

# GEOVIAL

Bulletin Génétique Ovin Allaitant



Janvier 2016

Numéro 22



## SOMMAIRE

■ Le point sur les gènes d'hyper-ovulation	1
■ Stations ovines : + 3% de béliers en 2015 !	4

### ■ Le point sur les gènes d'hyper-ovulation

Depuis les années 80, beaucoup d'études ont porté sur la recherche de gènes dits « majeurs » (ayant un effet important sur le contrôle de la prolificité en ovin) pour 2 raisons principales :

- la première est que la sélection sur gènes majeurs accélère la sélection de la prolificité en comparaison avec la sélection polygénique habituelle. En effet, même si la prolificité fait partie des caractères sélectionnés depuis longtemps du fait de son intérêt économique fort, son héritabilité très faible induit des progrès génétiques lents.
- La seconde est la gestion indispensable de ces gènes car ils peuvent avoir des effets forts, ce qui nécessite d'ajuster les règles de gestion des reproducteurs.

Un certain nombre de gènes à effet majeur sur le taux d'ovulation a déjà été découvert. Régulièrement, l'implication de nouveaux gènes ou polymorphismes causaux inédits de gènes connus sont mis en évidence dans les populations ovines.

Les différents gènes majeurs décrits à ce jour se classent en 3 groupes :

- les gènes localisés dont les mutations sont identifiées. A l'heure actuelle, on connaît quatre gènes (BMPR1B, BMP15, GDF9 et B4GALNT2) qui contrôlent l'ovulation (tableau 1a);

- les gènes non localisés mais dont les régions du génome sont en cours d'analyse (tableau 1b) ;

- les gènes non localisés. Pour les races françaises, cela concerne des gènes encore inconnus dont l'effet est suggéré par des observations de taux d'ovulation ou de taille de portée extrêmes (tableau 1b).

#### Tableaux 1a et 1b : Caractéristiques des gènes majeurs d'ovulation et populations concernées\*

(D'après Bodin et al. 2011 *Etat des lieux et gestion pratique des gènes d'ovulation détectés dans les races ovines françaises. 18èmes Rencontres Recherche Ruminants. Paris, France, 7-8 Décembre 2011, pp 393-400 actualisé*)

Tableau 1a : Allèles identifiés ou finement localisés (génotypage disponible)

Populations initiales	Chromosome	Gène et polymorphisme	Pop. françaises concernées	Gestion
<b>Mérinos Booroola</b>	6	BMPR1B <sup>Q249R</sup>	Lignée Mérinos d'Arles-Booroola	Schéma de production d'agnelles prolifiques
<b>Lacaune</b>	X	BMP15 <sup>C53Y</sup>	Lacaune viande Ovitest	Génotypage des mâles, éradication (fréquence très faible)
<b>Grivette</b>	X	BMP15 <sup>T317I</sup>	Grivette	Génotypage des mâles et des agnelles, effet de l'allèle en cours d'étude
			Mouton Vendéen	
<b>Ile de France (Brésil)</b>	5	GDF9 <sup>R315C</sup>	Ile de France	Vérifications en cours
<b>Lacaune</b>	11	FEC L (localisé)	Lacaune viande Ovitest	Génotypage systématique des mâles et des femelles, accouplements en fonction des génotypes
			Noire du Velay	Génotypage des mâles et des agnelles, effet de l'allèle en cours d'étude
			Lacaune viande GID	Fréquence faible

Tableau 1b: Allèles non identifiés

Populations initiales	Chromosome	Etat des connaissances
<b>Lacaune (Ovitest)</b>	?	Gène supposé
<b>Noire du Velay</b>	?	Evidence statistique
<b>Belle Ile</b>	?	Evidence statistique
<b>Booroola 2</b>	?	Gène supposé

\* Dans les populations ovines mondiales, 9 autres mutations sont identifiées (races Inverdale, Hanna, Belclare, Galway, Rasa Aragonesa, Okulska, Galway, Thoka, Santa Ines) et 7 sont suspectées (races Cambridge 2, Woodlands, Metherell, Wishart, Davisdale, Chios, Loa).

Le projet Degeram porté par le CORAM et animé techniquement et scientifiquement par l'INRA et l'Institut de l'Élevage, a pris fin en 2013. Financé dans le cadre du programme opérationnel Massif central 2007-2013, il a permis d'avancer sur les questions de gènes d'hyper-ovulation de quelques races rustiques françaises.

Etant données les différences de stades de connaissance scientifique sur les gènes majeurs d'hyper-prolificité entre les populations ovines étudiées dans le projet, les actions menées dans le cadre de Degeram ont varié selon les races :

- réalisation d'un premier bilan de la prolificité (évolution de la prolificité moyenne et des tailles de portée) en races Causse du lot, Noire du Velay et Grivette ;
- recherche pour des mutations déjà connues en Causse du Lot et Blanche du Massif Central ;
- estimation des fréquences des mutations identifiées dans les populations Noire du Velay, Grivette et pour le programme de sélection GID Lacaune ;
- recherches plus poussées pour le programme de sélection Lacaune viande Ovitest avec une analyse fine de l'effet de l'allèle «FEC L» (polymorphisme localisé sur le chromosome 11 – voir tableau 1a) sur plusieurs caractères comme la prolificité, les qualités maternelles, la mortalité, ou encore la fertilité à l'IA.

#### Synthèse des résultats obtenus par race



**En Causse du Lot,** l'analyse de la prolificité moyenne et des tailles de portées à partir de données du contrôle de performance a été réalisée sur les 30

dernières années. Les conclusions montrent une progression de la prolificité moyenne de la population, expliquée en partie par une amélioration du niveau génétique moyen de la race pour ce caractère grâce à la pratique du testage maternel. Sur ces 30 dernières années, les portées de simple diminuent au profit des doubles, la proportion de triples restant faibles et celle de quadruples et plus, très rare. Le génotypage de brebis extrêmes n'a pas permis de déceler d'animaux porteurs pour les mutations actuellement connues dans les populations ovines françaises.

Une série de génotypages réalisée en amont du programme identifiait 2 mâles **Blanc du Massif Central** comme porteurs de la mutation BMP15. Partant de ce postulat, l'évaluation de la fréquence de la mutation devait débiter mais le génotypage d'une cohorte entière de mâles de stations et des mâles présents au centre d'insémination n'a pas permis d'identifier d'autres animaux porteurs.



Le génotypage de brebis très prolifiques ayant donné le même résultat négatif, la recherche d'individus porteurs a cessé en BMC.

**En Lacaune Viande Ovitest,** une première mutation, portée sur le gène BMP15 a été mise en évidence en 2007. Sa faible fréquence et l'induction d'une stérilité à l'état homozygote ont incité la coopérative à éradiquer cette mutation. Une seconde mutation dans le gène majeur d'hyperprolificité Fecl (aussi appelé gène Lacaune) a été identifié au début des années 2000. La coopérative Ovitest gère ce gène à l'état hétérozygote dans son noyau de sélection et, depuis 2010, toutes les femelles de renouvellement sont génotypées. Les données accumulées ont permis d'obtenir des précisions quant à l'effet du gène Fecl sur la prolificité : + 0,5 agneau par mise-bas pour les hétérozygotes (L+) par rapport aux homozygotes sauvages (++) . Le génotype présente aussi un effet sur la variabilité de la taille de portée et influence également d'autres caractères comme la fertilité, ou encore le poids et la mortalité des agneaux. Même si leurs agneaux sont un peu plus légers et un peu moins viables, les brebis L+ ont quand même une meilleure productivité estimée en poids d'agneaux produit et sont donc un peu plus intéressantes économiquement.

Par ailleurs, leur prolificité plus élevée nécessite une attention accrue des éleveurs pour gérer les nombreuses portées multiples. L'INRA et IDELE ont proposé une stratégie de gestion, adoptée par Ovitest, se basant sur une population de 50% L+ et 50% ++. La prise en compte des gènes majeurs dans l'évaluation génétique de la prolificité permettra d'optimiser cette stratégie.





Etant donnée la proximité génétique des populations GID et Ovitest, le génotypage des mutations Lacaune et BMP15 dans la population **Lacaune**

**GID** a été mis en place. 19 mâles ont été identifiés porteurs de FeCL (dont 1 LL) parmi les 176 mâles génotypés et 3 femelles porteuses parmi les 7 génotypées. Aucun de ces animaux n'est porteur de la mutation BMP15 Lacaune ni de BMP15 Grivette présentes dans la même région. Le GID Lacaune a décidé de conserver les mâles porteurs mais de limiter leur diffusion dans le schéma.



La mutation FeCL, portée par un chromosome non sexuel, a également été mise en évidence dans la population **Noire du Velay** et a permis de valider un polymorphisme SNP qui pourrait être la mutation causale recherchée. 20% des 1 138 individus génotypés sont porteurs de cette mutation. L'étude de FEC L dans la population Noire du Velay est en cours. Les analyses obtenues sur des femelles hyper-prolifiques permettent de suspecter la présence d'une seconde mutation dans la race.

La mutation FeCL, portée par un chromosome non sexuel, a également été mise en évidence dans la population **Noire du Velay** et a permis de valider un polymorphisme SNP qui pourrait être la mutation causale recherchée. 20% des 1 138 individus génotypés sont porteurs de cette mutation. L'étude de FEC L dans la population Noire du Velay est en cours. Les analyses obtenues sur des femelles hyper-prolifiques permettent de suspecter la présence d'une seconde mutation dans la race.

**En race Grivette**, un polymorphisme du gène BMP15 différent de celui connu en population Lacaune a été identifié. Il se situe sur le chromosome



sexuel X, et est responsable d'une prolificité élevée. Ce nouveau polymorphisme du gène BMP15 n'induit pas de stérilité des brebis porteuses homozygotes. Sur un échantillon de 429 brebis adultes, la proportion d'individus porteurs semble élevée : 48% de brebis hétérozygotes et 31% d'homozygotes. Le même polymorphisme a été découvert récemment en race **Mouton Vendéen**.

Pour ces trois populations (Noire du Velay, Grivette et Mouton Vendéen), des travaux analogues à ceux conduits dans la population Ovitest ont été initiés afin d'estimer précisément la fréquence des mutations et leur effet dans chacune des races. Dans l'attente des résultats, aucune des races ne souhaite éradiquer les mutations. Pour les éleveurs, ce serait prendre le risque de voir la prolificité de leur population s'effondrer. Les trois schémas ont donc décidé, pour le moment, de génotyper les mâles de stations (Mouton Vendéen) et de centre d'élevage (Grivette et Noire du Velay) et d'attendre les résultats des études en cours pour définir leur propre stratégie.

### Stations ovines : + 3 % de béliers en 2015 !

Les effectifs sont en hausse, avec 3 791 jeunes béliers au total évalués en 2015 en SCI (Station de Contrôle Individuel : 2 572) ou en CE (Centre d'Élevage : 1 219), contre 3 675 en 2014.

A noter, une augmentation sensible (+ 7 %) des béliers passés en SCI en 2015 !

Le protocole court en SCI sur 6 semaines, qui exige une grande rigueur dans la réalisation du contrôle, a été choisi par 3 races (Mouton Charollais, Blanc du Massif Central et Mouton Vendéen) et a concerné près de 1 000 béliers répartis dans 9 bandes.

Pour la deuxième année consécutive, le GID Lacaune et l'OS Romane ont choisi d'évaluer en SCI certains de leurs béliers (environ 230 au total) sur leur efficacité alimentaire.

