



POINT À DATE SUR LES GÈNES D'INTÉRÊT

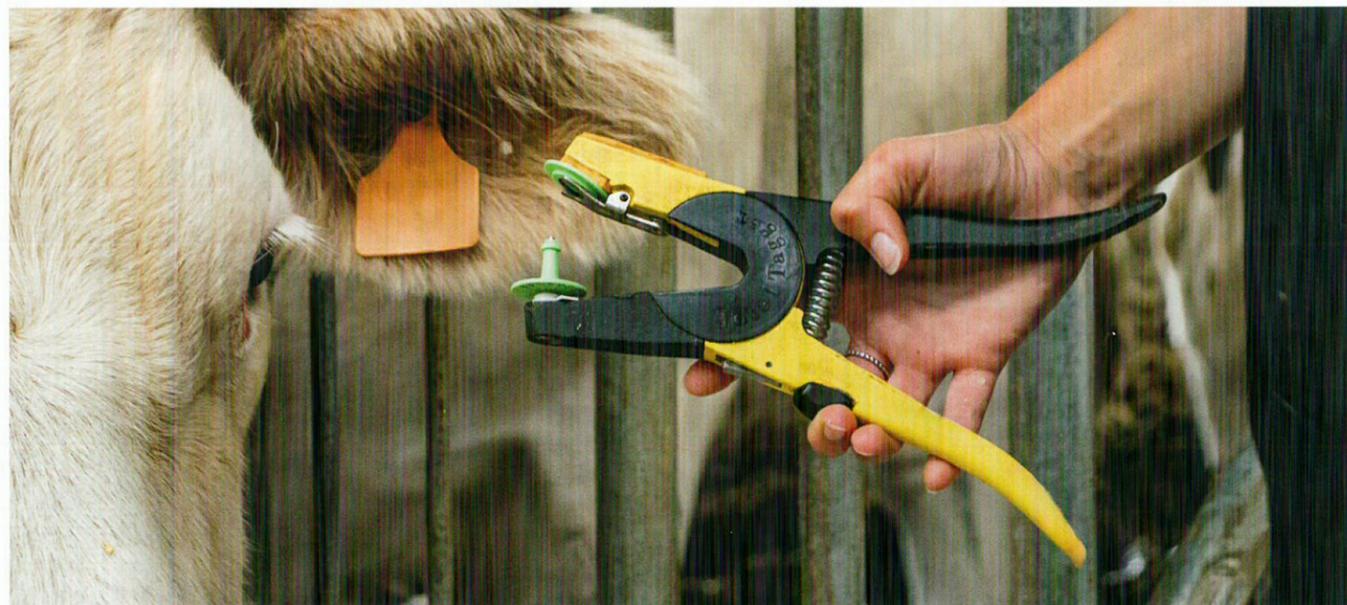
TESTÉS AU SERVICE ANALYSES DU HBC

En France sur une population de 2,5 millions de vaches allaitantes, environ 2% sont concernées par les anomalies génétiques à perte économique. Le critère de valorisation étant fixé à 1 000€ par animal mort ou non valorisé à sa juste valeur, cela représenterait donc environ 50 millions d'euros de pertes économiques annuelles pour les éleveurs français de la filière bovin viande. Des chiffres qui permettent de comprendre l'importance de la gestion des anomalies génétiques dans la productivité des élevages, et donc les enjeux liés à la gestion des accouplements au-delà de l'amélioration morphologique.

En moins de 10 ans, les analyses génétiques sont devenues un incontournable de l'amélioration de la productivité des élevages allaitants. Elles permettent à la fois :

- De gérer les anomalies génétiques dans le cheptel et de se prémunir des pertes économiques potentielles dues à l'émergence de ces anomalies.
- D'apporter une plus-value commerciale lors de la vente ainsi que des informations utiles et complètes aux acheteurs des animaux reproducteurs.

Le Service Analyses du HBC a été ouvert en 2016 à la suite de la mise à disposition de la technologie de génotypage en routine. Depuis lors, le service ne cesse d'évoluer en proposant de nouvelles offres, notamment des packs d'analyses, qui permettent de s'adapter aux besoins des adhérents et de leurs acheteurs de reproducteurs. Un premier bilan de l'activité avait été présenté début 2022 dans la revue Charolaise (numéro 248). Avec l'accroissement du nombre d'analyses réalisées par le service, nous avons réalisé un nouveau point à date sur l'évolution des anomalies génétiques et gènes d'intérêt dans la population d'animaux analysés par l'intermédiaire du HBC.



RAPPEL SUR LES GÈNES D'INTÉRÊT PROPOSÉS EN ANALYSE AU HERD BOOK CHAROLAIS

L'ataxie progressive en Charolais :

L'Ataxie est une maladie génétique de type neurodégénérative qui entraîne chez les individus atteints, vers l'âge de 8 à 24 mois, une faiblesse puis une ataxie (i.e. perte d'équilibre) sur les membres postérieurs. Les animaux croisent leurs pattes et vacillent du train arrière au début de la maladie. Par la suite, ces premiers symptômes évoluent vers une difficulté puis une incapacité totale et permanente à se lever et à se déplacer. Comme les symptômes se développent tardivement dans la vie de l'animal, l'Ataxie progressive du Charolais est l'une des anomalies génétiques des bovins les plus coûteuses pour les éleveurs.

L'Ataxie est liée à une mutation génétique récessive dont l'expression chez les individus sera

la suivante :

- Porteur homozygote (HM) : animal atteint, qui va développer la maladie entre 8 et 24 mois,
- Porteurs hétérozygote (HT) : animal non malade mais qui va transmettre la mutation responsable de la maladie à sa descendance,

Par exemple, pour un accouplement entre deux animaux porteurs hétérozygotes il y a 25% de chances d'obtenir un produit malade homozygote, 50% de chances d'obtenir un produit non malade mais porteur, 25% de chances d'obtenir un produit sain non porteur.

- Non porteur (NP) : animal sain, sans transmission à la descendance.

Le phénotype Sans Cornes (« Polled Celtic »)

Le phénotype "Sans Cornes" est lié à une mutation génétique dominante dont l'expression se caractérise par l'absence totale de cornes à la naissance.

- Porteur homozygote : animal sans cornes qui donne 100% de produits sans cornes,

- Porteur hétérozygote : animal sans cornes,
 - * Si accouplé avec un autre animal hétérozygote : 25% de chances d'obtenir un produit sans cornes homozygote, 50% de chances d'obtenir un produit sans cornes hétérozygote, 25% de chances d'obtenir un produit cornu.

- Non porteur : animal cornu.

Le phénotype « culard » (MH et MH BEEF)

Chez les bovins, le gène de la myostatine est touché par différentes mutations qui peuvent s'exprimer par une hypertrophie musculaire chez les animaux porteurs.

Pour la race Charolaise, les deux variants (allèles) les plus courants sont le MH (Q204X) et le MH BEEF (F94L). Ils se définissent par une expression phénotypique similaire, mais d'intensité différente. Il existe six combinaisons possibles de ces deux variants :

- Les animaux MH/MH ou MH BEEF/MH BEEF ou MH/MH BEEF sont des animaux très viandés avec hypertrophie musculaire et de la finesse. Ils ont parfois des performances de naissance et qualités maternelles moins bonnes, en parti-

culier pour les porteurs homozygotes de l'allèle MH. Ces animaux ont 100% de chances de transmettre l'un des deux allèles à leurs produits.

- Les animaux MH/+ ou MH BEEF/+ sont en général assez viandés, mais sans exprimer une hypertrophie musculaire. Ils transmettent l'allèle à leurs produits avec une probabilité de 50%.

- Les animaux non porteurs +/+ sont en général moins viandés mais possèdent probablement d'autres qualités sur les autres performances (naissance, qualités maternelles).

Pour plus de détails sur le gène culard et son expression, voir article dédié dans le numéro 241 de novembre 2020 de la revue charolaise.



LE RÔLE DE L'ONAB : SURVEILLER LES NOUVELLES ÉMERGENCES

L'Observatoire National des Anomalies Bovines (ONAB) a été créé sous l'instance du Ministère de l'Agriculture et regroupe différents acteurs de la filière bovine (INRAE, Idèle, Races de France, groupements de vétérinaires, Ecoles Vétérinaires, Allice, FCEL) afin de coordonner l'observation des émergences d'anomalies génétiques au niveau national. Ses missions sont :

- D'anticiper la création d'outils de sélection permettant de détecter les anomalies (trouver la « région » de l'ADN responsable des phénotypes malades)
- D'accompagner les structures vers la contre sélection des anomalies déjà diffusées dans les populations ou anomalies « récentes » avant leur développement dans les races.

Le travail de l'ONAB est réalisé à partir d'un processus d'hérédo-surveillance qui, grâce au regroupement des différents cas d'anomalies déclarées par les éleveurs ou techniciens d'organismes intervenant dans les élevages, met en évidence de potentielles nouvelles émergences. Les nouveaux cas d'anomalies génétiques sont ensuite étudiés par les équipes de recherche de l'INRAE en lien avec les Organismes de Sélection (OS).

Si vous constatez une anomalie chez vos animaux, il est possible que l'origine soit génétique et non environnementale.

Adoptez le bon réflexe, déclarez ! N'hésitez pas à parler à votre technicien ou votre vétérinaire qui vous guidera dans la marche à suivre (contacts, démarches de déclaration).

Pour de plus amples informations sur le rôle de l'ONAB et son fonctionnement, vous pouvez consulter le site web de l'ONAB : www.onab.fr

Depuis 2023, l'ONAB a également mis en place de courtes présentations à destination des techniciens, déclarants de terrain et éleveurs intéressés. N'hésitez pas à vous inscrire aux eCaféTechniques de l'ONAB en envoyant une demande à contact.onab@inrae.fr.

ÉVOLUTION DE L'OFFRE HBC : RÉPONDRE AUX BESOINS DE NOS ÉLEVEURS

Depuis son ouverture le service analyses du HBC n'a cessé d'évoluer en proposant avec son laboratoire partenaire de nouvelles offres qui, combinées à des tarifs compétitifs, permettent de s'adapter aux besoins des adhérents et de leurs acheteurs de reproducteurs.

Aujourd'hui, les offres du service se déclinent avec :

- Le maintien d'une analyse Ataxie seule, rapide, afin d'aider les troupeaux à qualifier le statut de leurs reproducteurs et des jeunes mâles à vendre (atout commercial).
- La mise en place de packs d'analyses, combinant le test des gènes d'intérêt, la référence SNP et la Vérification de Compatibilité Génétique avec les parents (VCG). Ce pack est en lien direct avec l'évolution des règles de Certification de

Parenté Bovine (CPB), qui impose, depuis la campagne de naissance 2021, pour les mâles reproducteurs de disposer d'une analyse VCG compatible (à minima) avec leur père.

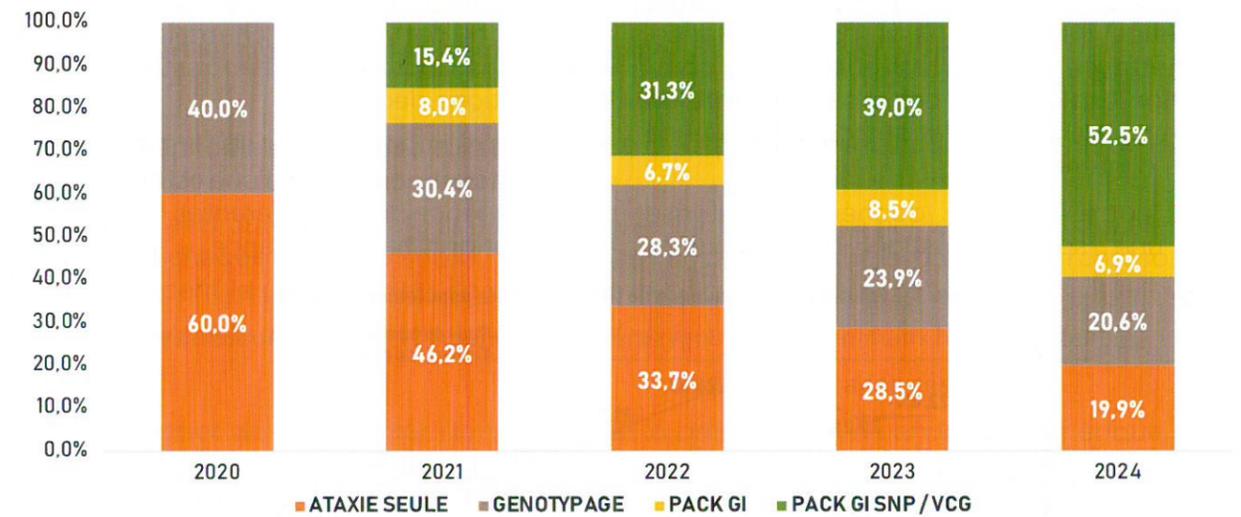
- L'accès au génotypage pour tous les éleveurs HBC.

Depuis 2020, les effectifs d'animaux passant par le service analyses du HBC sont en nette progression, avec 25% à 30% d'augmentation par an en moyenne sur les 4 dernières années. 2024 confirme cette évolution, avec un nombre de commandes enregistrées, sur l'année en cours, dépassant déjà le total des analyses commandées et réalisées depuis le 1^{er} janvier 2023. Cette forte dynamique est liée aux offres et aux tarifs proposés par le HBC en partenariat avec le laboratoire prestataire : ils sont adaptés à la demande des éleveurs et aux évolutions sur le



terrain. Par exemple, le pack de test gènes d'intérêt associé aux SNP et au test de VCG, est particulièrement utilisé sur les mâles futurs reproducteurs, permettant de respecter les nouvelles règles de la CPB pour les taureaux.

Figure 1 : Profil des types d'analyses réalisées par le Service HBC sur les années de commande 2020 à 2024 (post lancement des offres packs « Gènes d'intérêt »)



Les offres deviennent également attractives pour les femelles : leur part a également doublé en l'espace de 4 ans et représente désormais 15% des analyses réalisées au HBC entre 2020 et 2024. Ceci marque un changement dans les habitudes des éleveurs faisant appel à nos services : en plus de connaître le statut pour l'achat et la vente des reproducteurs mâles, ces cheptels commencent à caractériser leurs femelles (figures 2 A et B). C'est un atout essentiel pour la gestion des accouplements à venir.

Figure 2 A. Part de mâles et femelles par année de commande

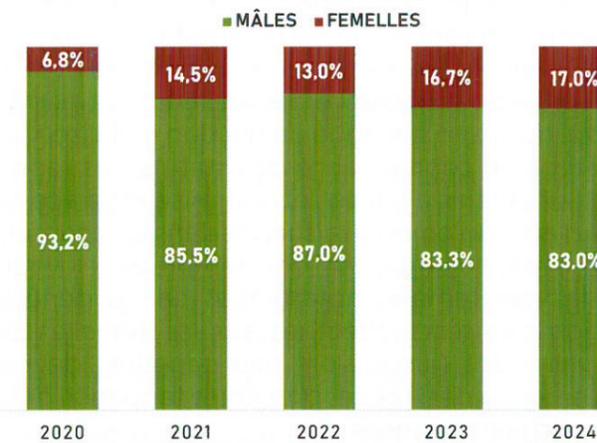
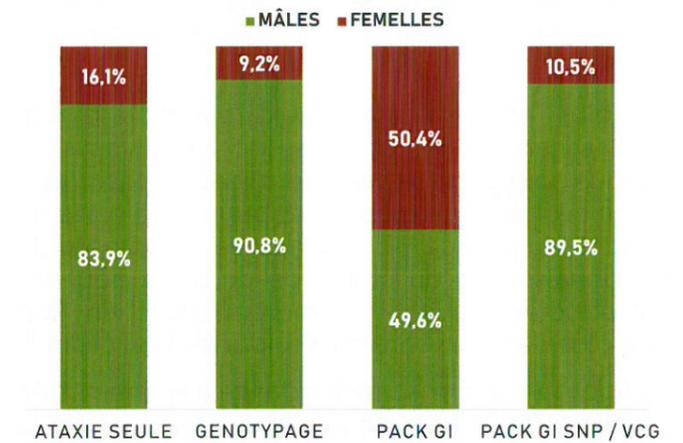


Figure 2 B. Part de mâles et femelles par type de commande





BILAN DES FRÉQUENCES DES GÈNES D'INTÉRÊT DEPUIS L'OUVERTURE DU SERVICE

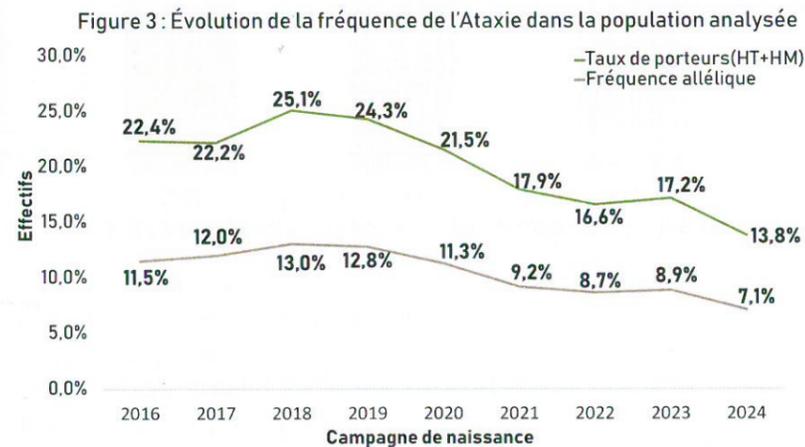
La population d'animaux Charolais testée par l'intermédiaire du service analyses HBC pour lesquelles nous disposons à présent de statuts sur les gènes d'intérêt croît d'année en année. Une fois nettoyée des résultats aberrants, incomplets ou non exploitables, cette base permet de réaliser de nouvelles estimations de la fréquence des gènes d'intérêt.

Toutefois, notre base de données caractérise toujours une sous-population d'animaux du

programme de sélection Charolais France : ce sont principalement des animaux nés et appartenant à des adhérents HBC, clients du service pour tout ou partie de leur cheptel. C'est pourquoi il faut sans doute à nouveau rester prudent sur les évolutions décrites.

À l'avenir, plus cette base de données sera grande et plus on se rapprochera d'une estimation précise de la fréquence de ces différentes mutations dans la population Charolais France.

L'ATAXIE



Au niveau du service HBC depuis 2016, les animaux testés pour l'Ataxie sont principalement des mâles nés entre 1997 et 2024. Les femelles représentent quant à elles environ 14% des analyses.

De plus en plus d'animaux, particulièrement sur les campagnes de naissance récentes sont connus pour ce gène dans notre base de données. Cette évolution s'explique par le gain de parts de marché du service HBC et la prise en compte de la connaissance du statut de ce gène pour les reproducteurs avant commercialisation en tant que plus-value et garanties apportées au client.

La figure 3 confirme une tendance à la diminution régulière de la fréquence des porteurs et de la fréquence allélique de l'Ataxie dans la population étudiée. Cette fréquence de l'allèle délétère responsable de l'Ataxie passerait même en dessous des 10% pour les campagnes de naissance récentes. Les tests étant réalisés principalement sur des animaux jeunes, cette évolution suggère

une utilisation moindre de reproducteurs porteurs de la mutation dans les accouplements. Ce constat marque une évolution très positive pour la gestion raisonnée de cette mutation au sein de l'OS Charolais France. En effet, la communication et la prise de conscience des éleveurs ont permis d'appliquer une politique de gestion maîtrisée qui passe par la connaissance des statuts des reproducteurs mâles à l'achat et à la mise en place de plan d'accouplements raisonnés dans les cheptels. Le travail engagé par de nombreux éleveurs sur la voie femelle, notamment par la généralisation des tests effectués sur les femelles de nouvellement (jusqu'alors peu connues) devrait également aider à accentuer cette tendance dans les prochaines années.

Progressivement, la fréquence allélique devrait diminuer dans les nouvelles générations jusqu'à atteindre un seuil où le risque de faire naître des individus atteints (porteurs homozygotes de la mutation) devienne très faible.



TAUX DE PORTEURS ET FRÉQUENCE ALLÉLIQUES : RAPPEL SUR LE CALCUL

Le taux de porteurs représente la somme des porteurs hétérozygotes et porteurs homozygotes, divisé par le nombre d'animaux connus pour le gène étudié

$$\text{taux de porteurs (gène X)} = \frac{\text{nb animaux hétérozygote} + \text{nb animaux homozygotes}}{\text{nb animaux analysés}}$$

Ce chiffre permet de se représenter la probabilité d'obtenir un animal porteur quand on demande une analyse.

La fréquence allélique représente le nombre d'allèles mutés divisé par le nombre d'allèles totaux (sachant que chaque animal dispose de 2 allèles car présents sur la paire de chromosomes sur lequel est présent le gène étudié), ce qui donne le calcul suivant :

$$\text{fréquence allélique (gène X)} = \frac{1 * \text{nb animaux hétérozygote} + 2 * \text{nb animaux homozygotes}}{2 * \text{nb animaux analysés}}$$

Ce chiffre permet de représenter de façon juste la présence d'une anomalie génétique ou d'un gène d'intérêt dans une population d'étude. Dans les articles d'étude des populations, c'est souvent ce chiffre qui est utilisé pour suivre l'évolution de la fréquence d'un allèle.

LA POSITION DE L'OS CHAROLAIS FRANCE DANS LA GESTION DES ANOMALIES GÉNÉTIQUES

Aujourd'hui il existe plusieurs anomalies génétiques et gènes d'intérêts qui ont été identifiés dans la race Charolaise (Ataxie, Blind, DEA, Mh, Mh BEEF, Sans cornes...). Il ne serait pas possible, ni efficace pour la race d'envisager de gérer toutes ces mutations d'intérêt ou délétères de la même manière.

De toutes les anomalies génétiques, l'Ataxie est l'anomalie qui génère le plus de pertes économiques. C'est pourquoi l'OS Charolais France s'est concentré sur celle-ci : la fréquence de l'Ataxie était tellement importante dans notre race qu'il était urgent d'identifier les animaux porteurs et faire baisser la pression de cette maladie sur les cheptels. En revanche pour la DEA (animaux sans poils et sans dents) par exemple, beaucoup moins fréquente, il existe un fort rapport de causalité avec la consanguinité dans une même lignée. En accouplant des animaux non apparentés (même sans connaître les statuts), il est assez facile d'en réguler l'émergence.

Au niveau de la race, il n'est pas possible non plus d'éradiquer toutes les anomalies. En effet

d'un point de vue économique, cela représenterait beaucoup trop d'animaux reproducteurs à éliminer. D'autre part, un animal porteur hétérozygote d'une anomalie génétique peut transmettre d'autres qualités ou particularités génétiques intéressantes. Enfin, éradiquer tous les porteurs hétérozygotes reviendrait à supprimer drastiquement la diversité génétique de la race Charolaise, et risquer de faire émerger de nouvelles anomalies récessives, qui ne seraient pas encore connues. L'expérience dans d'autres grandes races bovines montre qu'il est essentiel de préserver cette diversité génétique.

Ainsi, l'OS Charolais France fait le choix d'une gestion permettant de maîtriser la pression des anomalies et de suivre la fréquence des gènes d'intérêt dans sa population. Pour l'Ataxie en particulier mais également pour tous les gènes d'intérêt, l'enjeu est d'informer les éleveurs sur l'importance de connaître le statut de leurs animaux afin de stopper la diffusion des mâles homozygotes porteurs de cette mutation. Cela passe aussi par des recommandations et un accompagnement dans la mise en place d'une



gestion dans leurs choix d'accouplements afin d'éviter les naissances d'animaux atteints qui mènent inéluctablement à des pertes économiques.

LES MUTATIONS MH et MH BEEF

Le phénotype culard chez le bovin est lié à plusieurs mutations du gène de la myostatine (cf. RAPPEL P.15). En race Charolaise, deux de ces mutations sont testées et suivies par les éleveurs:

- Le variant Mh (allèle Q204X) qui donne le phénotype Culard propre au Charolais
- Et seulement depuis 2020 en routine au service HBC, le variant MhBEEF (allèle F94L).

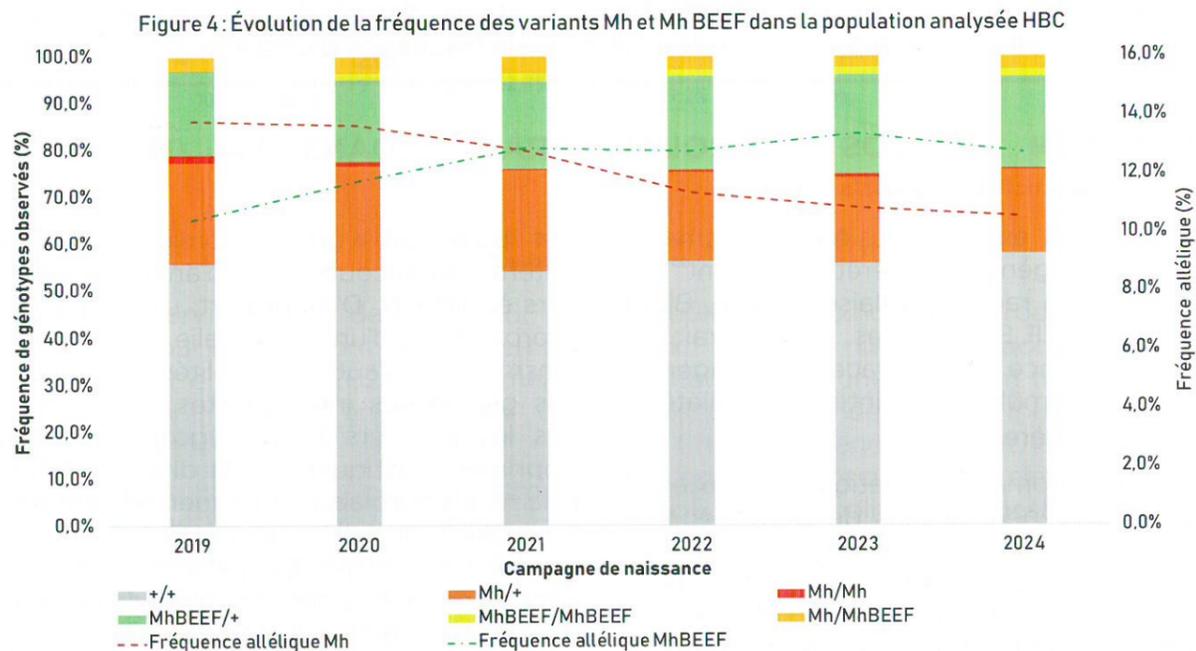
Depuis 2016, la base de données des analyses HBC compte :

- 80% des animaux connus pour les deux variants,

- 20% des animaux connus seulement pour le variant MH.

Comme ces deux variants touchent le même gène, ils ne sont pas indépendants l'un de l'autre : un porteur homozygote d'un variant est forcément non porteur de l'autre variant. Il est donc nécessaire d'analyser leur fréquence conjointement.

Compte tenu des effectifs disponibles aujourd'hui, nous avons choisi d'analyser les fréquences uniquement sur les animaux dont le résultat est connu pour les deux variants.



Le test conjoint des deux variants étant plus récent dans le service proposé par le HBC, les animaux pour lesquels un statut est connu pour les deux variants sont essentiellement nés dans les 5 à 6 dernières campagnes de naissance. Les deux variants sont présents dans des proportions quasi équivalentes dans notre échantillon. Les fréquences alléliques sont relativement stables sur les campagnes de naissances de 2019 à 2024 avec en moyenne 12% de fréquence pour chacune des deux mutations (figure 4).

La présence du variant Mh BEEF à ce niveau dans la population, alors qu'il n'est testé en sélection que depuis quelques années, confirme une sélection implicite réalisée par les éleveurs grâce à la morphologie de leurs animaux.

En effet, le variant Mh BEEF (cf. numéro 241 de novembre 2020 de la revue charolaise) exprime chez les animaux porteurs des caractéristiques visibles intéressantes pour les éleveurs : naissances classiques sans difficultés particulières, puis crois-



sance et morphologie supérieures par rapport à d'autres animaux « moins viandés » probablement non porteurs. Sans avoir l'information du statut de leurs animaux, les éleveurs ont sélectionné tout aussi intensément le variant Mh BEEF que le variant Mh. Ce dernier est même parfois contre sélectionné dans certains troupeaux afin d'éviter les complications au vêlage. Depuis la campagne

2021, la fréquence allélique du variant Mh semble tendre à une diminution et passe en dessous de la fréquence allélique du variant MhBEEF. Il sera intéressant dans les prochaines années de surveiller cette dynamique d'équilibre entre les deux variants, avec notamment un élargissement de la base d'observation.

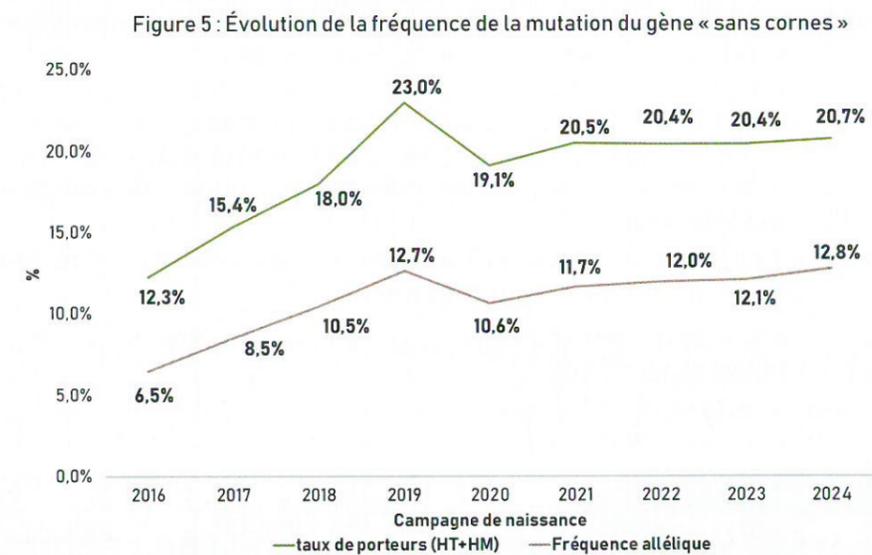
LE SANS CORNES

Du fait de l'expression dominante de la mutation responsable du Sans Cornes, et avant la mise à disposition des packs 4 gènes, les demandes d'analyses sur ces animaux étaient souvent réalisées pour confirmer le statut de l'animal avec un phénotype « sans cornes » (homozygote ou hétérozygote), induisant ainsi un biais dans les fréquences observées sur notre base de données.

Toutefois, depuis la dernière étude, le test de la mutation sans cornes est réalisé systématiquement sur tous les animaux (même cornus), pour lequel l'éleveur demande un pack 4 gènes ou un génotypage. Ainsi, les fréquences représentées pour les campagnes de naissance récentes (après 2019) sont probablement plus représentatives de la population charolaise (figure 5).

Sur les analyses réalisées depuis 2016 par les cheptels faisant appel au service HBC, le taux de porteurs (homozygotes ou hétérozygotes) de la mutation sans cornes « Polled celtic » est de 19,6% et la fréquence allélique de 11,5%. Cette fréquence semble être en légère progression sur les dernières campagnes de naissance.

Le taux de porteurs homozygotes de la mutation du gène sans cornes est en moyenne de 3,4% dans notre population d'animaux analysés. Il a tendance à légèrement progresser sur les campagnes de naissance les plus récentes, indiquant probablement des choix d'accouplements plus fréquents entre porteurs hétérozygotes.





EN CONCLUSION

Les sélectionneurs diffusent le progrès génétique, mais aussi les gènes d'intérêts et anomalies pour lesquels leurs animaux sont porteurs. Il est important de bien en mesurer les conséquences possibles et de proposer aux acheteurs des reproducteurs de qualité, tant au niveau des performances qu'au niveau de leurs statuts génétiques.

En cela, le travail mené par Charolais France et le HBC pour rendre accessibles et rentables au plus grand nombre les analyses génétiques et le génotypage permet à chaque éleveur d'atteindre cet objectif : connaître le statut des animaux, affiner sa sélection, et proposer aux acheteurs

des animaux qui correspondent à leurs orientations.

La base de données s'agrandit peu à peu mais reste un échantillon de la population globale du programme de sélection Charolais France. Elle ne représente qu'une échelle de temps assez réduite par rapport à sélection génétique. Si l'on distingue des tendances rassurantes pour le travail de gestion de ces gènes d'intérêt, il faut poursuivre le suivi dans les années à venir. Les travaux du HBC se tournent également vers le développement d'outils plus adaptés de gestion des gènes d'intérêt au sein de chaque cheptel.

LES CONSEILS DU HBC

- Utilisez de préférence des taureaux dont vous connaissez le statut. Qu'il soit porteur ou non porteur, il faut connaître le statut pour faire les bons accouplements.
- N'utilisez pas de porteurs homozygotes d'anomalies génétiques :
 - * Diffusion très forte dans le cheptel : 100% de la descendance sera porteuse.
 - * Risques de produits malades (morbidity ou mortalité)
 - * Synonyme de consanguinité
- N'écartez pas systématiquement un reproducteur porteur hétérozygote qui pourrait être améliorateur sur d'autres critères. La gestion des anomalies ne doit pas se faire :
 - * Au détriment des bonnes performances du cheptel. Il ne faut pas aller trop vite dans l'élimination des anomalies car les pertes dues à une contre sélection entraîneraient des pertes de performances du cheptel pouvant être tout aussi importantes.
 - * Au détriment de la variabilité génétique de la race. Éliminer tous les porteurs d'une anomalie telle que l'ataxie reviendrait à réformer 20 à 30% des animaux. C'est une mesure économiquement impossible, et très risquée car synonyme d'une augmentation de la consanguinité et donc d'une éventuelle émergence d'autres anomalies génétiques, qui pourraient entraîner des conséquences tout aussi graves.

→ Dans le cas d'une utilisation d'un animal hétérozygote, il est préférable de connaître aussi le statut des femelles afin de gérer les accouplements.
- Demander conseil à votre technicien qui vous guidera vers l'analyse la plus appropriée en fonction de vos objectifs et besoins.
- Profitez des offres du service HBC.



PAROLE D'ÉLEVEUR

L'ANALYSE DES MÂLES ET DES FEMELLES POUR
DES ACCOUPLEMENTS RAISONNÉS

NICOLAS ET FRANCK DUFOUR - GAEC DUFOUR, MEILLARD (03)



En polyculture élevage, les 2 associés du GAEC Dufour élèvent 140 vaches Charolaises inscrites. Franck Dufour s'est installé en 1997, rejoint par son frère Nicolas en 2002. Ils adhèrent à Bovins Croissance en 2001, puis en 2018 ils rejoignent le HBC et commencent l'inscription. Leur sélection comprend une partie avec une orientation sur des profils vêlage facile du 1^{er} janvier à fin mars. Une seconde partie est quant à elle plus orientée sur le sans cornes, associé aux qualités maternelles et à l'aptitude au vêlage.

Le Gaec Dufour vend une petite trentaine de reproducteurs par an essentiellement en monte naturelle, ainsi qu'une vingtaine issues d'insémination artificielle.

Nous les avons interrogés sur leur utilisation des analyses génétiques pour leur sélection, une pratique déjà bien établie dans le GAEC. Nicolas Dufour nous explique : « Nous analysons les mâles que nous pensons garder pour la reproduction, quand ils ont à peu près quatre mois, lors de la pesée à 120j. Sur les mâles nous recherchons en premier lieu l'Ataxie, ensuite le gène sans cornes pour détecter d'éventuels porteurs homozygotes, puis les gènes culards (F94L et Q204X) pour valoriser ces informations dans un but commercial, car nous avons certains clients qui nous le demandent, même si ce n'est pas systématique. Nous analysons également quasiment toutes nos femelles pour pouvoir travailler sereinement nos accouplements, sans prendre le risque de faire naître des homozygotes porteurs d'Ataxie. Il peut nous arriver d'utiliser quelques doses de taureaux hétérozygotes porteurs de l'Ataxie : des taureaux qui présentent des intérêts qu'on ne trouve pas partout aujourd'hui. De nos jours, on constate que certaines lignées porteuses Ataxie sont très productives, il ne faut pas systématiquement les abandonner sous peine d'impacter la diversité génétique dans la race. »

Les 2 associés ont choisi de travailler la variabilité génétique autant que possible, en parvenant à maîtriser la transmission du gène de l'Ataxie par la connaissance du statut des femelles, un choix

mûrement réfléchi. Franck Dufour nous confie : « Nous avons un panel d'animaux sains d'Ataxie, qui correspondent à une certaine demande de nos clients, mais ce n'est pas une exigence pour l'ensemble de notre clientèle. Nous avons également quelques hétérozygotes porteurs d'Ataxie, que nous avons décidé de conserver sur des choix bien précis pour la reproduction. Quand les gens arrivent dans la cour de la ferme, en fonction de leur demande, nous savons quelle offre nous pouvons leur faire en toute connaissance du statut de chaque animal et en cohérence avec leurs critères de choix. La connaissance du statut des animaux nous permet d'apporter une garantie au client sur l'aspect génétique, en terme de transmission ou pas de cette anomalie qu'est l'Ataxie. Si le reproducteur est sain il n'y a aucun risque pour l'éleveur. S'il est hétérozygote, mieux vaudra connaître le statut des femelles pour sécuriser les futurs accouplements. »





PLANS D'ACCOUPEMENT : COMMENT BIEN RAISONNER LA REPRODUCTION DE SON TROUPEAU ?

Les plans d'accouplement sont un élément essentiel de la gestion d'un élevage. Ils permettent de corriger et d'améliorer des caractéristiques génétiques des animaux dans le but d'obtenir une production en adéquation avec les objectifs de l'éleveur (docilité, morphologie, qualité maternelles, ...). Petit rappel sur les principales étapes à suivre pour mener à bien la reproduction de vos animaux.

MINIMISER LA CONSANGUINITÉ AU SEIN DES TROUPEAUX.

La consanguinité se produit lors de l'accouplement d'animaux partageant un ancêtre commun. Elle peut entraîner une augmentation du risque d'apparition d'anomalies récessives, donc de maladies héréditaires et de problèmes de santé. Minimiser la consanguinité au sein des troupeaux permet également de conserver une diversité génétique suffisante dont l'intérêt est de faciliter l'adaptabilité de la race au fil du temps.

La consanguinité d'un produit à naître est calculable à partir des généalogies. **La méthode de calcul de la consanguinité est disponible dans la revue n°257 de mars 2024, en page 21.**

En pratique, on considère qu'une consanguinité de 1,56% reste acceptable, au-delà, le risque d'apparition d'anomalies génétiques s'élève rapidement. À titre d'exemple, un accouplement père/fille ou frère/sœur engendre une consanguinité de 25%.

UNE APPROCHE « LIGNÉE » AVEC DES OBJECTIFS SUR LE LONG TERME.

Avant de construire un plan d'accouplement, l'éleveur définit le ou les critères qu'il souhaite corriger sur son troupeau. Avec une approche par lignée femelle, il peut identifier et prioriser les caractères indésirables, et choisir des taureaux adaptés pour améliorer la lignée dans son ensemble et de manière durable.

Cette approche nécessite une gestion et un maintien des objectifs de sélection sur le long terme pour obtenir des résultats significatifs. « Lorsque l'on souhaite améliorer un facteur, on doit garder cet objectif sur au moins 3 générations pour réussir à le fixer avant de pouvoir en déterminer un nouveau » affirme François Robergeot, Expert Racial du HBC.

LES ÉTAPES AVANT LA RÉALISATION DU PLAN D'ACCOUPEMENT.

Avant de procéder à un accouplement ou d'utiliser de nouvelles origines, il est primordial de mener une analyse approfondie de la généalogie des animaux concernés en :

- Vérifiant que les animaux n'aient pas d'ancêtres communs (au moins dans les premières générations).
- Identifiant les caractères génétiques souhaitables ou indésirables, en lien avec les objectifs de production de l'éleveur.
- S'assurant du statut génétique des taureaux pour limiter l'apparition d'anomalies.



OBSERVATIONS ET OUTILS À MOBILISER

Une connaissance approfondie du troupeau par l'identification des défauts de chaque individu et la compréhension des corrections à appliquer est essentielle pour réaliser efficacement les accouplements et répondre aux objectifs fixés. Pour cela, plusieurs outils peuvent être mobilisés :

- Le pointage qui peut fournir une information directe à partir des observations réalisées.
- L'indexation polygénique et génomique pour repérer des défauts non visibles à l'œil nu.
- Les pedigrees et gènes d'intérêt pour identifier les anomalies génétiques.
- Les outils innovants comme éCow qui propose des indicateurs du potentiel de production des vaches au sein d'une même famille.

La réussite des plans d'accouplement résulte de la combinaison d'observations, d'analyses génétiques et de planification stratégique à long terme. En utilisant ces méthodes, les éleveurs peuvent atteindre efficacement et durablement leurs objectifs de production.

La formation « Les fondamentaux de la race - Observer ses animaux », proposée une première fois en mai 2024, allie la transmission des savoirs de nos experts raciaux à l'utilisation des outils d'aide à la sélection proposés par le HBC. Destinées à l'ensemble des adhérents qui le souhaitent, cette formation sera prochainement reconduite.

Pour vous inscrire sur liste d'attente pour la prochaine session, merci d'envoyer votre demande par mail à ddubouis@charolaise.fr. Pour plus d'informations, n'hésitez pas à consulter notre article complet dans la revue n°258 de juillet 2024, pages 8 à 10 ou à contacter votre technicien.

Plus de détails sur les plans d'accouplement disponibles dans la revue n°257 de mars 2024, pages 20 à 23.

