

**Perfil genético individual**

Base de referência INGX-2017

Nome do animal  N° do animal  Sexo (M/F)  Data de nascimento

As amostras biológicas foram recolhidas sob a responsabilidade :

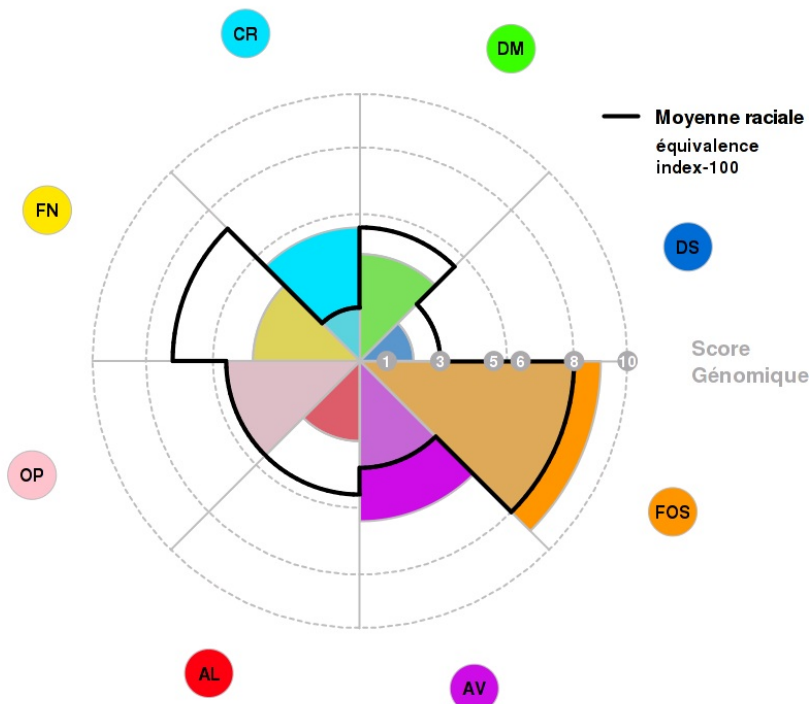
do criador ou solicitante  de um técnico habilitado N° aprovação

Pai : Mãe : Culard : non porteur  
Sem cornos : non porteur

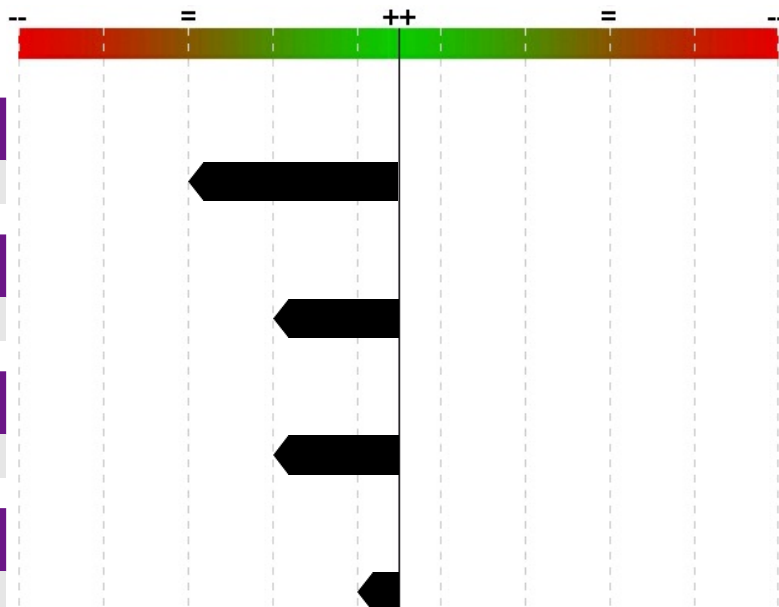
**Carater** **Score génomique**

1 : não melhorador  
10 : excelente

Facilidade de partos (FN)	4
Potencial de crescimento (CR)	5
Desenv. muscular (DM)	4
Desenv. esquelético (DE)	2
Fineza de osso (FOS)	9
Aptidão ao parto (AV)	6
Aptidão ao aleitamento (AL)	3
Abertura Pélvica (AP)	5



**Morfologia da glândula mamária**



Distância ao jarrete

glândula mamária alta

glândula mamária baixa

Equilíbrio dos quartos

quartos traseiros baixos

quartos traseiros altos

Comprimento dos tetos

curtos

longos

Grossura dos tetos

finos

grossos

## - AIDE À L'INTERPRÉTATION DES TESTS GÉNOMIQUES -

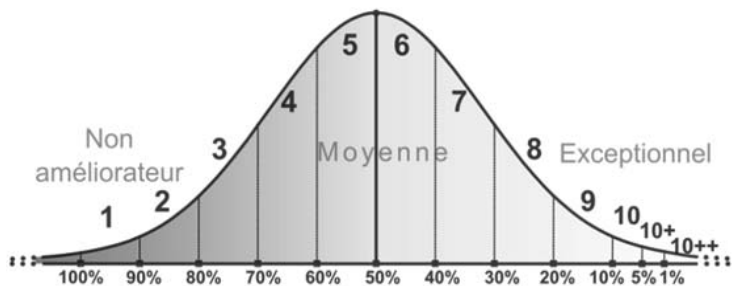
IngenomiX propose une gamme de tests génomiques d'aide à la sélection. Ces tests permettent de prédire le potentiel génomique d'un animal en analysant son ADN et en comparant le profil génomique ainsi obtenu à celui d'une population d'animaux de référence.

### EVALIM® et EVALIM® MODULO

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 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

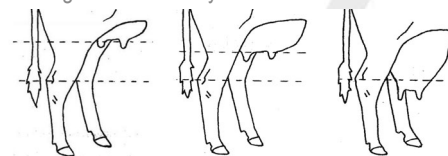
Table de référence EVALIM®

L'ajout d'animaux dans la population de référence, ou les changements important 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 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



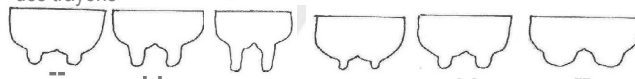
Mamelle très haute collée au corps (--)  
Plancher légèrement au-dessus du jarret (++)  
Mamelle très décrochée (--)

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 supplémentaire 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° 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 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 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>

Data de publicação do relatório : **29/04/2020**

Data da pedido : **17/02/2020**

Referência do cliente ou marca de exploração : **ACL**

Referência do pedido : **5353**

Associação Portuguesa de Criadores de Raca Bovina  
Rua dos Combatentes da Grande Guerra, 1  
7631-158 ODEMIRA

### INFORMAÇÕES DO ANIMAL ANALISADO

Nº de identificação : **PT523385511**

Data de nascimento : **05/02/2019**

Nome do animal : **PUMKIN**

Sexo do animal : **Macho**

Réferência da análise : **ING079413**

Espécie : **BOVIN**

Tipo racial declarado pelo criador : **LIMOUSINE (34)**

Proprietário do animal no dia da colheita :

Marca de exploração : **IDPE**

Nome :

### INFORMAÇÕES SOBRE A COLHEITA ANALISADA

Data de receção da amostra : **17/02/2020**

Agente de recolha :

Origem da amostra : **poil**

Número do agente de recolha : **IDPE**

### ANÁLISE DA MUTAÇÃO "PALATO FENDIDO"

Conclusão : **Animal não portador da mutação do palato fendido.**

O responsável pela validação



M. Gaylord Auvray

Data de publicação do relatório : **29/04/2020**

Data da pedido : **17/02/2020**

Referência do cliente ou marca de exploração : **ACL**

Referência do pedido : **5353**

Associação Portuguesa de Criadores de Raca Bovina  
Rua dos Combatentes da Grande Guerra, 1  
7631-158 ODEMIRA

### INFORMAÇÕES DO ANIMAL ANALISADO

Nº de identificação : **PT523385511**

Data de nascimento : **05/02/2019**

Nome do animal : **PUMKIN**

Sexo do animal : **Macho**

Réferência da análise : **ING079413**

Espécie : **BOVIN**

Tipo racial declarado pelo criador : **LIMOUSINE (34)**

Proprietário do animal no dia da colheita :

Marca de exploração : **IDPE**

Nome :

### INFORMAÇÕES SOBRE A COLHEITA ANALISADA

Data de receção da amostra : **17/02/2020**

Agente de recolha :

Origem da amostra : **poil**

Número do agente de recolha : **IDPE**

### ANÁLISES DAS MUTAÇÕES "SEM CORNOS"

Resultado : **HH**

Conclusão : **Animal non porteur de mutation responsable du caractère sans cornes.**

O responsável pela validação



M. Gaylord Auvray

Data de publicação do relatório : **29/04/2020**

Data da pedido : **17/02/2020**

Referência do cliente ou marca de exploração : **ACL**

Referência do pedido : **5353**

Associação Portuguesa de Criadores de Raca Bovina  
Rua dos Combatentes da Grande Guerra, 1  
7631-158 ODEMIRA

**INFORMAÇÕES DO ANIMAL ANALISADO**

Nº de identificação : **PT523385511**

Data de nascimento : **05/02/2019**

Nome do animal : **PUMKIN**

Sexo do animal : **Macho**

Réferência da análise : **ING079413**

Espécie : **BOVIN**

Tipo racial declarado pelo criador : **LIMOUSINE (34)**

Proprietário do animal no dia da colheita :

Marca de exploração : **IDPE**

Nome :

**INFORMAÇÕES SOBRE A COLHEITA ANALISADA**

Data de receção da amostra : **17/02/2020**

Agente de recolha :

Origem da amostra : **poil**

Número do agente de recolha : **IDPE**

**ANÁLISE DAS MUTAÇÕES RESPONSÁVEIS DO CARATER "GARUPA DUPLA"**

Mutações testadas no gene da miostatina :

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

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

O responsável pela validação



M. Gaylord Auvray