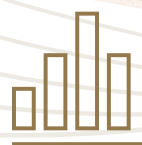


Identification d'un locus récessif responsable de mortinatalité en race Normande : **NH₃**

Dans le cadre de la thèse Néfertiti (projet CIFRE, Eliance, APIS-GENE, ANRT) ayant pour objectif de travailler sur l'efficacité reproductive des bovins, plusieurs pistes sont explorées : le développement de nouvelles indexations en lien avec la fertilité, la réalisation de cartographies du génome afin de repérer des loci (zones d'ADN) impactant la fertilité ou l'incompatibilité entre individus et d'en identifier les variants causaux ainsi que leurs effets.

Ce travail va permettre de produire de nouveaux indicateurs et tests génétiques afin de sélectionner des femelles plus fertiles et de mieux gérer les accouplements à risques.



Parallèlement, les performances entre les individus issus de 2 parents porteurs du gène en déficit par rapport à des individus issus uniquement d'un père porteur du gène en déficit ont été analysées :

TNR à 56 jours

Peu impacté

-5,1%

Taux de conception

Peu impacté

-5,6%

Mortinatalité

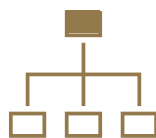
Plus impactée

31,1% VS 9.6%

On remarque également des différences sur la durée de gestation et le poids à la naissance des veaux.

Suite aux travaux de cartographie du génome, un déficit en homozygotes a été mis en évidence. Il correspond à un nombre d'individus attendus inférieur au nombre observé dans la population dont on cherche à comprendre les causes de cette différence. Cette cartographie a permis également de mettre en évidence une zone de génome déjà connue responsable de maladies génétiques rares comme des affaiblissements des muscles très tôt dans d'autres espèces. Cette mise en évidence a finalement contribué à la localisation de la zone à cibler dans les futures recherches.

Dans ce cadre il a été construit un plan d'actions avec l'ensemble des acteurs en race Normande avec un ciblage des gestations potentiellement concernées réalisé début de l'année 2026. L'objectif était de génotyper un maximum de veaux mais aussi de réaliser des examens cliniques sur les veaux morts via des analyses de tissus du cerveau et de muscles. La validation de variants candidats a permis de mettre au point un test génétique sur mutation.



Grâce à l'analyse des pedigrees, il a été possible d'identifier un ancêtre commun : **REDONDO**. L'évolution des animaux porteurs dans le temps est stable et la prévalence reste relativement faible. La fréquence des porteurs est estimée entre 4 et 6 %. Aucun effet significatif n'a été trouvé sur les caractères de production, reproduction, santé, morphologie. Ce locus a été transmis silencieusement et peut être facilement contre-sélectionné.



Fin mai, les derniers échanges entre les équipes de recherche, l'O.S Normande et les Entreprises de Sélection ont décidé d'intégrer cette mutation dans le programme de sélection et de suivre son évolution dans le temps. **Les statuts des femelles seront diffusés dans vos compte-rendus de génotypage et ceux des taureaux seront disponibles sur les sites internet des Entreprises de Sélection et de l'O.S.**

Grâce à la sélection génomique et à la mise en place du test sur mutations, il sera possible de gérer et diminuer les impacts avec une bonne fiabilité.

La valorisation de cette nouvelle source d'information dans vos plannings d'accouplement permettra ainsi d'éviter les accouplements à risques.



L'officialisation de ces statuts sera effective suite à la prochaine indexation officielle du mois de juin 2026 (2620) et le déploiement dans les outils terrain réalisé au cours du 2^{ème} semestre 2026.

UN TRAVAIL DE COLLABORATION ENTRE :