou un petit nombre de gènes. À l'opposé, la transmission des caractères quantitatifs reliés à la production, tels que la prolificité, la production laitière et la qualité de la carcasse, est contrôlée par plusieurs gènes, chacun apportant sa contribution. La transmission des caractères quantitatifs est donc complexe. Par conséquent, il n'est pas facile de prédire les performances de la progéniture à partir de celle des parents.

Les Australiens ont été les premiers, en 1980, à émettre l'idée qu'un gène unique était responsable de l'amélioration d'un caractère quantitatif. Par la suite, ils ont décrit en détail les étapes ayant conduit à la reconnaissance du gène Booroola (Fec^B) comme un gène très important pour la prolificité chez le mouton. Cependant, l'apparition du gène Booroola dans la race Merino n'est peut-être pas due à une mutation ; elle peut avoir été causée par le croisement entre la race Merino et l'ancienne race Bengal, importée en Australie au 18^e siècle. Mais la race Garole, une parente de la race Bengal, est très prolifique et la qualité de sa progéniture démontre bien la présence d'un gène pour la prolificité.

Il semble que la mutation ayant conduit au gène Booroola ne soit pas exceptionnelle. Plusieurs races très prolifiques ont été étudiées. De nombreuses observations permettent de croire en la présence d'un gène semblable, notamment chez la race Javanese (Indonésie), Olkusa (Pologne), Thoka (Islande) et Belle Isle (France). En plus des races chez qui le caractère de prolificité supérieure est apparu naturellement, un certain nombre

de races très prolifiques ont été obtenues grâce à une sélection rigoureuse axée sur ce caractère. La race Cambridge (Royaume-Uni) en est le meilleur exemple connu.

L'observation de la transmission de ces gènes sur plusieurs générations a permis de confirmer leur présence sur les chromosomes non sexuels. Toutefois, un gène mutant (Invermay) a été localisé sur le chromosome sexuel X chez la race néo-zélandaise Romney.

Des gènes associés à une amélioration importante de la qualité de la carcasse (augmentation du maigre et diminution du gras) ont été rapportés aux États-Unis (gène callipyge) et en Australie (gène Carwell).

Parmi les gènes d'intérêt pour la production ovine, deux sont disponibles actuellement au Canada : le gène Booroola pour la prolificité et le gène callipyge pour la qualité de la viande. Les paragraphes qui suivent décrivent en détail les caractéristiques des animaux porteurs de tels gènes, de même que les moyens à prendre par les éleveurs canadiens pour améliorer la productivité de leur troupeau.

LE GÈNE BOORoola (FEC^B)

Le gène Booroola est de loin le gène le plus largement distribué, le plus étudié et le plus utilisé dans l'industrie ovine à travers le monde. Les moutons Booroola ont été importés aux États-Unis en 1982 ; ils ont fait leur entrée au Canada trois ans plus tard.

Le tableau 1 résume les caractéristiques des moutons issus du croisement de la race Booroola avec des races locales dans différents pays. Il a été démontré qu'une copie du gène augmente la prolificité d'environ 0,6 agneau, cette augmentation semblant être constante quelle que soit l'autre race impliquée dans le croisement.

¹ Centre de recherche et de développement sur le bovin laitier et le porc, Agriculture et Agroalimentaire Canada, Lennoxville.

Tableau 1. Performances des moutons issus du croisement entre la race Booroola et les races locales de différents pays (Davis *et al.*, 1990)

	Taux d'ovulation	Taille de la portée	Taux de survie des agneaux	Poids des agneaux (kg)		Agneaux sevrés par femelle saillie	
				Naissance	Sevrage	Nombre	Poids (kg)
Croisements des races locales avec Booroola	2,56	1,99	77,0	3,31	15,2	1,45	22,04
Races locales	1,57	1,38	86,8	4,16	18,1	1,12	20,27
Différence	0,99	0,61	-9,8	-0,85	-2,9	0,33	1,77

Depuis 1990, d'autres observations ont été recueillies dans différents pays ; elles sont résumées ci-dessous.

Observations

Pologne

Le Booroola Merino a été accouplé à des races polonaises. Le taux de prolificité des brebis issues de ces croisements était d'environ 1,82 agneau né, ce qui est 55 % plus élevé que celui des races polonaises (Tableau 2). Cependant, étant donné le faible taux de fertilité et le faible taux de survie jusqu'au sevrage, leur fécondité n'est pas plus élevée que 1,07 agneau sevré par brebis saillie, ce qui correspond seulement à seulement 0,11 agneau de plus que les races d'origine polonaise (Osikowski et Borys, 1996).

Israël

Les races Awassi et Assaf ont été inséminées avec la semence de béliers Booroola Merino homozygotes. Les mâles résultant de ce croisement ont été accouplés avec des brebis appartenant aux races locales (croisements de retour). La prolificité des brebis F₁, hétérozygotes pour le gène Booroola, était d'environ 0,6 agneau de plus que celle des races locales, les croisements de retour ayant une prolificité intermédiaire. Les scientifiques ont estimé que les brebis Awassi et Assaf homozygotes pour le gène Booroola produiront environ 1 agneau de plus par mise bas (Tableau 3) (Gootwine *et al.*, 1992, communication personnelle).

France

Les Booroola Merino ont été systématiquement croisés avec le Merino D=Arles pour produire une nouvelle race synthétique prolifique. Les animaux ont été regroupés selon trois génotypes possibles :

- 1) animaux chez qui il est fort probable de rencontrer le gène Booroola (animaux porteurs) ;
- 2) animaux chez qui il est peu probable de rencontrer le gène Booroola (animaux non porteurs) ;
- 3) animaux ayant autant de chances d'être porteurs du gène que de ne pas être porteurs.

Les résultats obtenus sont résumés au tableau 4. Une copie du gène a permis d'augmenter le taux d'ovulation de 1,15 et le taux de fécondité de 0,68 agneau (Bodin *et al.*, 1990)

États-Unis et Canada

Aux États-Unis et au Canada, les sujets issus de croisements avec le Booroola Merino ont été surtout comparés avec les races Finnish Landrace et Romanov. Aux États-Unis, le taux d'ovulation des brebis Finnish Landrace de la première génération a été de 0,2 à 0,4 ovule inférieur à celui des Booroola Merino de première génération. Cependant, les brebis Booroola de première génération ont obtenu environ 0,15 agneau né de plus que les Finnish Landrace de première génération (Tableau 5). Le taux de mortalité des agneaux issus du croisement avec la race Booroola étant plus élevé, un plus grand nombre d'agneaux issus du croisement Finnish Landrace ont été sevrés.

Au Canada, les béliers Booroola Merino ont été accouplés à des brebis Finnish Landrace et Suffolk pour évaluer les effets du gène Booroola sur des moutons prolifiques et des moutons non prolifiques. Les agnelles Booroola Merino de première génération ont sevré moins d'agneaux que les Finnish Landrace de première génération même si elles ont donné naissance à plus d'agneaux (Castonguay *et al.*, 1990). La comparaison des performances reproductrices des premières générations et des croisements de retour Finnish Landrace et Romanov avec celles de Booroola Merino (Tableau 6) révèle que la fertilité et le poids de la portée au sevrage des femelles de 1 an étaient inférieurs chez le Booroola Merino. La prolificité des croisements Booroola Merino était comparable à celle des croisements Finnish Landrace mais inférieure à celle des croisements Romanov. D'un autre côté, le taux de mortalité périnatale et présevrage le moins élevé se retrouve chez les premières générations Booroola Merino (Fahmy, 1995).

Développement de nouvelles races porteuses du gène Booroola

Plusieurs races prolifiques ont été développées en introduisant le gène Booroola dans des races non prolifiques au départ. Il existe deux méthodes pour créer de telles races : l'une consiste à poursuivre le rétrocroisement à

Tableau 2. Performances reproductrices des sujets issus du croisement entre des races polonaises et le Booroola Merino¹ (Osikowski et Borys, 1996)

Race	Taux de fertilité	Taille de la portée	Agneaux sevrés (%)	Fécondité ²
Merino polonais	79 (-7)	1,95 (34)	81 (-9)	1,25 (13)
Merino polonais	90 (12)	1,64 (30)	87 (-6)	1,15 (28)
Wielkopolska	100 (18)	2,00 (100)	79 (-21)	1,22 (67)
Kamienieska	62 (-38)	1,80 (26)	87 (7)	0,88 (-23)
Uhruska	95 (6)	1,50 (25)	83 (2)	1,19 (32)

¹ Le pourcentage de différence par rapport aux races locales est indiqué entre parenthèses.

² Nombre d'agneaux sevrés par femelle saillie.

Tableau 3. Performance des croisements Booroola Merino (BM) avec les races Awassi and Assaf¹ (Gootwine et al., 1992)

		Nombre d'agneaux nés par femelle mettant bas			
	Groupe	1 ^{re} portée	2 ^e portée	3 ^e portée	Moyenne
Croisement de retour	BM x Awassi	1,6 (33)	1,8 (50)	2,1 (47)	2,8 (133)
	3 BM- : Awassi	0,4 (17)	1,5 (25)	0,9 (14)	1,7 (125)
	Awassi	1,2	1,2	1,4	1,2
Croisement de retour	BM x Assaf	1,9 (27)	2,1 (40)	1,5 (47)	-
	3 BM- : Assaf	0,7 (13)	0,8 (27)	2,0 (18)	-
	Assaf	1,5	1,5	1,7	-

¹ Le pourcentage de différence par rapport aux races locales est indiqué entre parenthèses.

Tableau 4. Proportion de brebis avec différents taux d'ovulation et tailles de portées (Bodin et al., 1990)

Génotype ¹	1	2	3	4	> 4	Moyenne
Taux d'ovulation						
++	91,4	8,1	0,4	-	-	1,09
++ et F+	60,1	25,7	3,4	0,8	-	1,45
F+	12,9	57,6	22,9	5,7	1,0	2,24
Taille de la portée						
++	69,9	28,1	2,0	-	-	1,32
++ et F+	48,0	45,0	7,0	-	-	1,61
F+	28,7	45,2	23,3	2,6	0,3	2,00

¹ ++ : non porteur du gène Booroola

++ et F+ : probabilité égale d'être porteur ou non

F+ : porteur du gène Booroola

la race d'origine pendant que l'on sélectionne les animaux porteurs du gène mutant ; c'est ainsi qu'on a développé la race Booroola Leicester en Australie. L'autre méthode consiste à fixer la combinaison finale puis à sélectionner pour les animaux porteurs du gène ; c'est cette méthode qui a été utilisée pour développer la race Boolys au Québec.

La race Booroola Leicester (Australie)

Le développement a débuté en 1981 par des accouplements de femelles Booroola Merino homozygotes avec des mâles Border Leicester sélectionnés. Deux ans plus tard, la progéniture femelle a été accouplée avec des mâles Border Leicester pour créer la progéniture 3/4 Border Leicester. Par la suite, les nouvelles femelles ont

été sélectionnées pour leur taux d'ovulation et utilisées en rétrocroisement avec des mâles Border Leicester pour créer des animaux reproducteurs (7/8 Border Leicester) ayant l'apparence des Border Leicester de race pure. Différents béliers ont été utilisés pour chaque accouplement. En 1992, la race Booroola Leicester a été acceptée dans le livre des races en tant que race additionnelle et une société de race a été créée.

La race Boolys (Canada)

Cette nouvelle race a été développée en introduisant le gène Booroola du Merino dans la race DLS. Le croisement et le rétrocroisement ont été utilisés pour obtenir une combinaison finale 3/8 Merino - 5/8 DLS. On a ensuite vérifié la présence du gène de prolificité chez

Tableau 5. Caractéristiques reproductives du premier croisement Booroola Merino et du premier croisement Finnish Landrace aux États-Unis

Caractéristique	1/2 Finnish Landrace	1/2 Booroola Merino	Référence ¹
Âge au 1 ^{er} oestrus (jours)	194	208	3
Âge au 1 ^{er} oestrus (jours)	183	207	2
Taux d'ovulation : agnelles (%)	2,41	2,89	3
Taux d'ovulation : agnelles (%)	1,69	1,89	2
Taux de conception : agnelles (%)	87	78	3
Taux de conception : agnelles (%)	81	39	2
Taux de conception à 2 et 3 ans	92	99	1
Taille de la portée : agnelles	1,58	1,84	3
Taille de la portée : agnelles	1,53	1,53	2
Taille de la portée : tous âges	1,91	2,04	4
Taille de la portée : 2 et 3 ans	2,00	2,26	1
Agneaux sevrés/femelle	1,26	1,02	1
2 et 3 ans	1,82	1,76	1

¹ Young et Dickerson, 1991a

² Young et Dickerson, 1991b

³ Bunge *et al.*, 1993

⁴ Willingham *et al.*, 1988

Tableau 6. Performances reproductrices des croisements Booroola Merino (BM) et des croisements Finnish Landrace (F) et Romanov (R) (Fahmy, 1985)

Paramètres	1/2 Finnish Landrace 2F	3/4 Finnish Landrace 3F	1/2 Romanov 2R	3/4 Romanov 3R	1/2 Booroola Merino 2BM	3/4 Booroola Merino 3BM
Taux de fertilité (%)	84,4	73,0	91,6	95,2	62,6	61,9
Agneaux nés	1,86	1,44	1,99	1,63	1,70	1,42
Agneaux sevrés	1,64	1,40	1,80	1,50	1,58	1,25
Poids de la portée à la naissance (kg)	5,52	5,02	6,31	5,41	5,17	5,23
Poids de la portée au sevrage (kg)	24	22	26	24	20	21
Taux de mortalité (%) :						
À la naissance	5,7	2,9	4,7	4,0	3,5	4,0
1-50 jours	6,5	2,0	2,8	4,2	1,7	5,6

ces animaux. Les animaux prolifiques possédant cette mutation seront, par la suite, multipliés pour obtenir une population homozygote pour le gène Booroola.

Ainsi, la population de base DLS a été accouplée à des béliers Booroola homozygotes. Les sujets F₁, tous hétérozygotes pour le gène, ont été rétrocroisés aux béliers DLS ; de cette façon, en théorie, la moitié de la progéniture portait une copie du gène. La progéniture issue du rétrocroisement a été accouplée à des béliers F₁ hétérozygotes pour le gène afin d'obtenir la combinaison finale, laquelle a été testée pour la présence du gène. L'évaluation a révélé que 12 % de la population était homozygote et 36 % hétérozygote pour le gène Booroola. Ces résultats correspondent à ce que l'on s'attendait théoriquement et démontrent qu'il est possible de créer une population homozygote.

LE GÈNE CALLIPYGE

Origine

Le gène callipyge a été identifié dans un troupeau Dorset en Oklahoma au milieu des années 80. L'effet du gène n'est pas apparent à la naissance, mais à l'âge de deux mois, on peut facilement distinguer les agneaux porteurs du gène callipyge de ceux qui sont non porteurs. Les performances des agneaux, qu'ils montrent ou non le phénotype callipyge, dépendent de l'origine du gène (père ou mère). Seuls les agneaux ayant reçu le gène du bélier montrent le phénotype callipyge. L'agneau montre le phénotype normal lorsque le gène provient de la mère. Donc, les animaux homozygotes pour le gène ont une apparence normale et n'ont pas les membres larges et l'oeil de longue typiques des agneaux callipyge. Agriculture et Agroalimentaire Canada ainsi que des éleveurs privés ont importé plusieurs béliers porteurs de ce gène.

Performance

La présence du gène mutant améliore grandement la qualité de carcasse, particulièrement celle de la longe et du gigot, les parties de la carcasse les plus importantes. Le gène callipyge augmente de façon significative le poids du gigot et de la longe et diminue de façon significative l'adiposité globale de la carcasse. Le rendement à l'abattage des moutons qui possèdent le gène callipyge est supérieur de 3 à 4 % à celui des moutons normaux (Tableau 7). Le pourcentage plus élevé est dû au contenu plus élevé de viande maigre puisque l'adiposité décroît chez les moutons callipyges.

La surface du muscle *longissimus dorsi* (œil de longe) chez les moutons porteurs du gène mutant augmente de plus de 40 % (Tableau 8). De plus, les mesures du gras sous-cutané et intermusculaire suggèrent que le gras total décroît significativement chez les moutons callipyges. Ces derniers possèdent aussi 0,7 % moins de gras au niveau des reins que les moutons normaux.

La dissection des carcasses révèle que la masse musculaire totale augmente tandis que le gras et la masse osseuse décroissent (Tableau 9). Par conséquent, le gène callipyge peut avoir un impact économique très important, car il augmente la valeur de la carcasse, particulièrement chez les races déficientes au niveau du gigot, telles que les races prolifiques et les sujets issus de croisements.

Cependant, les carcasses des moutons possédant le gène callipyge comportent certains désavantages telles que la dureté de l'œil de longe, causée par l'augmentation du diamètre de la fibre musculaire (hypertrophie) et par la réduction du gras intermusculaire (marbrures). Plusieurs études ont été réalisées pour aider à solutionner ce problème mais, jusqu'ici, aucune méthode ne s'est avérée prometteuse.

AVANTAGES ET DÉSAVANTAGES DE L'EXPLOITATION DES GÈNES

Gène Booroola

L'avantage de l'utilisation d'un gène tel que le gène Booroola réside dans l'augmentation rapide de la prolificité de l'ordre de 0,6 agneau pour chaque copie du gène. Cependant, certaines caractéristiques indésirables peuvent aussi être transmises par les parents Merino à leurs descendants, notamment une maturité sexuelle retardée, une moins bonne fertilité, la présence de cornes et une moins bonne qualité de carcasse. Cependant, ces désavantages peuvent être contournés en incorporant le gène Booroola à partir d'une source alternative (utiliser par exemple le Booroola Leicester d'Australie, qui est seulement 1/8 Merino, ou le Boolys qui est 3/8 Merino). Par ailleurs, il est difficile d'identifier les animaux porteurs et cela coûte cher. Néanmoins, les nouvelles technologies disponibles font en sorte que les tests soient plus simples et moins coûteux. Les éleveurs doivent cependant comprendre qu'une plus grande prolificité demande que l'on améliore la régie, que l'on augmente les niveaux d'alimentation et que l'on améliore les systèmes d'élevage afin d'être en mesure d'élever un plus grand nombre d'agneaux.

Gène callipyge

L'avantage de l'utilisation de ce gène réside dans l'amélioration rapide et économique de la qualité de la carcasse. Le gène peut avoir un impact important sur les troupeaux de femelles prolifiques composés de Romanov et de sujets issus de croisements Romanov. Tel que mentionné précédemment, la gène a comme désavantage de diminuer la tendreté de l'œil de longe, mais ce désavantage est compensé par l'augmentation de la qualité de la carcasse.

Tableau 7. Rendement à l'abattage des moutons porteurs du gène callipyge (Cg) et des moutons non porteurs (N)

Référence	Génotype	Moutons porteurs Cg(%)	Moutons non porteurs N (%)	Différence ¹ (%)
Fahmy, 1999	Romanov et croisements	52,4	49,5	2,9
Goodson <i>et al.</i> , 1998	Croisements	61,6	56,9	
Jackson <i>et al.</i> , 1997b	Rambouillet	57,3	53,9	3,4
Fernandez, 1996	Croisement Rambouillet	62,7	59,3	3,4
Koohmaraie <i>et al.</i> , 1995	Dorset	53,6	51,3	2,3
Snowder <i>et al.</i> , 1994	Rambouillet	52,7	48,4	4,3
	Columbia	52,1	49,6	2,5
	Suffolk	54,5	50,3	4,2
	Croisements			

¹ Différence : (Cg-N/N) x 100

Tableau 8. Effet du gène callipyge (Cg) sur la surface de l'œil de longe et sur le gras dorsal par rapport au gène normal (N) selon différentes études

Référence	Génotype	Surface de l'œil de longe (cm ²)			Épaisseur du gras dorsal (mm)		
		Porteur Cg	Non porteur N	Différence ¹ (%)	Porteur Cg	Non porteur N	Différence ¹ (%)
Fahmy, 1999	Romanov et croisements						
	Romanov	18,5	13,1	41	4,1	6,1	- 33
Goodson <i>et al.</i> , 1998	Croisements	24,4	16,6	47	0,30	0,56	- 46
Jackson <i>et al.</i> , 1997b	Rambouillet	17,6	10,3	71 ²	5,9	7,5	- 21 ²
Fernandez, 1996	Croisements	20,9	10,7	95 ²	4,4	7,1	- 38 ²
	Rambouillet						
Koohmaraie <i>et al.</i> , 1995	Dorset	19,8	14,8	32	4,4	6,3	- 30
Snowder <i>et al.</i> , 1994	Rambouillet	21,6	14,3	51	1,5	2,2	- 32
	Columbis	22,1	15,1	46	1,5	2,0	- 25
	Suffolk	20,3	15,9	28	2,2	2,0	10
	Croisements						

¹ Différence : (Cg-N/N) x 100

² Basé sur différents points de carcasse

Tableau 9. Variation de la composition des carcasses de moutons callipyges (Cg) et normaux (N) selon différentes études

Référence	Génotype	Tissus	Moutons porteurs Cg	Moutons non porteurs N	Différence ¹ (%)
Fahmy, 1999	Romanov et croisements Romanov	Maigre	58,3	49,1	9,2
		Gras	23,8	31,0	-7,2
		Os	16,8	18,7	-1,9
Goodson <i>et al.</i> , 1998	Croisements	Maigre	60,0	48,5	11,5
		Gras	19,7	29,0	-9,3
		Os	15,2	16,6	-1,4
Jackson <i>et al.</i> , 1997b	Rambouillet	Maigre	18,4	23,6	-5,2
		Os	19,3	22,8	-3,5

¹ Différence : (Cg-N /N) x 100

STRATÉGIES

Gène Booroola

Dans les troupeaux Merino purs

On conseille aux éleveurs d'augmenter la fréquence du gène dans leur troupeau sans nécessairement identifier les animaux qui en sont porteurs. On peut y parvenir en introduisant continuellement des béliers homozygotes Booroola Merino, ou en utilisant des béliers provenant de brebis très prolifiques. On élimine aussi les brebis moins prolifiques, en axant la sélection sur les plus prolifiques. Avec le temps, le troupeau deviendra plus prolifique au

fur et à mesure que le nombre d'animaux porteurs du gène Booroola augmentera.

Dans les troupeaux commerciaux

Dans de tels troupeaux, l'utilisation du gène Booroola permet de produire des brebis croisées prolifiques, ayant une maturité hâtive et une bonne aptitude laitière. Pour ce faire, l'utilisation du Booroola Merino n'est pas le meilleur choix. Il est préférable d'utiliser une race telle que Booblys, dans laquelle le gène peut être obtenu avec un bagage génétique plus adéquat pour la production de viande. Le gène peut demeurer dans le troupeau tant et aussi longtemps que l'éleveur remplace ses brebis par celles qui naissent dans les grosses portées.

Gène callipyge

En raison de l'hérédité particulière de ce gène, deux options peuvent être utilisées pour la production d'agneaux de marché. La première option consiste à utiliser des béliers hétérozygotes avec des femelles normales. La moitié de la progéniture sera porteuse du gène callipyge et aura des gigots et des longes plus gros ; l'autre moitié sera normale. Toute la progéniture sera vendue pour la viande à l'exception de quelques béliers callipyges qui seront utilisés dans les générations subséquentes. La deuxième option consiste à acheter des béliers homozygotes afin de les croiser avec des brebis normales. Toute la progéniture aura le phénotype callipyge. Tous ces animaux sont destinés à l'abattage, ce qui oblige l'éleveur à acheter continuellement ses béliers de remplacement. La première option permet de sélectionner les futurs béliers à même le troupeau, mais seulement la moitié de la progéniture possède le phénotype callipyge. La deuxième option nécessite l'achat de béliers homozygotes sur une base continue, mais toute la progéniture possède le phénotype callipyge.

CONCLUSION

Les gènes qui améliorent la reproduction ou la qualité de la carcasse sont des outils importants pour faire de la production ovine une production plus compétitive et économiquement viable. Tel que démontré, les gènes peuvent avoir des effets secondaires indésirables, tels que la dureté de certains muscles dans le cas du gène callipyge. Une régie appropriée et l'application de technologies récentes en matière de qualité de la viande peuvent toutefois minimiser ces effets négatifs.

RÉFÉRENCES

- Bodin, L., C. Cornu, J.M. Elsen, G. Molenat, et J. Thimonier. 1990. The effect of Booroola genotype on some traits in a Merino D=Arles flock. p. 371-380. Dans : Major gene for reproduction in sheep. J.M. Elsen, L. Bodin and J. Thimonier (Eds) INRA, Toulouse, France.
- Bunge, R., D.L. Thomas et T.G. Nash. 1993. Performance of hair breeds and prolific wool breeds of sheep in southern Illinois : Lamb production of F1 ewe lambs. J. Anim. Sci. 71 : 2012-2017.
- Castonguay, F., F. Minvielle et J.J. Dufour. 1990. Reproductive performance of Booroola x Finnish Landrace and Booroola x Suffolk ewe lambs heterozygous for the F gene and growth traits of their three-way cross lambs. Can. J. Anim. Sci. 70 : 55-65.
- Cockett, N.E., S.P. Jackson, T.L. Shay, F. Farnir, S. Berghmans, G.D. Snowden, D. Nielson et M. George. 1996. Polar overdominance at the ovine callipyge locus. Science 273 : 236-238.

- Davis, G.H., J.M. Elsen, L. Bodin, M.H. Fahmy, F. Castonguay, E. Gootwine, A. Bor, R. Braw-Tal, J.C. Greef, A. Lengyel, G. Paszthy et L. Cummins. 1990. A comparison of the production from Booroola and local breed sheep in different countries. p. 315-323. Dans : Major genes for reproduction in sheep. J.M. Elsen, L. Bodin and J. Thimonier (Eds). INRA, Toulouse, France.
- Fahmy, M. H. 1995. Growth, fertility, prolificacy and fleece weight of Romanov, Finnish Landrace and Booroola purebreds and their first cross and backcross with DLS sheep. Anim. Sci. 62 : 479-487.
- Fahmy, M. H. 1999. Carcass quality of crossbred lambs expressing the callipyge phenotype born to Romanov purebred and crossbred ewes. Anim. Sci. 69 : 525-533.
- Fernandez, J.M., K.S. King, T.W. White, T.D. Bidner, D.E. Franke, D.T. Hoover, L.R. Gentry, A.D. Higbie et C.J. Lupton. 1996. Performance of F1 Rambouillet x Gulf Coast Native lambs with and without the callipyge gene : feedlot phase. J. Anim. Sci., 74 (suppl. 1). 260. (Abstr.)
- Goodson, K.J., R.K. Miller et J.W. Savell. 1998. Growth, composition, and palatability of market lambs expressing extreme muscle hypertrophy. (Communication personnelle).
- Jackson, S.P., M.F. Miller et R.D. Green. 1997. Phenotypic characterization of Rambouillet sheep expressing the callipyge gene : II Carcass characteristics and retail yield. J. Anim. Sci. 75 : 125-132.
- Koohmaraie, M., S.D. Shackelford, T.L. Wheeler, S.M. Lorengan et M.E. Doumit. 1995. A muscle hypertrophy condition in lamb (callipyge) : characterization of effects on muscle growth and meat quality traits. J. Anim. Sci. 73 : 3596-3607.
- Osikowski, M. et B. Borys. 1996. The use of prolific sheep in various countries : Eastern Europe. p. 263-288. Dans : Prolific Sheep. M. H. Fahmy (Ed.). CABI, Oxon, UK.
- Snowder, G.D., J.R. Busboom, N.E. Cockett, F. Hendrix et V.T. Mendenhall. 1994. Effect of the callipyge gene on lamb growth and carcass characteristics. Proc. 5th Wld. Congr. Genet. Appl. Livest. Prod. 18 : 51-54.
- Willingham, T., M. Shelto et C. Lupton. 1988. The influence of introducing the Booroola Merino genotype to Rambouillet flocks on reproduction and fleece traits in comparison with other selected breed crosses. SID Res. J. 4 : 1-5.
- Young, L.D. et G.E. Dickerson. 1991a. Reproductive performance of ewes produced by mating Finnish Landrace and Booroola Merino rams to Finnish Landrace and crossbred ewes in USA. p. 325-328. Dans : Major genes for reproduction in sheep. J.M. Elsen, L. Bodin and J. Thimonier (Eds). INRA, Toulouse, France.
- Young, L.D. et G.E. Dickerson. 1991b. Comparison of Booroola Merino and Finnsheep : Effects on productivity of mates and performance of crossbred lambs. J. Anim. Sci. 69 : 1899-1911.



CONSANGUINITÉ ET GESTION DES ACCOUPLEMENTS DANS UN TROUPEAU RESTREINT

Mohamed H. Fahmy, Ph.D.¹

INTRODUCTION

Il arrive qu'un éleveur de moutons ait à travailler avec un nombre relativement restreint d'animaux, après avoir introduit du nouveau matériel génétique (races exotiques ou domestiques) dans le troupeau par exemple ou lorsqu'il désire limiter, pendant un certain temps, l'introduction de sujets provenant de l'extérieur afin d'éviter l'introduction de maladies contagieuses. Dans l'une ou l'autre de ces situations, les principales préoccupations de l'éleveur sont de préserver la santé du troupeau et de maintenir la consanguinité au plus bas niveau possible, de façon à prévenir ses effets néfastes sur la reproduction. Une procédure simple est proposée pour aider l'éleveur d'un nombre restreint d'animaux à mettre en oeuvre un programme efficace d'amélioration.

CONSANGUINITÉ

La consanguinité désigne la production de descendants à partir de proches parents. Le taux de consanguinité varie en fonction des liens de parenté entre les individus (Tableau 1).

Un taux de consanguinité élevé, supérieur à 12,5 %, peut causer une augmentation du taux de mortalité des agneaux et une diminution des performances de croissance et de reproduction. Certaines tares héréditaires sont également susceptibles d'apparaître plus fréquemment à mesure que le taux de consanguinité s'accroît. Une consanguinité faible ne présente généralement pas de problème. Un taux de consanguinité de 6,25 % serait la limite à ne pas dépasser dans un troupeau.

Si on utilise un mâle pendant plusieurs années, il faut s'assurer que les femelles avec lesquelles il s'accouple ne sont pas des proches parents (fille, petite-fille, etc.).

¹ Centre de recherche et de développement sur le bovin laitier et le porc, Agriculture et Agroalimentaire Canada, Lennoxville

Tableau 1. Taux de consanguinité en fonction des liens de parenté

Accouplement	Taux de consanguinité du descendant issu de cet accouplement
Bélier A x sa fille	25 %
Brebis A x son fils	25 %
Frère x sœur	25 %
Demi-frère x demi-sœur	12,5 %
Bélier A x sa petite-fille	12,5 %
Fils du bélier A x petite-fille du bélier A	6,25 %
Petit-fils du bélier A x petite-fille du bélier A	3,13 %

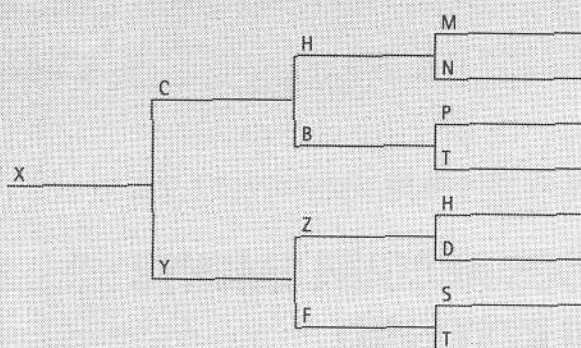
Le taux de consanguinité d'un individu est calculé à partir des informations disponibles sur sa généalogie. La méthode de calcul du taux de consanguinité est basée sur un schéma de «circuits» que l'on obtient à partir de l'arbre généalogique (Figure 1).

LES GRANDES LIGNES DE LA GESTION DES ACCOUPLEMENTS

1. Tout en considérant les limites imposées par la régie du troupeau, garder le plus grand nombre possible de béliers reproducteurs n'ayant aucun lien de parenté entre eux. L'éleveur doit se procurer un nombre relativement élevé de béliers ; la proportion de 1 bélier pour 2 brebis peut être considérée comme normale.
2. La généalogie et les registres récents de performance devraient toujours être obtenus pour chacun des animaux achetés.

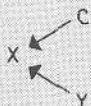
Figure 1. Méthode de calcul de la consanguinité

Arbre généalogique de l'individu X :

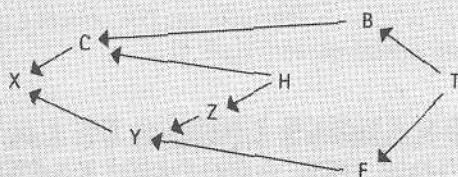


Les étapes pour construire un schéma utilisant des circuits sont les suivantes :

1. Identifier le père et la mère de l'individu X à évaluer : Père (C) et mère (Y).
2. Tracer des flèches du père (C) à X et de la mère (Y) à X.



3. Identifier les ancêtres communs. Un ancêtre commun est un individu rencontré à la fois dans la généalogie du père (C) et dans celle de la mère (Y) : Ancêtre H et Ancêtre T.
4. Tracer des flèches de l'ancêtre commun au père et à la mère, tout en traçant des flèches intermédiaires pour identifier les individus entre le père et la mère et l'ancêtre commun. Par exemple, du côté maternel (Y), les individus F et Y sont intermédiaires entre les individus T et X.
5. Identifier tous les autres ancêtres communs et tracer les flèches requises.



6. Identifier chaque circuit (un circuit débute et se termine avec l'individu X en passant par l'ancêtre commun et les intermédiaires).
7. Calculer le coefficient de consanguinité (F_x) à l'aide de la formule suivante :

$$F_x = \sum (1/2)^{k-1}$$

où

Σ = sommation des circuits

k = nombre de flèches dans le circuit formé par l'ancêtre commun

Note : On doit effectuer le calcul pour chaque circuit indépendant. Le coefficient de consanguinité est la sommation (Σ) des valeurs calculées pour chaque circuit indépendant. Dans l'exemple actuel, le calcul s'effectuera comme suit :

$$\text{Circuit (H)} : X \leftarrow C \leftarrow H \leftarrow Z \leftarrow Y \leftarrow X : (1/2)^{5-1} = (1/2)^4 = 1/16 = 6,25 \%$$

$$\text{Circuit (T)} : X \leftarrow C \leftarrow B \leftarrow T \leftarrow F \leftarrow Y \leftarrow X : (1/2)^{6-1} = (1/2)^5 = 1/32 = 3,125 \%$$

$$\text{Donc } F_x = 6,25 + 3,125 = 9,375 \%$$

3. La généalogie des béliers et des brebis devrait être établie sur le plus grand nombre de générations possible. Cette information est primordiale dans le développement du plan des accouplements futurs.
4. Le contrôle des accouplements et l'identification de la progéniture à l'agnelage sont essentiels à la réussite du programme de sélection proposé.

PROCÉDURE

1. Regrouper les brebis en familles selon leur lien de parenté. Par exemple, les brebis d'une même portée, les cousines, les mères et leur progéniture sont regroupées ensemble.
2. Attribuer une couleur d'étiquette à chaque famille. Tous les agneaux nés au sein d'une même famille porteront une étiquette de la même couleur que celle de la famille.
3. Pour chaque famille, sélectionner un bélier parmi ceux qui lui sont le moins apparentés et l'identifier avec une étiquette de la couleur de cette famille. Si le nombre de béliers est limité, toutes les femelles d'une famille peuvent être accouplées avec un seul bélier. Si le nombre de béliers disponibles est élevé, plusieurs béliers peuvent être désignés pour une famille. Les béliers apparentés sont préférablement placés dans la même famille.
4. Les béliers de chaque famille sont accouplés avec les brebis de leur famille respective aussi longtemps qu'elles demeurent productives. Ces accouplements généreront les béliers qui s'accoupleront avec les brebis d'une autre famille. Les brebis nées à l'intérieur d'une famille seront accouplées avec les béliers provenant d'une autre famille.
5. Tout comme avec les animaux de source, répéter les accouplements jusqu'à ce que les femelles ne soient plus productives.

6. Les agneaux mâles issus de croisements entre les familles ne seront pas utilisés comme reproducteurs dans le troupeau et seront vendus. Les agnelles issues de ces croisements seront utilisées comme femelles de remplacement.
7. Les femelles issues des croisements entre deux familles sont accouplées avec des béliers provenant d'une troisième famille. Là encore, les agneaux mâles seront vendus et les agnelles seront élevées comme femelles de remplacement.

Dans l'exemple présenté à la figure 2, seulement trois familles (A, B et C) sont considérées. Dans l'éventualité où un quatrième et un cinquième béliers seraient disponibles, une quatrième (D) et une cinquième (E) familles pourraient être constituées, ce qui retarderait l'augmentation de la consanguinité d'une ou deux autres générations. Cependant, dans cet exemple, l'éleveur n'aura d'autre choix que d'accoupler à nouveau les brebis de la troisième génération avec les béliers possédant le même code de couleur, et c'est là que la consanguinité apparaîtra dans le troupeau. C'est la raison pour laquelle le délai dans l'apparition de la consanguinité est proportionnel au nombre de béliers reproducteurs (familles) utilisés.

Figure 2. Planification des accouplements en présence de trois familles, avec les années et les générations séparées

Génération	An	FAMILLE A					FAMILLE B					FAMILLE C			
		G 1	G2	G 3	G 4		G 1	G 2	G 3	G 4		G 1	G 2	G 3	G 4
0		A x a					B x b					C x c			
1	1	AA (aa)					BB (bb)					CC (cc)			
	2	AA (aa)					BB (bb)					CC (cc)			
	3	AA (aa)					BB (bb)					CC (cc)			

A, B, C sont les béliers de source; a, b, c sont les brebis de source.

AA, BB, CC sont les mâles ; aa, bb, cc sont les femelles issues des reproducteurs.

2			C x (a)					A x (b)					B x (c)		
	1		CA [ca]					AB [ab]					BC [bc]		
	2		CA [ca]					AB [ab]					BC [bc]		
	3		CA [ca]					AB [ab]					BC [bc]		

Première génération. La progéniture conserve la même couleur que leur mère, tous les mâles seront éliminés.

3				B x [ca]					C x [ab]					A x [bc]	
	1			BCA bca					CAB cab					ABC abc	
	2			BCA bca					CAB cab					ABC abc	
	3			BCA bca					CAB cab					ABC abc	

Deuxième génération. La progéniture possède des gènes de tous les béliers reproducteurs, il n'y a pas encore de consanguinité.

4					A x bca					B x Cab					C x abc
					ABCA abca					BCAB Bacb					CABC cabc
					Etc.					Etc.					Etc.

La progéniture issue de ces accouplements est consanguine. Cependant, s'il y avait un quatrième ou un cinquième bélier, l'apparition de la consanguinité serait retardée pour encore une ou deux générations, et ainsi de suite en fonction du nombre de béliers disponibles.

Dans l'exemple précédent, on a séparé les générations et les années pour simplifier les choses. De fait, les générations et les années se chevauchent au fil des ans puisque la progéniture s'accouple habituellement avant l'âge d'un an. Par conséquent, le système suivant (Figure 3) est plus réaliste. Cela démontre bien la complexité d'un tel programme.

Comme on peut le constater, la clé du succès d'un tel programme réside dans l'identification de la progéniture et l'assignation adéquate des béliers aux familles en vue des accouplements.

Figure 3. Système d'accouplements en présence de trois familles, avec les générations et les années qui se chevauchent

An	FAMILLE A					FAMILLE B					FAMILLE C			
	G 0	G 1	G 2	G 3		G 0	G 1	G 2	G 3		G 0	G 1	G 2	G 3
0	A x a					B x b					C x c			
1	AA (aa)					BB (bb)					CC (cc)			
2	AA (aa)	C x (a)				BB (bb)	A x (b)				CC (cc)	B x (c)		
3	AA (aa)	CA [ca]				BB (bb)	AB [ab]				CC (cc)	BC [bc]		
4		CA [ca]	B x [ca]				AB [ab]	C x [ab]				BC [bc]	A x [bc]	
5		CA [ca]	BCA Bca				AB [ab]	CAB cab				BC [bc]	ABC Abc	
6			BCA Bca	A x bca				CAB cab	B x Cab				ABC Abc	C x abc
7			BCA Bca	ABCA abca				CAB cab	BCAB Bacb				ABC Abc	CABC cabc
8				ABCA abca					BCAB Bacb					CABC cabc
9				ABCA abca					BCAB Bacb					CABC cabc