

Nom **CREALIM**

Date de demande **13/11/2020**

Réf. commande **CREALIM_EXT-5769**

Profil génétique individuel

Base de référence **INGX-2019_1**

Nom animal **POLLUX** N° animal **FR1943033095** Sexe (M/F) **M** Date de naissance **12/10/2019**

Les échantillons biologiques ont été prélevés sous la responsabilité :

de l'éleveur ou du demandeur d'un technicien-préleveur habilité N° agrément **19A21**

Père : FR1939152632

Mère : FR1938022535

Culard : non testé

Compatible avec les 2 parents

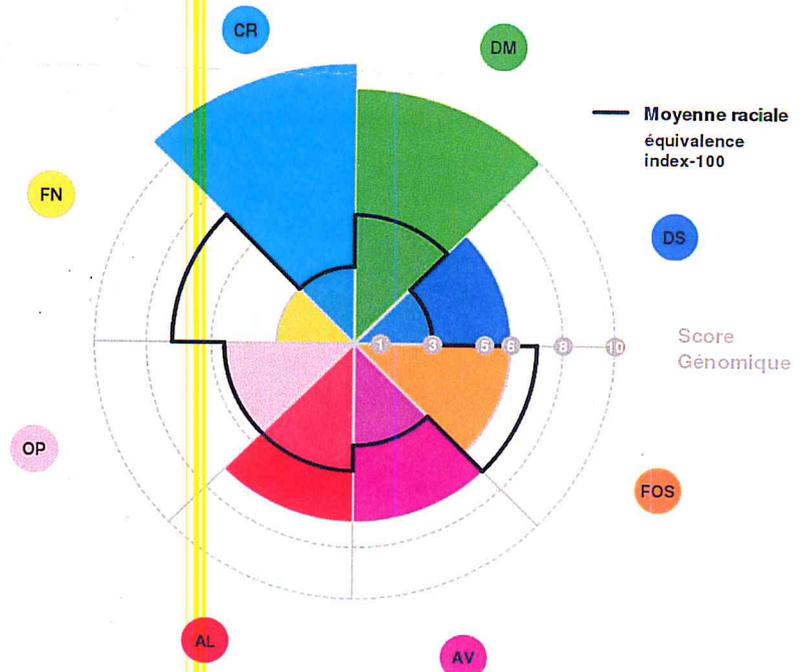
Sans corne : non testé

Caractère

Score génomique

1 : non améliorateur
10 : excellent

Facilité de naissance (FN)	3
Potentiel de croissance (CR)	10+
Dév. musculaire (DM)	10
Dév. squelettique (DS)	6
Finesse d'os (FOS)	6
Aptitude au vêlage (AV)	7
Aptitude à l'allaitement (AL)	7
Ouverture pelvienne (OP)	5



Morphologie de la mamelle

Distance plancher-jarret

mamelle haute

mamelle basse

Equilibre des quartiers

quartiers arrières bas

quartiers arrières hauts

Longueur des trayons

courts

longs

Grosseur des trayons

fins

gros

- AIDE À L'INTERPRÉTATION DES TESTS GÉNOMIQUES -

IngenomiX propose une gamme de tests génomiques d'aide à la sélection. Ces tests permettent de prédire le potentiel génomique d'un animal en analysant son ADN et en comparant le profil génomique ainsi obtenu à celui d'une population d'animaux de référence dont on connaît les performances.

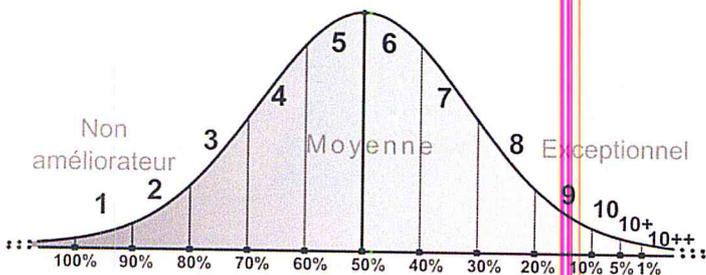
EVALIM® - SCORES GÉNOMIQUES

EVALIM® intègre l'information de plusieurs dizaines de milliers de marqueurs moléculaires répartis sur l'ensemble du génome de l'animal pour produire un score génomique. Cet indicateur, calculé pour 12 caractères, représente le potentiel génomique de l'animal. Il n'intègre aucune autre performance mesurée sur l'animal ou son ascendance. Il est ainsi possible de repérer de manière précoce les animaux les plus prometteurs et de raisonner ses choix de sélection en fonction des objectifs du cheptel.

Les résultats sont représentés par deux visuels :

- Un diagramme en radar pour 8 caractères notés de 1 à 10. Les animaux avec un score de 10 pour un caractère ont un profil similaire aux 10% meilleurs animaux de la population de référence. Ces 8 caractères sont : Facilité de Naissance (FN), potentiel de croissance (CR), Développement Squelettique (DS), Développement Musculaire (DM), finesse d'os (FOS), Aptitude au vêlage (AV), aptitude à l'allaitement (AL) et Ouverture Pelvienne (OP).

- Un diagramme en bande pour les quatre caractères décrivant la morphologie de la mamelle, l'optimum étant au centre.



Répartition schématique des scores génomiques en fonction de la distribution globale de la population pour un caractère. Les scores 10+ et 10++ permettent de distinguer les animaux appartenant aux 5% et 1% meilleurs de la population pour le caractère considéré.

La population de référence est composée d'animaux sélectionnés. Les moyennes des scores génomiques ne correspondent donc pas aux moyennes des index IBOVAL. La table ci-dessous, décrit pour chaque score génomique obtenu, la moyenne des index IBOVAL réels des animaux constituant la population de référence. La valeur la plus proche de 100 en IBOVAL est entourée en gris foncé. Cette moyenne raciale pour chaque caractère est représentée par un trait continu noir sur le diagramme en radar de chaque animal. Les animaux améliorateurs pour le caractère sont au-dessus du trait continu.

Score	IFNAIS	CRsev	DMsev	DSsev	FOSsev	AVel	ALait
1	90	94,6	89,2	91,8	89,3	89,4	93,8
2	93,5	98,2	94,2	96,7	93	96	96,8
3	95,5	100,4	96,5	98,8	94,7	98	97,9
4	96,7	101,6	98,4	100,7	96,2	99,7	99,1
5	97,8	102,9	100	102,4	97,3	101,3	99,9
6	98,6	103,8	101,4	104,5	98,6	102,1	100,7
7	100,2	105,2	103,2	105,8	99,9	103,7	101,8
8	101,3	106,3	104,9	107,8	100,8	105,2	102,9
9	102,8	107,7	107,3	109,7	102,8	106,8	104,4
10	104,5	109,4	110,3	112,7	104,4	108,5	106,1
10+	106,8	111,1	114,6	114,4	106,8	111,3	108,4
10++	113,1	114,1	121,8	119,7	109,6	115,6	111,4

Table de référence EVALIM®.

L'ajout d'animaux dans la population de référence ou des changements importants de l'index IBOVAL d'animaux de la population de référence peuvent modifier les scores génomiques. Ces apports et mises à jour permettent d'améliorer la fiabilité des tests. La base de référence utilisée est indiquée sur le profil génomique individuel de l'animal (actuellement INGX 2019). Elle comprend à ce jour plus de 17 600 animaux.

Le diagramme en bande illustre la prédiction génomique des 4 caractères décrivant la morphologie de la mamelle : distance plancher jarret, équilibre des quartiers, longueur et grosseur des trayons.

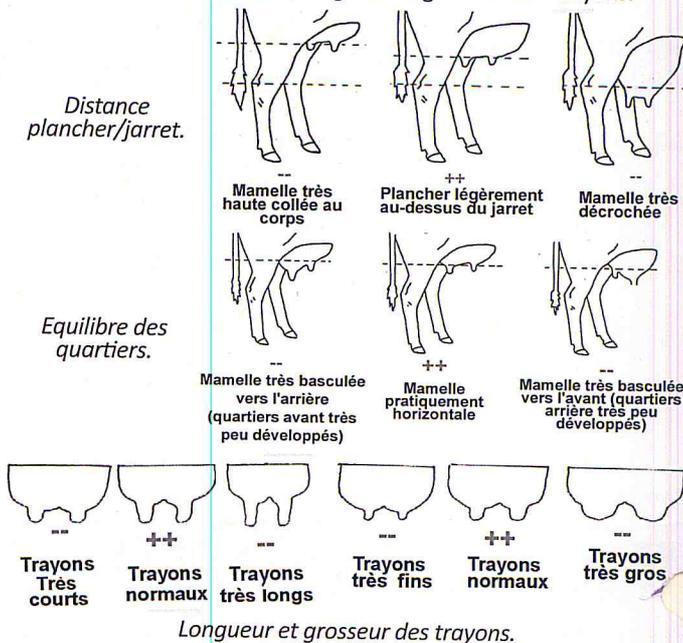


Illustration des scores modifiée à partir du guide de pointage de l'Institut de l'Elevage - février 2014.

IBOVAL GÉNOMIQUE

Les index IBOVAL génomiques, inclus dans le test EvaliM®, sont une synthèse de l'ascendance, des performances propres à l'animal et de l'analyse de son ADN. Cette synthèse donne une valeur génomique qui permet de gagner en précision, par rapport aux index IBOVAL classiques (environ +0.2 point de cd pour des animaux jeunes). Grâce à cette valeur génomique, une publication officielle d'index précoces est possible.

Les index IBOVAL génomique sont rendus soit en numérique, soit sous la forme de +++/---, ou encore d'étoiles (1 à 5 étoiles) selon l'âge (+/- 24 mois), la précision (valeur du cd) et l'existence de données collectées (ascendance et performances propres).

La publication des index IBOVAL génomiques officiels est effectuée deux fois par an par l'Institut de l'Elevage.

FILIATION ET RECHERCHE DE MUTATIONS

IngenomiX intègre au test EVALIM® la vérification de la compatibilité génétique entre l'animal analysé et ses parents déclarés, lorsque ce sont préalablement connus dans la base de données nationale de SIVP de filiations.

La recherche de mutations dans le gène de la myostatine (ou MH), responsable du phénotype « culard » est également réalisée en routine dans le cadre du test EVALIM®. Les animaux porteurs d'une de ces mutations sont susceptibles de transmettre le caractère « culard » à leur descendance.

Le test EVALIM® comprend la recherche du gène sans cornes. Les porteurs d'un allèle « polled » sont susceptibles de transmettre le phénotype « sans cornes » à leur descendance, mais seuls les porteurs homozygotes transmettront ce statut à l'ensemble de leurs descendants.

L'anomalie génétique du palais fendu est également recherchée.

Pour obtenir des résultats de filiation et d'indexation officiels, il est nécessaire de faire réaliser le prélèvement par un préleveur habilité technicien ou éleveur habilité auprès de son EDE. Le préleveur reste seul responsable de l'exactitude des informations d'identification associées à l'échantillon biologique envoyé à IngenomiX (nom, numéro d'identification, date de naissance, sexe...).

Pour des informations plus détaillées, merci de consulter notre site internet : www.ingenomix.fr