

Nom

Date de demande

Réf. commande

Profil génétique individuel

Base de référence **INGX-2017**

Nom animal N° animal Sexe (M/F) Date de naissance

Les échantillons biologiques ont été prélevés sous la responsabilité :

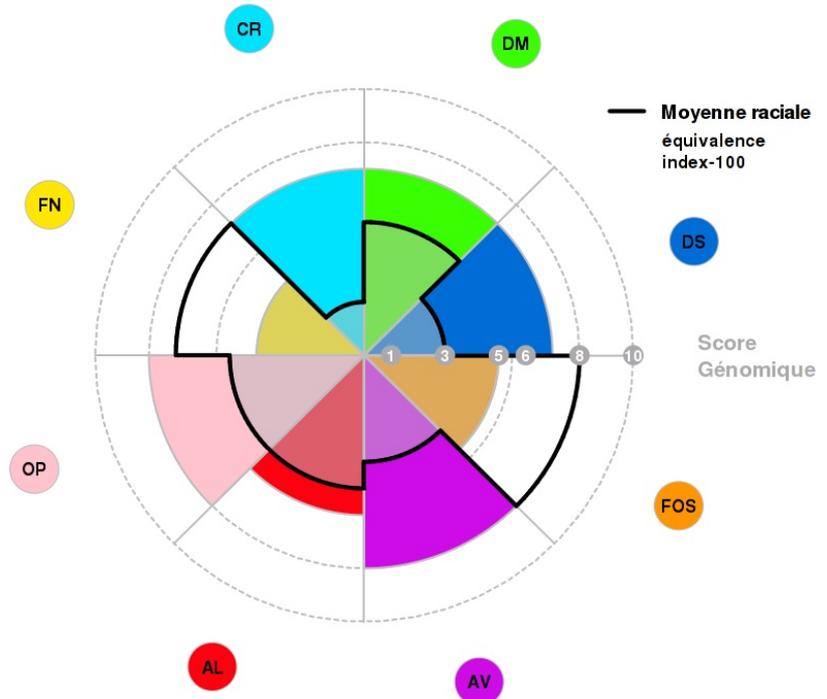
de l'éleveur ou du demandeur d'un technicien-préleveur habilité N° agrément

Père : FR8758730945 Mère : FR8758730286 Culard : non porteur

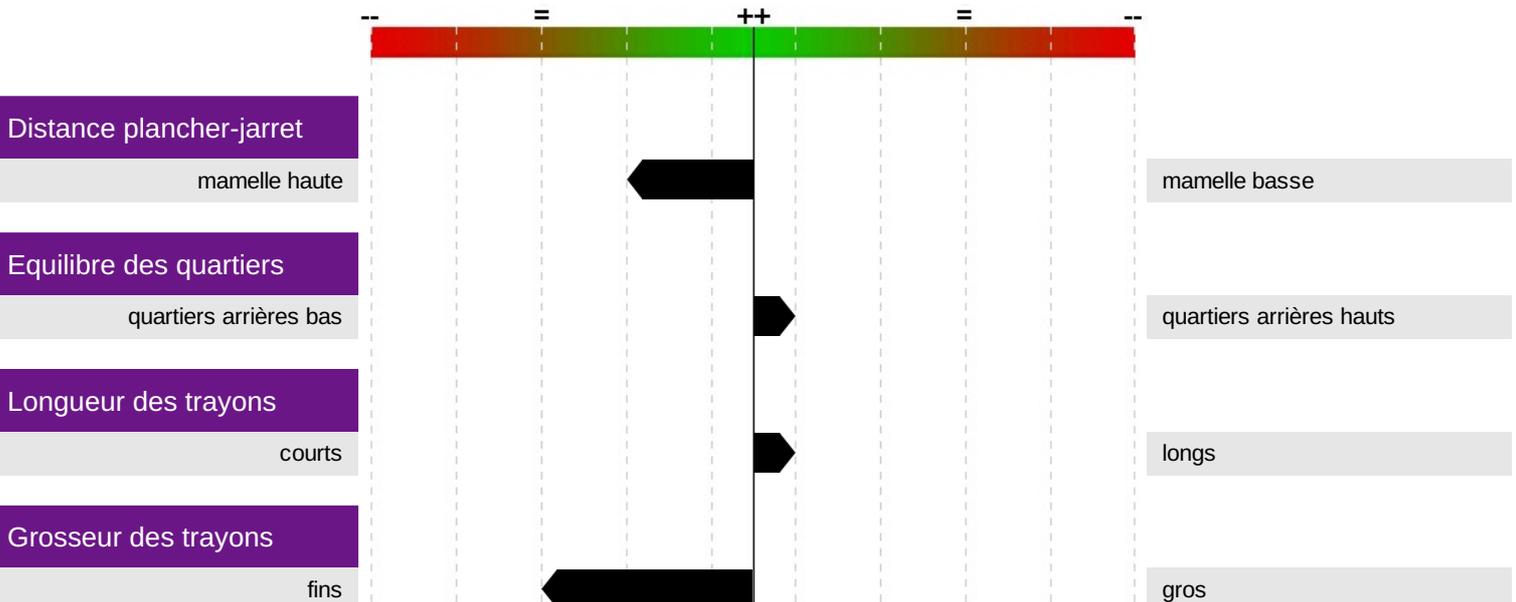
Compatible avec les 2 parents Sans corne : non testé

Score génomique
1 : non améliorateur
10 : excellent

Caractère	Score
Facilité de naissance (FN)	4
Potentiel de croissance (CR)	7
Dév. musculaire (DM)	7
Dév. squelettique (DS)	7
Finesse d'os (FOS)	5
Aptitude au vèlage (AV)	8
Aptitude à l'allaitement (AL)	6
Ouverture pelvienne (OP)	8



Morphologie de la mamelle



- AIDE À L'INTERPRÉTATION DES TESTS GÉNOMIQUES -

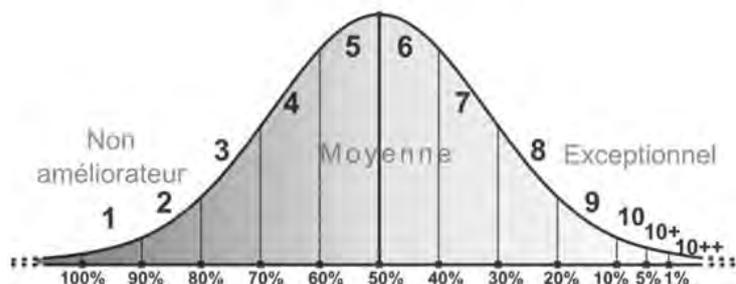
IngenomiX propose une gamme de tests génomiques d'aide à la sélection. Ces tests permettent de prédire le potentiel génomique d'un animal en analysant son ADN et en comparant le profil génomique ainsi obtenu à celui d'une population d'animaux de référence.

EVALIM® et EVALIM® MODULO

EVALIMÉ 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 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 noté de 1 à 10. Les animaux avec un score de 10 pour un caractère ont un profil similaire au 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 respectivement 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	90.4	95.9	89.1	93	88.9	89.5	93.8
2	94	99.2	94.4	97.5	92.8	95.8	96.7
3	95.4	101.1	96.7	99.8	94.6	98.1	98
4	96.4	102.4	98.7	101.4	95.8	99.7	98.9
5	97.5	103.5	100.2	103.4	97	100.9	99.8
6	98.4	104.6	101.7	105	97.9	102.1	100.5
7	99.5	105.7	103.3	106.3	99.5	103.7	101.5
8	100.9	106.7	105.1	108.2	100.4	104.8	102.4
9	102.5	107.9	107.7	110.7	101.9	106.7	103.9
10	104	109.4	110.9	112.9	103.9	108.4	105.7
10+	105.9	111.3	114.7	115.7	106.3	111.4	107.9
10++	108.8	113.6	122.9	120.3	109.4	115.2	111

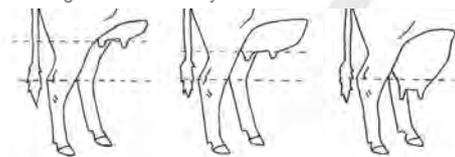
Table de référence EVALIM®

L'ajout d'animaux dans la population de référence, ou les changements importants de l'index IBOVAL d'animaux de la population de référence peuvent modifier les scores génomiques. Ces ajouts 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 2017). Elle comprend aujourd'hui 12 800 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 du pointage de l'institut de l'élevage. Février 2014

Distance plancher jarret



Mamelle très haute collée au corps

Plancher légèrement au-dessus du jarret

Mamelle très décrochée

Equilibre des quartiers

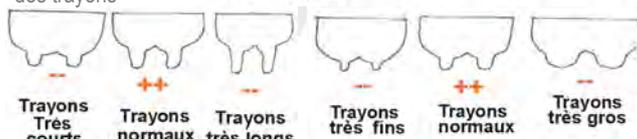


Mamelle très basculée vers l'arrière (quartiers avant très peu développés)

Mamelle pratiquement horizontale

Mamelle très basculée vers l'avant (quartiers arrière très peu développés)

Longueur et grosseur des trayons



Trayons Très courts

Trayons normaux

Trayons très longs

Trayons très fins

Trayons normaux

Trayons très gros

EVALIM® MODULO est une déclinaison modulable d'EVALIM® pour les femelles. Il est orienté "qualité maternelle" avec l'évaluation de l'ouverture pelvienne et la morphologie de la mamelle et permet de choisir spécifiquement deux caractères supplémentaires à évaluer. Il n'y a aucune différence dans la précision des résultats par rapport à EVALIM®.

FILIATION ET RECHERCHE DE MUTATIONS

IngenomiX intègre au test EVALIM® la vérification de la compatibilité génétique entre l'animal analysé et ses parents lorsque ceux-ci sont préalablement connus dans la base de données nationale de SNP de filiation. En l'absence de parents connus, il ne sera pas possible de réaliser ces analyses à moins que les prélèvements de poils des parents aient été reçus par IngenomiX et qu'un profil ADN ait été demandé.

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.

Enfin, il est possible de rechercher le statut sans corne des animaux. Les porteurs d'un allèle «polled» sont susceptibles de transmettre le phénotype «sans corne» à leur descendance, mais seuls les porteurs homozygotes transmettront ce statut à l'ensemble de leurs descendants.

Pour obtenir des résultats de filiation ou de recherche MH 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, n° d'identification, date de naissance, sexe...)

IBOVAL GÉNOMIQUE

Les index IBOVAL génomiques, sont une synthèse de l'ascendance, des performances propres de l'animal et de l'analyse de son ADN. Cette dernière, 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 génomiques 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'élevage.

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

Date d'édition du compte rendu : **27-11-2017**

Date de la commande : **02-10-2017**

Référence client ou N° d'élevage : **HBL**

Référence commande : **4181-1739**

HBL
Lanaud
87220 Boisseuil
France

INFORMATIONS SUR L'ANIMAL ANALYSÉ

N° d'identification : **8758731231**

Date de naissance : **20-02-2016**

Nom de l'animal : **MARQUIS**

Sexe de l'animal : **Mâle**

Référence d'analyse : **ING013558**

Date de réception du prélèvement : **10-10-2017**

N° Identification du père déclaré : **FR8758730945**

N° Identification de la mère déclarée : **FR8758730286**

INDEX PRÉCOCE DE LA VALEUR GÉNOMIQUE (ipvgenos 20171124)

		Valeur	CD	100
IFNAIS	Facilité de naissance	93	0.59	
CRsev	Potentiel de Croissance au sevrage	115	0.53	
DMsev	Développement musculaire au sevrage	107	0.48	
DSsev	Développement squelettique au sevrage	114	0.55	
FOSsev	Finesse d'os au sevrage	92	0.44	
ISEVR	Index synthétique au sevrage	113	0.52	
CONFjbf	Conformation de carcasse	+		
ICRCjbf	Synthèse poids carcasse/âge à l'abattage	119	0.34	
IABjbf	Synthèse d'Aptitude Bouchères en carcasse	+++		
AVEL	Aptitude au vêlage	++		
ALAIT	Aptitude à l'allaitement	=		
MERPsev	Indice maternelle sur le poids du veau au sevrage	116	0.37	
IVMAT	Index de la valeur maternelle au sevrage	117	0.39	

Les index IBOVAL génomiques sont calculés sous la responsabilité de l'INRA à partir d'une combinaison des valeurs d'ascendance, de leurs descendants, des performances propres de l'animal ainsi que d'une composante génomique. Ces index sont considérés comme OFFICIELS à partir du moment où ils sont publiés dans le SIG sous réserve du respect des différés de publications raciaux (24 mois pour les mâles, pas de différé pour les femelles).

LICENCE-INRA-ALLICE-RACES DE FRANCES -INSTITUT DE L'ELEVAGE-APIS-GENE

Date d'édition du compte rendu : **28/11/2017**

Date de la commande : **02/10/2017**

Référence client ou N° d'élevage : **HBL**

Référence commande : **4181**

HBL
Lanaud
87220 Boisseuil

INFORMATIONS SUR L'ANIMAL ANALYSÉ

N° d'identification : **FR8758731231**

Date de naissance : **20/02/2016**

Nom de l'animal : **MARQUIS**

Sexe de l'animal : **Mâle**

Référence d'analyse : **ING013558**

Espèce : **BOVIN**

Type racial déclaré par l'éleveur : **LIMOUSINE (34)**

Détenteur de l'animal au jour du prélèvement :

N° exploitation : **FR19262001**

Nom : **GAEC MARCAILLOUX N. ET ST.**

INFORMATIONS SUR LE PRÉLÈVEMENT ANALYSÉ

Date de réception du prélèvement : **16/10/2017**

Agent préleveur : **HELOISE VIDAMANT**

Nature du prélèvement : **poil**

Numéro d'agrément : **87A18**

ANALYSE DES MUTATIONS RESPONSABLES DU CARACTÈRE "CULARD"

Mutations testées dans le gène de la myostatine :

C313Y	E226X	E291X	F94L	NT419	NT821	Q204x	S105C	D182N
+/+	+/+	+/+	MH/MH	+/+	+/+	+/+	+/+	+/+

Conclusion : **+/+ Animal non porteur de mutation responsable du phénotype « culard ».**

Le responsable validation



M. Gaylord Auvray

Date d'édition du compte rendu : **28/11/2017**

Date de la commande : **02/10/2017**

Référence client ou N° d'élevage : **HBL**

Référence commande : **4181**

HBL
Lanaud
87220 Boisseuil

INFORMATIONS SUR L'ANIMAL ANALYSÉ

N° d'identification : **FR8758731231**

Date de naissance : **20/02/2016**

Nom de l'animal : **MARQUIS**

Sexe de l'animal : **Mâle**

Référence d'analyse : **ING013558**

Espèce : **BOVIN**

Type racial déclaré par l'éleveur : **LIMOUSINE (34)**

Détenteur de l'animal au jour du prélèvement :

N° exploitation : **FR19262001**

Nom : **GAEC MARCAILLOUX N. ET ST.**

INFORMATIONS SUR LE PRÉLÈVEMENT ANALYSÉ

Date de réception du prélèvement : **16/10/2017**

Agent préleveur : **HELOISE VIDAMANT**

Nature du prélèvement : **poil**

Numéro d'agrément : **87A18**

RÉSULTAT DE L'ANALYSE

Date de validation de l'analyse : **02/11/2017**

Technique d'analyse effectuée : **SNP**

Conclusion d'analyse

Identification génétique réalisée.

Ce résultat ne signifie pas que l'analyse pourra être utilisée pour certifier la parenté d'un bovin. Pour savoir si l'analyse est utilisable, contacter l'EdE

Le responsable validation



M. Gaylord Auvray