

Impact d'une sélection forte pour un gène majeur sur la variabilité et les niveaux génétiques : cas de la sélection pour la résistance à la tremblante ovine

M. BROCHARD (1), I. PALHIÈRE (2), E. VERRIER (3), K. MOAZAMI-GOUDARZI (4), E. NEUTS (1, 5), Y. AMIGUES (6), F. BARILLET (2), B. BED'HOM (3), B. BIBE (2), J. BOUIX (2), E-P. CRIBIU (4), D. FRANCOIS (2), C. LEYMARIE (2), T. PANTANO (6)

(1) France UPRA Sélection, 149 rue de Bercy - 75595 Paris Cedex 12

(2) INRA Station d'Amélioration Génétique des Animaux, BP 52627 - 31326 Castanet-Tolosan Cedex

(3) INRA/INA P-G, UMR Génétique et Diversité des Animaux - 78352 Jouy-en-Josas Cedex

(4) INRA Laboratoire de Génétique Biochimique et Cytogénétique - 78352 Jouy-en-Josas Cedex

(5) ENESAD, 26 Boulevard du Docteur Petitjean, BP 87999 - 21079 Dijon Cedex

(6) LABOGENA - 78352 Jouy-en-Josas Cedex

RESUME - Le programme national d'amélioration génétique pour la résistance à la tremblante (PNAGRT) basé sur la variabilité du gène *PrP*, a été mis en place en octobre 2001. Rapidement l'allèle VRQ a disparu parmi les béliers des 26 races ovines en sélection et nous observons une augmentation moyenne de 35 % de la fréquence de l'allèle ARR parmi les agneaux mâles nés et génotypés en 2005 par rapport à 2001-2002 (Brochard *et al.*, 2006). Face à la nature, l'ampleur et l'efficacité du PNAGRT, 2 risques sont à considérer : une perte de variabilité génétique et une baisse de niveaux génétiques pour d'autres caractères sélectionnés.

Une étude, financée par le Ministère de l'Agriculture en 2004 et 2005, a porté sur l'évolution de la variabilité génétique dans 4 races ovines : Berrichon du Cher (BCF), Causses du Lot (CDL), Manech Tête Rousse (MTR) et Mouton Charollais (CHL). Elle repose sur l'analyse conjointe des *pedigrees* et d'un panel de 29 marqueurs microsatellites pour 2 échantillons d'une centaine d'individus par race : des animaux nés avant l'introduction de la sélection sur *PrP* et des animaux nés 3 ans après. D'après le nombre moyen d'allèles observés et l'hétérozygotie attendue, la perte de variabilité génétique est très nette concernant le gène *PrP* (-60 % d'hétérozygotie) et les marqueurs qui lui sont très proches (-40 % d'hétérozygotie), conformément à nos attentes. En revanche, elle est insignifiante sur les 24 autres marqueurs répartis sur l'ensemble du génome (au plus 2 % d'évolution moyenne). De plus, l'étude de la probabilité d'origine des gènes, à partir des *pedigrees*, ne montre pas non plus d'évolution majeure : les plus importantes évolutions du nombre d'ancêtres expliquant 50 % des gènes sont une diminution en BCF, de 9 à 7 et une augmentation en CDL, de 14 à 16. Parallèlement, l'étude de l'évolution annuelle moyenne des niveaux génétiques sur les caractères de production ne révèle pas d'impact majeur. Les évolutions observées, concomitantes à la mise en place du PNAGRT, sont comprises entre une stabilisation des niveaux génétiques en CHL et un maintien du progrès génétique en MTR.

En conclusion malgré l'ampleur et l'efficacité du PNAGRT, dans des races particulièrement à risque, ni la variabilité génétique (en dehors de la région du gène *PrP*) ni les niveaux génétiques ne semblent avoir été fortement impactés. Ces conclusions sont à nuancer selon les races en raison de l'importante hétérogénéité qui existe (situation initiale, taille de la population, schéma de sélection...). Par ailleurs le recul dont nous disposons est très limité.

Impact of a strong gene assisted selection on genetic- variability and progress for production traits: case of the breeding programme for scrapie resistance

M. BROCHARD, I. PALHIÈRE, E. VERRIER, K. MOAZAMI-GOUDARZI, E. NEUTS, Y. AMIGUES, F. BARILLET, B. BED'HOM, B. BIBE, J. BOUIX, E-P. CRIBIU, D. FRANCOIS, C. LEYMARIE, T. PANTANO

(1) France UPRA Sélection, 149 rue de Bercy - 75595 Paris Cedex 12, France

SUMMARY - An efficient selection on the *PrP* gene has been implemented for 4 years in all the French sheep breeds. In 2005, a susceptible VRQ allele totally disappeared from the rams and young males born and genotyped in 2005, and the ARR allele frequency was on average 35 % higher than the initial frequency. In such a situation, two kinds of risk have to be considered: firstly a loss of genetic variability of the *PrP* gene area; secondly a decrease of the genetic abilities for production traits.

In the framework of a study funded by the French Ministry of Agriculture, the evolution of the genetic variability was measured by using genealogical and molecular (a panel of 29 micro-satellite markers) data on 4 representative French sheep breeds: Berrichon du Cher (BCF), Causses du Lot (CDL), Manech Tête Rousse (MTR) and Mouton Charollais (CHL). For each breed, two groups of almost 100 candidate sires were sampled: group 1 with animals born before year 2000 and group 2 with animals born in 2004 *i.e.* respectively before and 3 years after the selection for scrapie resistance began. The average number of observed alleles and the Hardy-Weinberg heterozygosity confirmed the expected dramatic loss of genetic variability at the *PrP* gene (-60 %) and show a loss, to a lower extent (-40 %), at the 5 marker loci located in the *PrP* region. The 24 other "neutral" markers (between -2% and +2 % of evolution on average), as well as the genealogical data, indicate that the genetic variability was not greatly affected. Besides, the analysis of the average genetic progress on different production traits does not show any dramatic negative evolution due to the implementation of the breeding plan for scrapie resistance. The highest evolution observed is the stabilisation of the mean genetic merit for several production traits for the CHL breed. On the contrary, the MTR breed genetic progress seemed to remain constant.

In conclusion, the high scale and efficient breeding programme for scrapie resistance implemented in France did not cause any dramatic loss of genetic variability or decrease of the genetic mean abilities for production traits, in the 4 studied breeds that are obviously considered at risk. This conclusion has to be modulated depending on the breed, *i.e.* on their initial situations (population size, *PrP* frequencies) and their selection strategies. Besides, the selection on the *PrP* gene began only 4 years ago which is a very short period of time to appreciate the consequences.

INTRODUCTION

Depuis octobre 2001, le programme d'amélioration génétique pour la résistance à la tremblante (PNAGRT), fondé sur la variabilité du gène majeur *PrP*, est mis en place dans toutes les populations ovines françaises sélectionnées. L'application rapide et à grande échelle de ce programme (400 000 animaux génotypés en 4 ans) a conduit à une modification importante du polymorphisme au gène *PrP*. L'allèle VRQ dit "d'hyper-sensibilité" a disparu très rapidement parmi les béliers et il a été constaté une augmentation de 35 %, en moyenne pour toutes les races, de la fréquence de l'allèle de "résistance", ARR, parmi les agneaux mâles nés et génotypés en 2005 par rapport à 2001-2002 (Brochard *et al.*, 2006). Face à cette rapide et efficace sélection sur le gène *PrP*, deux risques sont à considérer : d'une part une perte de variabilité génétique, via l'apparition de goulets d'étranglement et, d'autre part, une baisse de niveaux génétiques pour certains caractères sélectionnés, malgré l'absence de liaison démontrée entre le gène *PrP* et d'autres caractères (Elsen *et al.*, 2006). Pour limiter ces risques, plusieurs mesures ont été mises en œuvre dans les programmes de sélection : application d'une méthode de gestion des béliers utilisés (Orlianges *et al.*, 2006), accouplements raisonnés, génotypage de femelles adultes, pour faciliter la préservation des familles de béliers de haut niveau génétique mais sensibles à la tremblante. Parallèlement, la semence de béliers sensibles à la tremblante a été stockée en Cryobanque Nationale. Pour mesurer l'impact réel du PNAGRT, en 2004 et 2005 l'action innovante "VAROVI" a été engagée avec le soutien financier du Ministère de l'Agriculture. Elle a eu pour objet l'étude de l'évolution de la variabilité génétique à partir, soit de l'analyse des *pedigrees*, soit de données moléculaires. Parallèlement à ce travail, l'évolution du progrès génétique a été évaluée à partir des données du Système d'Information Génétique.

1. MATERIEL ET METHODES

1.1. RACES ET ECHANTILLONNAGE

Quatre races ovines françaises ont été choisies parmi les 26 races principales : Berrichon du Cher (BCF), Causses du Lot (CDL), Manech Tête Rousse (MTR) et Mouton Charollais (CHL). Le choix de ces 4 races a été fait en fonction : du type de race et de programme de sélection, des fréquences alléliques initiales au gène *PrP* et des stratégies raciales de sélection pour la résistance à la tremblante (tableau 1). Pour chaque race ont été établis deux échantillons de 94 mâles pris parmi les béliers passés en

contrôle individuel ou centre d'élevage et/ou mis à l'épreuve de la descendance. Le premier échantillon (AV) est constitué de béliers nés avant 2000, c'est à dire avant le début de la sélection sur *PrP*. Le second échantillon (AP) est constitué de béliers nés en 2004, c'est à dire après la troisième ou quatrième campagne de sélection sur *PrP*.

1.2. CHOIX DES MARQUEURS ET GENOTYPAGE

En plus du gène *PrP*, 29 marqueurs microsatellites ont été utilisés. 9 marqueurs proviennent du panel LABOGENA de contrôle de filiation. 5 marqueurs ont été choisis sur le chromosome 13, de part et d'autre du gène *PrP* (distants de moins de 1 cM à 20 cM). Les 15 autres marqueurs, répartis sur les autres chromosomes, proviennent essentiellement du panel MoDAD de la FAO (<http://dad.fao.org/fr/home.htm>). LABOGENA a réalisé tous les génotypages : méthode *Taq Man* pour le génotypage du gène *PrP* {ARR, AHQ, ARQ et VRQ (ARH est confondu avec ARQ)} ; séquenceur d'ADN 3100 ABI PRISM® pour les 29 marqueurs microsatellites.

1.3. ANALYSE DES RESULTATS DE GENOTYPAGE

Pour chaque échantillon et à chaque *locus*, le nombre d'allèles observés (A_o) et les fréquences alléliques ont été déterminés par comptage direct. L'hétérozygotie attendue (He) dans une population en équilibre d'Hardy-Weinberg a été estimée à partir des fréquences alléliques : soit p_i la fréquence de l'allèle i à un *locus* donné ($\sum p_i = 1$), He s'exprime ainsi : $He = 1 - \sum_i (p_i^2)$.

Lorsque plusieurs loci sont considérés simultanément, le nombre moyen d'allèles observés et l'hétérozygotie attendue moyenne se calculent comme simple moyenne des valeurs correspondantes estimées à chaque *locus*.

1.4. ANALYSE DES PEDIGREES

Les généalogies extraites du Système d'Information Génétique comprennent entre 143 000 (BCF) et 829 000 (CDL) animaux. Le taux de connaissance des *pedigrees* des animaux nés en 2004 est très satisfaisant en BCF, CHL et MTR, avec un nombre d'équivalent générations respectivement de 7,2, 7,5 et 6,0. Ce taux est plus faible pour les CDL puisqu'il est de 4,3 (3,5 dans l'échantillon AV). Pour chaque échantillon, le coefficient de parenté moyenne entre les animaux de l'échantillon (Φ) et le nombre d'ancêtres expliquant 50 % des gènes de cet échantillon ($N50$) (Boichard *et al.*, 1997) ont été calculés avec le logiciel PEDIG (Boichard, 2002). Le paramètre $N50$ est fondé sur les probabilités d'origine des gènes, les ancêtres majeurs d'un échantillon d'animaux étant classés par ordre de contribution génétique décroissante : plus $N50$ est faible, plus les bases génétiques de l'échantillon sont considérées comme étroites (Boichard *et al.*, 1997).

Tableau 1 : descriptif général et relatif à la sélection pour la résistance à la tremblante, pour les races étudiées

Races :	BCF	CDL	CHL	MTR
Type de race	Bouchère / terminale	Allaitante / rustique	Bouchère / terminale	Laitière
Femelles (RGA 2000)	37 000	107 700	281 700	264 000
Femelles en sélection (2004)	4 430	16 180	12 040	71 480
% insémination animale (dans le noyau de sélection)	61 %	28 %	13 %	55 %
Fréquence de l'allèle	Initial	Initial	Initial	Initial
ARR	80 %	15 %	37 %	16 %
2004	100 %	96 %	96 %	68 %
Fréquence de l'allèle	Initial	Initial	Initial	Initial
VRQ	3 %	6 %	22 %	2 %
2004	0 %	0 %	0 %	0 %
Stratégie de sélection pour la résistance à la tremblante	Taille du noyau de sélection faible et problèmes préalables de gestion de la variabilité génétique (Huby <i>et al.</i> , 2002). Pression de sélection modérée sur <i>PrP</i> .	Incidence élevée de la maladie : forte pression de sélection sur <i>PrP</i> , sur la voie mâle uniquement, interruption momentanée du testage sur descendance.	Forte demande du marché de reproducteurs mâles (en 2002) : forte pression de sélection sur <i>PrP</i> (voies mâle et femelle).	Incidence élevée de la maladie mais grande vigilance vis-à-vis du maintien de la sélection des caractères laitiers et de la gestion de la variabilité génétique.

1.5. ANALYSE DU PROGRES GENETIQUE

Les niveaux génétiques (en base fixe) issus des évaluations génétiques nationales sont extraits également du Système d'Information Génétique. Pour les 3 races allaitantes, les niveaux génétiques moyens présentés ont été calculés avec les index des femelles nées depuis 1990, pour les caractères de croissance, de prolificité et de valeur laitière. Pour la race MTR, les niveaux génétiques moyens présentés ont été calculés à partir des index de synthèse (combinaison des quantités de matière protéique et de matière grasse) des béliers nés à partir de 1990 et testés sur descendance.

2. EVOLUTION DE LA VARIABILITE GENETIQUE

2.1. POLYMORPHISME AU GENE PRP ET AUX 29 MARQUEURS

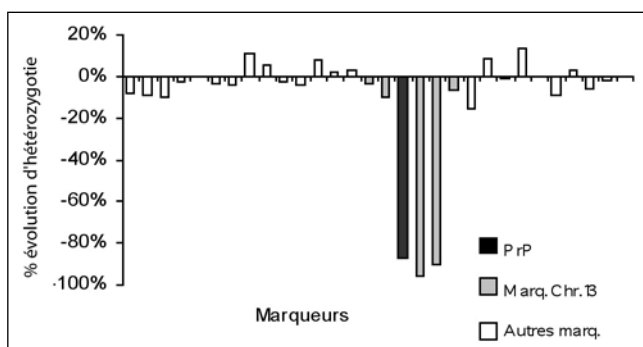
Les résultats (*Ao* et *He*) relatifs aux analyses des données moléculaires sont présentés dans le tableau 2. Concernant le gène *PrP*, en BCF et en CDL, les 4 allèles ont été trouvés dans l'échantillon "AV" alors qu'aucun animal des échantillons "AV" des races CHL et MTR ne porte l'allèle AHQ. Après 3 à 4 années de sélection, le polymorphisme au gène *PrP* a été fortement réduit, ce qui témoigne de l'efficacité de la sélection dans le cadre du PNAGRT. En race MTR, cette tendance est moins marquée en raison de la forte proportion d'animaux du génotype ARQ/ARQ dans l'échantillon "AV" et de la sélection plus progressive en faveur de l'allèle ARR (la majorité des animaux sont du génotype ARR/ARQ dans le second échantillon : augmentation de *He*). La perte de variabilité génétique est également importante pour les marqueurs du chromosome 13, mais dans une moindre mesure que pour le gène *PrP*. La réduction de l'hétérozygotie varie de -28 % en MTR à -45 % en BCF. Enfin, pour tous les autres marqueurs supposés neutres, nous n'observons pas d'évolution significative. Notons cependant une tendance à la diminution du polymorphisme en BCF et une tendance à l'augmentation en CDL.

Tableau 2 : évolution du polymorphisme (nombre moyen d'allèles *Ao*, et hétérozygotie attendue *He*)

Race	Gène <i>PrP</i>		Marq. du chr. 13		Autres marq.		
	<i>Ao</i>	<i>He</i>	<i>Ao</i>	<i>He</i>	<i>Ao</i>	<i>He</i>	
BCF	AV	4,0	0,34	3,2	0,34	5,5	0,54
	Evol.	-75 %	-100 %	-29 %	-45 %	-5 %	-2 %
CDL	AV	4,0	0,57	4,0	0,42	6,7	0,65
	Evol.	-50 %	-86 %	-13 %	-44 %	+9%	+1%
CHL	AV	3,0	0,65	4,0	0,61	7,4	0,67
	Evol.	-33 %	-88 %	+8 %	-41 %	+1%	-1 %
MTR	AV	3,0	0,30	4,8	0,56	7,8	0,70
	Evol.	-33 %	+47%	+7 %	-28 %	0 %	+2%

Evol. : (AP-AV)/AV en %

Figure 1 : évolution de l'hétérozygotie attendue par marqueurs, triés par n° de chromosome en race CHL



Ces tendances moyennes cachent des disparités au sein des groupes de marqueurs comme le montre la figure 1. Les marqueurs du chromosome 13 ont un comportement très différent selon leur plus ou moins proximité du gène *PrP*. En race CHL, seuls les 2 marqueurs situés dans la région non codante du gène *PrP* montrent une évolution significative, les 3 autres n'étant que faiblement touchés. Par ailleurs, les marqueurs répartis sur les autres chromosomes présentent des évolutions d'hétérozygotie variées (nulles, négatives ou positives) mais toujours de faible amplitude.

2.2. PARENTE ET PROBABILITE D'ORIGINE DES GENES

Selon les résultats présentés dans le tableau 3, le coefficient de parenté (Φ) initial le plus élevé est en race BCF (échantillon AV : 4,1 contre 2,0 en moyenne pour les 3 autres races) ce qui était attendu selon Huby *et al.*, 2003.

Tableau 3 : évolution du coefficient de parenté (Φ) et du nombre d'ancêtres expliquant 50 % des gènes (*N50*) par race

Race		AV	AP	(AP-AV)/AV
BCF	Φ (%)	4,1	5,6	+41 %*
	<i>N50</i>	9	7	-22 %
CDL	Φ (%)	2,2	1,5	-17 %*
	<i>N50</i>	14	16	+14 %
CHL	Φ (%)	1,5	1,9	+17 %*
	<i>N50</i>	26	24	-8 %
MTR	Φ (%)	2,4	2,8	+13 %*
	<i>N50</i>	11	11	0 %

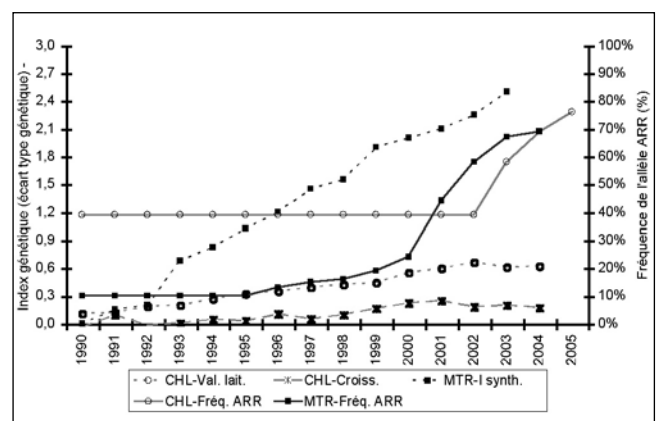
* : évolution significative (P<0,001)

La plus importante augmentation du coefficient de parenté et la plus forte diminution du nombre d'ancêtres expliquant 50 % des gènes (*N50*) concernent également la race BCF, bien que sa situation initiale au regard de la sélection sur *PrP* était très favorable (tableau 1). Nous n'observons pas de telles évolutions dans les autres races. Au contraire, en CDL, le coefficient de parenté a diminué et le nombre d'ancêtres expliquant 50 % des gènes a augmenté. Cette évolution *a priori* surprenante s'explique par la décision des gestionnaires de la race CDL de diversifier les origines des béliers pour augmenter le nombre de béliers résistants disponibles à brève échéance.

3. EVOLUTION DU PROGRES GENETIQUE

La figure 2 présente le progrès génétique pour des caractères de production en MTR et en CHL et en parallèle l'évolution de la fréquence de l'allèle ARR (supposée constante avant le début de la sélection sur *PrP*).

Figure 2 : fréquence de l'allèle ARR parmi les béliers de renouvellement et évolution du niveau génétique moyen en MTR (index de synthèse) et CHL (index croissance et valeur laitière)



On constate en MTR un maintien du progrès génétique (index de synthèse) ce qui s'explique par l'effort particulier et important qui a été fait pour préserver toutes les "familles élites". En CHL, pour les 2 caractères présentés nous observons une stabilisation des niveaux génétiques concomitante à la mise en œuvre du PNAGRT pouvant s'expliquer par une baisse de la pression de sélection exercée sur les caractères de production (ici, croissance et valeur laitière) au profit de la sélection sur *PrP*.

4. DISCUSSION

4.1. IMPACT SUR LA VARIABILITE ET LES NIVEAUX GENETIQUES

L'évolution du polymorphisme est très forte au niveau du gène *PrP* et, dans une plus faible mesure, au niveau des marqueurs de son voisinage (à moins de 20 cM). Ce résultat confirme l'efficacité du PNAGRT. Notons que ce constat est fait sur des mâles nés et sélectionnés en 2004, destinés au renouvellement des béliers reproducteurs. Ces échantillons sont donc une sorte de projection de la structure génétique à venir des mâles actifs. Par ailleurs ils ne sont pas représentatifs de la structure génétique des femelles en 2004 car la pression de sélection exercée pour le choix du renouvellement des femelles est beaucoup plus faible, impliquant un déséquilibre de la structure génétique entre mâles et femelles. La structure génétique de ces dernières a moins évolué. Contrairement à ce qui a été observé pour le gène *PrP* et les marqueurs voisins, l'évolution de l'hétérozygotie attendue pour les 24 autres marqueurs "neutres", reste en moyenne inférieure à 2 %. Les critères issus des probabilités d'origine des gènes révèlent également une relative stabilité du niveau de variabilité génétique globale. Ces 2 éléments indiquent que nous n'observons pas de sévère goulet d'étranglement dans les 4 races, sur la période étudiées. Parallèlement nous n'avons pas constaté d'impact majeur sur les niveaux génétiques relatifs aux caractères de production pour ces 4 races.

4.2. INTERPRETATION DE CES RESULTATS

Ces résultats peuvent avoir plusieurs origines.

- Premièrement, on peut penser que l'on manque encore de recul. En effet, l'intervalle moyen de génération étant de 3 à 4 ans, le temps écoulé depuis la mise en place du PNAGRT est donc seulement d'environ une génération en 2004 (un peu plus en CDL et en MTR dont la sélection sur *PrP* avait commencé respectivement en 2001 et 2000).

- Deuxièmement, l'introduction de ce nouveau critère de sélection a favorisé le recrutement de béliers portant l'allèle ARR qui n'auraient pas été sélectionnés auparavant : d'une part, diminution de la pression de sélection exercée sur les critères de standard de race et d'ascendance en particulier maternelle (niveau de qualification des mères) et, d'autre part, participation de nouveaux éleveurs à l'approvisionnement des stations de contrôle individuel ou centre d'élevage. Ainsi des animaux plus originaux ont pu être intégrés et apporter leur "diversité" (ex. CDL).

- Enfin, la mise en œuvre de mesures de gestion des mâles actifs a été favorable. Parmi ces mesures, on peut citer la vigilance accrue pour assurer que chaque bélier élite présent au début du PNAGRT dispose de descendants plus résistants à la tremblante et à bon potentiel génétique et la mise en place ou le développement de la gestion dite par "groupes" de mâles (Orlianges *et al.*, 2006) reposant sur une sélection intra-groupe à chaque étape du schéma pour assurer une représentation de chacun d'eux équilibrée au cours du temps. Notons que pour assurer qu'un père élite donné

dispose de descendants résistants pour le remplacer, des femelles adultes ont été génotypées dans quelques races dont la fréquence initiale de l'allèle ARR était faible. On a pu repérer les porteuses de l'allèle ARR et ainsi accroître le rendement des accouplements raisonnés en inséminant prioritairement les femelles porteuses de l'allèle ARR avec la semence des béliers sensibles à la tremblante. L'application rigoureuse de ces règles de gestion en MTR a permis de maintenir la variabilité et le progrès génétiques sur les caractères laitiers.

4.3. EXTRAPOLATION AUX AUTRES RACES ?

Volontairement, nous avons choisi des races qui *a priori* étaient les plus "à risque" notamment deux d'entre-elles (CDL et CHL) pour lesquelles l'augmentation de la fréquence de l'allèle ARR a été parmi les plus élevées (Brochard *et al.*, 2006). Peut-on d'une part, en conclure que les évolutions sont limitées pour les quelques races qui ont connu des augmentations aussi rapides de la fréquence de l'allèle ARR et, d'autre part, être complètement serein pour l'ensemble des autres races *a priori* en situation plus favorable ? Les cas des races BCF et MTR montrent que ce n'est pas nécessairement pertinent : pour la première, bien que la pression de sélection en faveur de l'allèle ARR soit réduite (très forte fréquence initiale de cet allèle), elle connaît la plus forte dégradation de la variabilité génétique ; pour la seconde, malgré une évolution rapide de la fréquence de l'allèle ARR, nous n'observons aucun impact sur la variabilité génétique et un progrès génétique sur les caractères de production inchangé. L'importante diversité des races et des programmes de sélection fait que chaque système est bien spécifique. Néanmoins, il apparaît que le recours à des règles de gestion des mâles actifs et le niveau de priorité de ces règles relativement aux objectifs de sélection, peuvent être déterminant.

CONCLUSION

Les résultats d'évolution de la variabilité et des niveaux génétiques sont rassurants dans la mesure où ils ne révèlent pas de modification forte liée à l'introduction de la sélection pour la résistance à la tremblante. Néanmoins le recul dont nous disposons est limité. Il serait donc très intéressant de poursuivre cette étude avec un échantillon d'animaux plus récents. Par ailleurs, nous avons constaté qu'il était difficile d'extrapoler directement ces résultats aux autres races, il serait donc utile de pouvoir étendre ce travail à d'autres races. Enfin l'application de méthodes de gestion de la variabilité génétique, comme celles fondées sur la gestion des mâles actifs, apparaît utile.

Nous tenons à remercier le Ministère de l'Agriculture et les UPRA Berrichonnes, Causses du Lot, Mouton Charollais et Ovines Laitières des Pyrénées.

Boichard D., Maignel L., Verrier E., 1997. Genet. Sel. Evol. 29: 5-23

Boichard D., 2002. Proc. 7th WCGALP, CD-Rom, N°28_13

Brochard M., Palhière I., Astruc J.M., Barillet F., Bouix J., Bibé B., Dion F., Elsen J.M., François D., Griffon L., Jullien E., Leymarie C., Orlianges M., Pantano T., Perret G., Tiphine L., Tribon P., 2006. Proc. 8th WCGALP, CD-Rom, N°22_32

Huby M., Verrier E., Moureaux S., Tixier-Boichard M., Griffon L., Moureaux S., Rochambeau H. de, Danchin-Burge C., Verrier E., 2003. Genet. Sel. Evol. 35: 637-655

Orlianges M., Palhière I., Brochard M., 2006. Renc Rech Ruminants

Elsen J.M., et al. 2006. Proc. 8th WCGALP, CD-Rom, N°15_15