

Fréquence de gènes de prolificité en race ovine Barbarine en Tunisie

Frequency of prolificacy genes in the Tunisian Barbarine Sheep

JEMMALI B. (1), BEDHIAF S. (2), DJEMALI M. (2)

(1) Institut national agronomique de Tunisie, 43 Avenue Charles Nicolle 1082- Cité Mahrajène. Tunisie

(2) Banque Nationale de Gènes de Tunisie, Z.I Chargaia-1-1080, Tunis, Tunisie

INTRODUCTION

En Tunisie, l'élevage ovin est dominé par la race Barbarine représentant 60 % de l'effectif total du cheptel (Djemali *et al.*, 2008 ; Bedhiaf-Romdhani *et al.*, 2008). La productivité numérique de cette race est relativement faible, posant une sérieuse contrainte à l'amélioration des revenus des éleveurs. Les limites du potentiel génétique des races autochtones et les modes traditionnels de conduite sont en large partie responsables de la régression des effectifs des populations locales. La Barbarine se distingue par sa capacité d'adaptation aux conditions les plus défavorables, sa capacité de valorisation des parcours dégradés et son aptitude à pâturer dans des conditions d'extrême chaleur estivale. Il est possible d'asseoir au moins deux programmes d'amélioration génétique pour cette race. Le premier viserait à répondre aux besoins des éleveurs dans les milieux difficiles (critères d'adaptation et qualité de la viande) et le deuxième prendrait la prolificité comme objectif de sélection principal pour les éleveurs qui disposent de moyens d'intensification. Pour le caractère prolificité, trois gènes (Booroola, BMP15 et GDF9) sont impliqués dans la variation de la productivité numérique chez les ovins. L'objectif principal de ce travail est l'étude du polymorphisme génétique au niveau de ces trois gènes. L'identification de ces mutations chez des individus de la race Barbarine, représente un atout pour les programmes de sélection et d'amélioration génétique pour le caractère prolificité chez les ovins.

1. MATERIEL ET METHODES

Des échantillons de sang de 334 brebis de race Barbarine ont été récoltés dans trois troupeaux des régions du centre et sud tunisien, et leur ADN génomique extrait. Les tests sont réalisés par la technique PCR-RFLP, comme suit. Les fragments des gènes GDF9, BMP15 et Booroola ont été amplifiés à partir de l'ADN génomique avec des amorces spécifiques (Tableau 1). Les produits d'amplification PCR ont été digérés par des enzymes de restriction (Tableau 1). La révélation des produits d'amplification du gène cible, ainsi que des produits de digestion, ont été faites sur gel d'agarose 3 %.

2. RESULTATS

Les brebis stériles (<4%) sont éliminées du troupeau. Le taux de prolificité des brebis choisies pour l'étude expérimentale a varié entre 130 % et 160 % (Figure 1) selon les troupeaux.

Tableau 1 : Enzymes utilisées pour l'étude du polymorphisme au niveau des gènes (Galloway *et al.*, 2000 ; Souza *et al.*, 2001 ; Hanrahan *et al.*, 2004)

Gène	Allèle	Enzyme	PCR	RFLP (pb)
GDF9	FecG ^H	Ddel	139 pb	139 ; 109 ; 30
BMP15	FecX ^G	Hinfl	141 pb	141 ; 112 ; 29
	FecX ^B	Ddel	153 pb	153 ; 122 ; 31
	FecX ^H	SpeI	240 pb	240 ; 218 ; 22
	FecX ^I	XbaI	150 pb	150 ; 129 ; 21
BMPR-IB	FecB	Ava II	140 pb	140 ; 110 ; 30

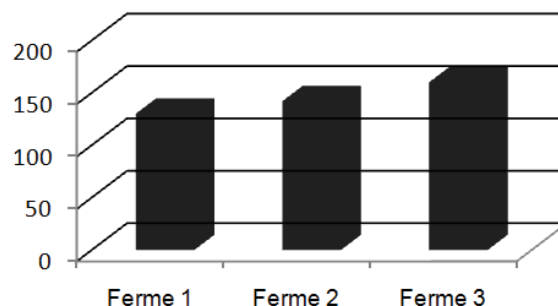


Figure 1 : Taux de prolificité des brebis de la race Barbarine qui ont été analysé

L'étude du polymorphisme génétique des gènes GDF-9, BMP15 et Booroola par la technique PCR-RFLP a donné les résultats suivants. Le gène GDF-9 est trouvé polymorphie et la fréquence de l'allèle FecG^H est de 11,3 %. Le gène BMP15 est également trouvé polymorphe et la mutation FecX^B est trouvée avec une fréquence de 21,3 %. Les mutations FecX^G, FecX^H et FecX^I sont absentes de l'échantillon étudié. Enfin, l'allèle FecB du gène BMPR-IB n'est pas observé dans la population analysée.

3. DISCUSSION

La caractérisation moléculaire des gènes, affectant la productivité numérique chez les ovins, chez les ovins, a fait l'objet de plusieurs études. Plusieurs, d'entre elles ont confirmé leurs effets additifs sur le taux d'ovulation, la fertilité ou même la taille de portée (Souza *et al.*, 2001 ; Hanrahan *et al.*, 2004 ; Gootwine *et al.*, 2007). La sélection basée sur les données moléculaire a constitué un moyen d'amélioration génétique efficace et rapide. Cette sélection peut se faire dès le jeune âge des agneaux.

CONCLUSION

Les gènes GDF9 et BMP15 peuvent être utilisés pour améliorer la productivité numérique dans des systèmes d'élevage intensif.

Bedhiaf-Romdhani, S., Djemali, M., Bello, A.A., 2008.

ISSN 1014-2339, N° 43, pages. 41-47

Djemali, M., Bedhiaf-Romdhani, S., Iniguez, L., and Inounou, I., 2009. *Livest. Sci.* 120, 213-217.

Gootwine, E., Reicher, S., Rozov, A. 2007. *Anim Reprod Sci* 108:402-11.

Hanrahan, J.P., Gregan, S.M., Mulsant, P., Mullen, M., Davis, G.H., Powell, R., Galloway, S.M., 2004. *Biol. Reprod.* 70, 900-909.

Souza, C.J.H., MacDougall, C., Campbell, B.K., McNeilly, A.S., Baird, D.T. 2001. *J. Endocrinol.* 169, R1-R6.

Galloway, S.M., K.P. McNatty, L.M. Cambridge, M.P.E. Laitinen, Juengel, J.L., Jokiranta, T.S., McLaren, R.J., Luiro, K., Dodds, K.G., Montgomery, G.W., Beattie, A.E., Davis, G.H., Ritvos, O. 2000. *Nat. Genet.* 25: 279-283.