

AFZ Contact

Juin 2004

Numéro 16

La lettre d'information de l'AFZ

Dans ce numéro

Nouvelles et activités de l'AFZ	2, 16
Nouvelles de la FEZ	3-4
Rubrique des thèses	5-6
Dossier «Génomique»	7-12
Présentation d'organismes (FUS, BRG)	14-15
Agenda	13

EDITORIAL

Compte tenu de l'importance croissante de la génomique au sein des préoccupations des zootechniciens, il nous a semblé important de consacrer le dossier de ce numéro d'AFZ Contact à ce thème. Vous pourrez ainsi, en quelques pages, avoir une idée globale et exacte de ce qu'est la génomique et les principales applications que l'on peut en attendre au niveau des filières d'élevage. Nous en profitons pour vous présenter deux organismes qui travaillent en relation avec la génétique et l'organisation de la sélection : le FUS et le BRG.

Dans la rubrique des thèses, nous avons choisi de vous présenter des travaux relevant de l'application de la modélisation systémique dans différents domaines liés aux Sciences Animales. Ces quatre thèses permettent de se rendre compte de l'intérêt des approches modélisatrices et de la diversité de ses champs d'application.

Enfin, nous vous présentons, grâce à F. MESCHY, un compte rendu de la journée AFTAA-AFZ sur le phosphore du 29 janvier dernier. Cette journée organisée en collaboration entre l'AFZ et l'AFTAA fut réussie et nous encourage à poursuivre nos relations avec l'AFTAA, partenaire reconnu depuis longtemps dans le domaine de la formation, dans au sein des filières de l'alimentation animale.

Daniel SAUVANT

Carnet

Distinction : Yves CHILLIARD (URH de l'INRA de Theix), a reçu le prix A.M. Leroy 2004 de la Fédération Européenne de Zootechnie, pour l'ensemble de ses travaux de recherche et pour son activité au niveau international. Nous vous rappelons qu'Yves CHILLIARD est Directeur de Recherches à l'INRA et qu'il dirige l'unité "TALL" (Tissu adipeux et Lipides du Lait). Ces travaux ont principalement concerné le métabolisme lipidique des femelles ruminantes en relation avec la qualité de leur lait. A la FEZ, Yves CHILLIARD est secrétaire de la section Physiologie Animale et, à ce titre, il contribue à la conception des programmes du congrès annuel dans ce secteur. Enfin, nous avons plaisir à rappeler qu'Yves CHILLIARD a passé les premières années de sa vie de chercheur au sein du Département des Sciences Animales (laboratoire de Nutrition) de l'INAPG, berceau de l'AFZ ! Au nom de tous les membres de l'AFZ, nous lui adressons nos vives félicitations.



Aimé AUMAÏTRE et Daniel SAUVANT

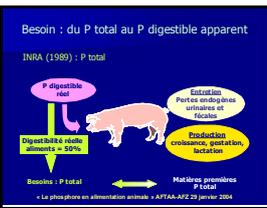
Le Conseil d'Administration de l'AFZ a adopté lors de l'Assemblée Générale du 5 mai dernier deux nouveaux membres : **Jean-Noël BONNET** et **Gérard BRIEND**. Le nouveau Conseil d'Administration se compose donc comme suit : A. AUMAÏTRE (INRA), P. BARRÉ (ex UCAAB, C. BERANGER (INRA), G. BRIEND (RESEDA), J.N. BONNET (IE), C. DISENHAUS (ENSAR), J.Y. DOURMAD (INRA), C. DUVAUX-PONTER (INAPG), A. FAUCON (ex IE), B. FOSTIER (ITP), B. LANGLOIS (INRA), P. LHOSTE (CIRAD), F. MADEC (AFSSA), P. MORAND-FEHR (INRA), A. RERAT (ex INRA), D. SAUVANT (INAPG), J.L. TISSERAND (ENESAD), Y. TREGARO (OFIVAL).

NOUVELLES DE L'AFZ...

Journée AFZ du 29/01/2004

Valorisation des connaissances nouvelles sur la nutrition en phosphore des animaux domestiques

La précédente journée sur ce thème datait d'une vingtaine d'année (Journée du CAAA, mai 1983).



L'importance de la production scientifique dans ce domaine depuis cette époque, notamment avec la préoccupation émergente d'un meilleur contrôle des rejets de phosphore (P) dans les effluents d'élevage, justifiaient largement une mise à jour des connaissances.

L'originalité de cette session a été d'aborder le sujet sous un angle multi-espèces (volailles, porcins, ruminants et poissons) et de s'intéresser aux conséquences des nouveaux concepts nutritionnels pour la formulation des aliments. L'évolution des divers systèmes d'alimentation présente l'objectif commun d'un meilleur ajustement des apports alimentaires aux besoins des animaux ;

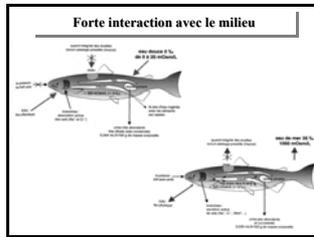


ce qui passe parfois par une révision des besoins physiologiques, mais surtout par une évaluation plus précise de la part du phosphore alimentaire réellement utilisable par l'animal. Ceci conduit à des systèmes d'unités alimentaires exprimées en phosphore absorbé (ruminants), apparemment digestible (porcs) ou disponible (volailles et poissons) ces nuances de vocabulaire reflétant les particularités de la physiologie digestive de ces différentes espèces.

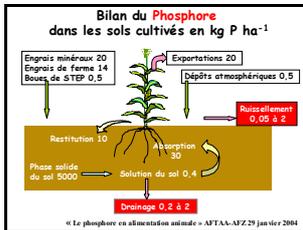
Les systèmes présentés conduisent, selon les espèces et le stade physiologique des animaux, à une diminution de 15 à 30 % de l'apport alimentaire de P devant se traduire par une réduction

substantielle des rejets dans les effluents d'élevage.

Pour les ruminants, l'application des recommandations proposées en 2002 doit s'accompagner d'une attention particulière à la qualité hygiénique des rations (bonnes salivation et rumination, la salive représentant la source majeure de P pour les bactéries du rumen) et à une bonne connaissance de la teneur en P des aliments, principalement de celle des fourrages, nécessaire au choix d'un apport complémentaire adapté.



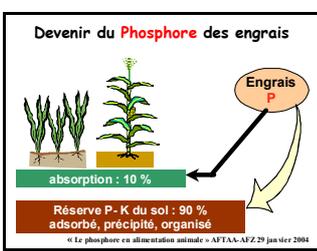
Chez les monogastriques et les poissons, la valorisation du phosphore phytique des aliments représente une marge de progrès importante même si des travaux complémentaires sont encore nécessaires pour préciser l'utilisation par l'animal des différentes fractions de P (phytique, non phytique et minéral). De même la poursuite de l'étude des facteurs de variation de la teneur en phosphore total



des aliments et de l'activité phytasique endogène des végétaux doit permettre de disposer d'équations de prédiction de ces paramètres.

L'intégration des nouveaux concepts a été présentée à partir d'un exemple de formulation d'un aliment porc en croissance. La prise en compte de nouvelles contraintes (besoins INRA 1989 vs INRA 2002, activité phytasique des ingrédients, utilisation de phytases exogènes, normes COR-

PEN, rejets en P) se traduit par de fortes variations des taux d'incorporation des matières premières et du coût de l'aliment, variations également sensibles aux fluctuations de la conjoncture économique. Ces simulations ont souligné le poids des objectifs techniques à respecter sur la hiérarchie des matières premières et le



prix que l'on acceptera de payer pour des aliments respectueux de l'environnement dans le futur.

La présentation du marché des phosphates et des procédés de leur élaboration a clos cette session par une note technologique et de prospective économique.

La «journée « Phosphore » du 29 janvier a réuni environ 70 participants qui ont exprimé a posteriori leur grande satisfaction sur le programme proposé. Au plan organisationnel et logistique, c'était la première fois que l'Association Française des Techniciens de l'Alimentation et des Productions Animales (AFTAA) et l'AFZ unissaient leurs efforts pour la mise en place d'un tel événement ; la complémentarité des deux associations a pleinement fonctionné, au point qu'elles envisagent de co-organiser dans le futur une à deux manifestations par an.

François MESCHY



NOUVELLES DE LA FEZ...

World Association for Animal Production (WAP) - FEZ

L'Association mondiale de zootechnie (World Association for Animal Production) a tenu fin Octobre 2003 à Porto Alegre, Brésil, son Congrès organisé tous les 5 ans. La Fédération Européenne de Zootechnie et l'American Society of Animal Science ont apporté leur concours réciproquement sur les deux thèmes suivants : Agriculture (Production Animale) biologique et Sécurité, traçabilité et acceptation des produits animaux.

Les participants de la FEZ ont préparé et présenté 5 exposés magistraux consacrés à la législation européenne (E. von Borell), la production porcine et avicole biologique (J. Hermansen), la production ovine biologique (A. Nardone, G. Zervas et B. Ronchi), la production de lait (A. Rosati). La production de viande de boeuf biologique a été décrite par K. Euclides Filho dans le contexte sud américain. Avec 140.000 fermes et 4,5 millions d'hectares, l'Europe a fait plus qu'un décollage en agriculture biologique. Toutefois, celle-ci semble l'apanage de petites structures : 15 % des étables suisses produisent les 10 % du lait biologique du pays vendu en proximité. A l'opposé, on dénombre 4.000 truies biologiques élevées en plein air au Danemark sur 1,34 million. L'allongement recommandé de l'âge au sevrage des porcelets, l'abandon de la section des pinces chez le porcelet ou du débèquage des poulets, l'augmentation de l'âge à l'abattage des volailles, l'élevage à l'exté-

rieur des pondeuses peuvent répondre à une législation nouvelle sur le bien-être. Mais la dépendance des animaux monogastriques vis-à-vis des aliments protéiques s'oppose *de facto* à l'utilisation exclusive des aliments produits sur la ferme Européenne. En Allemagne, l'élevage en parcours des pondeuses s'est accompagné d'une élévation significative du taux de mortalité.

Les objectifs de l'élevage biologique des petits ruminants et des bovins à viande peuvent théoriquement être plus facilement atteints grâce à l'existence de 2, 2 millions d'hectares d'herbages déjà conduits selon les critères de l'agriculture biologique, mais pour quelle production quantitative ? Si les objectifs sont clairs pour la réduction des traitements et des médications des animaux, les données sur l'alimentation exclusive avec des aliments issus de l'agriculture biologique, les performances comparatives avec l'élevage dit intensif sont presque inexistantes. Des résultats comparatifs expérimentaux issus de la moyenne des performances des étables sont seulement disponibles pour la vache laitière. Ainsi, l'augmentation de la part des fourrages dans l'alimentation de la vache, avec la réduction concomitante de la quantité d'aliments concentrés s'accompagne d'une réduction de 1000 à 2000 kg de lait par lactation. La composition et la qualité de lait exprimé par le taux de cellules somatiques ne sont pas significativement affectées. Par ailleurs, à

partir de données provenant de Norvège, de Suisse et de France, il a été remarqué que si la durée de lactation est écourtée en élevage biologique, ni le rythme de reproduction ni la longévité ne sont affectés.

Les perspectives de production de viande de boeuf biologique ont été développées dans le cadre du Brésil où la surface en prairie naturelle semble encore illimitée et le coût de production minimum. Celle-ci peut donc facilement entrer en compétition avec la production de tous les pays où elle repose sur l'utilisation exclusive du maïs ensilé ou en grain. Toutefois, elle réclame des connaissances scientifiques qui restent à générer. Enfin, elle ne peut être organisée que dans un cadre intégré mettant en œuvre un personnel qualifié, la certification de la qualité de la viande, le contrôle sanitaire de tous les maillons de la chaîne et l'organisation de la distribution. La production animale biologique ne peut donc ignorer ou simplifier les multiples contrôles de qualité. La Session qui a été clôturée par un table ronde de discussion a surtout mis en lumière l'état actuel de nos connaissances et l'absence de données scientifiques pour la production animale biologique. On en reste au rappel des objectifs, et aux exemples de production biologique expérimentés sur le terrain.

Louis Aimé AUMAITRE

Pour plus de renseignements, Visitez le Site de l'AFZ...

www.inapg.inra.fr/dsa/afz/index.htm

**Nous rappelons qu'AFZ Contact est une revue qui doit être animée par ses lecteurs.
Si vous avez une information intéressante à diffuser, si vous voulez réagir**

Ont participé à ce numéro :

L.A. AUMAITRE - INRA
D. BOICHARD - INRA
R. FRUTOS - CIRAD
J.F. HOCQUETTE - INRA
B. LAMBOLEY - INRA - INAPG
D. MARTINEZ - CIRAD
F. MESCHY - INRA
S. PATIN - FUS
D. SAUVANT - INAPG - INRA
G. TRAN - AFZ
JL. TISSERAND - ENESAD

Et les récents thésards :

Pauline EZANNO
Renaud LANCELOT
Anne OFFNER
Maxime QUENTIN

AFZ Contact

Directeur de la publication : **Daniel SAUVANT**
Président de l'AFZ

Rédactrice : **Béatrice LAMBOLEY**

Secrétaire de Rédaction : **Marie-Paul POULIN**

Pour toute correspondance, contacter :

Béatrice LAMBOLEY

UMR INRA-INAPG Physiologie de la Nutrition et Alimentation

16 rue Claude Bernard – 75231 PARIS CEDEX 05

Tél. : 01 44 08 17 61 ; Fax : 01 44 08 18 53

E-mail : lamboley@inapg.inra.fr

NOUVELLES DE LA FEZ...



**President(e)s des Commissions
auprès desquel(le)s vous pour-
rez obtenir des informations
complémentaires :**

**Commission on Animal
Genetics (G)** Vincent Ducrocq :
ducrocq@dga.jouy.inra.fr

**Commission on Animal Nutrition
(N)** John D. Oldham :
j.oldham@ed.sac.ac.uk

**Commission on Animal Manage-
ment and Health (M)**
Eberhard H. von Borell :
borell@landw.uni-halle.de

**Commission on Animal Physiology
(Ph)** Kristen Sejrsen :
kr.sejrsen@agrsci.dk

Commission on Cattle Production
© Sergio Gigli :
sergio.gigli@isz.it

**Commission on Sheep and Goat
Production (S)**
Dunixi Gabiña :
gabiña@iamz.ciheam.org

Commission on Pig Production (P)
Caspar Wenk :
caspar.wenk@inw.agrl.ethz.ch

**Commission on Horse Production
(H)**
William Martin-Rosset :
wrosset@clermont.inra.fr

**Commission on Livestock Farming
Systems (L)**
Annick Gibon :
gibon@toulouse.inra.fr

EAAP, Bled 2004

Plenary Sunday 5 September, 08:30-09:00 h	Session 1: Sunday 5 September, 09:15-13:00 h	Session 2: Sunday 5 September, 15:00-18:30 h	Session 3: Monday 6 September, 08:30-12:30 h	Session 4: Tuesday 7 September, 08:30-12:30 h	Session 5: Tuesday 7 September, 14:00-18:00 h	Session 6: Wednesday 8 September, 08:30-12:30 h
Societies needs in relation to animal production systems Chair: Aumaitre (FR)	Animal health and welfare in intensive and extensive systems (M+C+L) Chair: Fourichon (FR)	Management of grasslands for production, environment and landscape benefit (L+N+C+S) Chair: G. Zervas (GR)	Management of genetic variation (G) Chair: Gandini (IT)	Business meetings and Free Communications	Ethical issues in animal agriculture (M+L), Chair: Marie (FR)	Low-input systems (Ph+L) Chair: Faverdin (FR)
	Anti-nutritional factors and mycotoxins (P+N+H)	Large-scale pig farming systems (P+M+L+N)	Indicators of environmental impact in livestock systems (L+P+M), Chair: Hermansen (DK)		Alternative protein sources (N+C+S)	Sheep and Goat behaviour- relevance to welfare and management (S+M) Chair: Vipond (UK)
	Genomics of lactation (G+Ph) Chair: Dovc (Slovenia)	Genetics of disease resistance (G+M) Chair: Bishop (UK)	Regulation of food intake (Ph+N) Chair: Friggens (DK)		International genetic evaluation (H+G) Chair: Koennn (NL)	Longitudinal data in genetics (P+G)
	Economics and profitability of sheep and goat production under new support regimes and market conditions (S) Chair: Gabina (ES)	Free Communications in Genetics (G)	Rare Breeds: global genetic distance (H+Rare Breeds International) Chair: Bodo (Hungary)		Chair: Eggen (FR)/td>	Horse production in Slovenia (H) Chair: Habe (Slovenia)
	Effect of globalisation on livestock systems (L) Chair: Peters (Germany)	Mammary gland health (Ph) Chair: Fitzpatrick (UK)	Sustainable Aquaculture (M+SEFABAR) Chair: New (UK)		Herd modelling for improved management (P+L)	Harmonisation of feeding standards(N)
		Growth and bone disorders in Horses (H) Chair: Bergero (IT)	Use of hormones for reproduction in sheep and goats - impact and alternatives (S) Chair: Lebeouf (FR)			Developments in biometrical methods (G) Chair: Madsen (DK)
			Implementation of new management practices + excursion (C) Chair: Kuipers (NL)			Indicators of milk and meat quality (C) Chair: Hocquette (FR)

Remarquons sur ce programme qu'il y a **trois français Présidents de Commission** (V. DUCROCQ, W. MARTIN-ROSSET et A. GIBON) et **six français animateurs de sessions** (A. AUMAITRE, C. FOURICHON, B. MARIE, P. FAVERDIN, F. LEBOEUF et J.F. HOCQUETTE). Merci à tous ces collègues d'assurer la présence de notre pays au sein de cette manifestation.

Key: G Genetics; N, Nutrition; Ph, Physiology; P, Pig production; C, Cattle Production; S, Sheep and Goat Production; M, Management and Health; H, Horse production; L, Livestock Farming Systems.

(*) denotes organising commission. Bold, sessions contributing to the theme of the meeting, Sustainability of Livestock Systems.

LA RUBRIQUE DES THESES...

Pour ce numéro 16 d'AFZ Contact, nous vous présentons 4 thèses réalisées dans des domaines divers de la Zootechnie mais ayant pour point commun l'apport de la modélisation systémique. La thèse de Renaud LANCELOT, préparée au CIRAD sous la direction de B. FAYE, permet de bien se rendre compte de l'utilité de la modélisation statistique moderne dans de vastes ensembles de données. La thèse de Pauline EZANNO, préparée également au CIRAD sous la direction de B. FAYE, montre les possibilités offertes par la modélisation dans des secteurs de recherches proches du terrain où il est souvent difficile de recueillir des données précises. Le travail de thèse de Maxime QUENTIN, préparé à la Station de Recherches Avicoles (INRA Tours) en relation avec l'ITAVI sous la direction de Michel PICARD montre tout l'intérêt de l'agrégation des données sous-jacentes pour construire un modèle utilisable en pratique. Le travail de thèse d'Anne OFFNER, préparé au sein de l'UMR INRA-INAPG-PNA sous la direction de Daniel SAUVANT, montre l'intérêt de la modélisation pour représenter des systèmes complexes tels que les éco-systèmes microbiens digestifs. Il souligne également l'intérêt la démarche qui consiste à comparer sur un même ensemble de données, différents modèles existants.



Croissance pondérale et mortalité des petits ruminants domestiques en Afrique subsaharienne : modélisation statistique

Renaud LANCELOT a soutenu sa thèse de Doctorat le 19 décembre 2002 à L'Université de Montpellier II.

Des troupeaux de petits ruminants ont été suivis au Tchad et au Sénégal pour identifier les facteurs de risque de la mortalité, évaluer l'effet de la prévention du parasitisme digestif (morantel) et des pneumonies (vaccins contre la peste des petits ruminants (PPR) et la pasteurellose respiratoire) sur la croissance pondérale et la mortalité, ou estimer l'effet du poids à la naissance sur la mortalité. Les facteurs de risque de la mortalité caprine ont été étudiés avec un modèle logistique mixte intégrant un effet aléatoire du troupeau. Un pré-modèle conceptuel d'analyse a guidé la sélection des effets fixes. Les facteurs de risque identifiés étaient l'exposition au virus de la PPR, un faible poids à la naissance et un espace insuffisant dans l'enclos. L'effet du morantel sur la croissance ovine a été étudié par un modèle linéaire mixte. Le choix des structures fixe et aléatoire s'est appuyé sur des méthodes graphiques. L'effet positif observé pour le morantel pouvait être biaisé par la censure des données de croissance. La croissance et les censures ont été modélisées conjointement pour résoudre ce problème. Le biais estimé était inférieur aux erreurs de mesure.

Les effets du morantel et de la vaccination contre les pneumonies sur la mortalité caprine ont été étudiés avec des régressions logistiques corrigées de la surdispersion. Différents modèles ont été définis a priori et sélectionnés avec le critère d'information d'Akaike. L'effet du morantel était positif hormis lors d'un foyer de PPR. Un effet positif de la vaccination a été observé à cette occasion.

Des modèles marginaux ou mixtes ont été comparés pour estimer l'effet du poids à la naissance sur la mortalité caprine et l'importance de l'effet troupeau. Un faible poids à la naissance était associé à une mortalité plus élevée. Les modèles mixtes donnaient des résultats plus plausibles. L'estimation de leurs paramètres par des chaînes de Markov Monte-Carlo a permis de juger de l'importance de l'effet troupeau.



Modélisation de la relation entre l'état des réserves corporelles et la productivité des troupeaux bovins. Cas des bovins N'Dama en milieu agro-pastoral extensif de zone tropicale humide (Kolda, Sénégal)

Pauline EZANNO a soutenu sa thèse de Doctorat le 19 décembre 2002 à l'Université de Montpellier II.

Les performances des troupeaux bovins N'Dama extensifs en milieu tropical sont fortement influencées par l'état corporel des vaches. En particulier, la mortalité juvénile, contrainte de production importante dans les troupeaux de moins de 100 vaches, est réduite si la mère est en état corporel moyen à bon à la mise bas. Le taux de gestation, relativement faible en élevage extensif, est nettement supérieur pour les femelles en état moyen à bon pendant au moins deux mois consécutifs, par rapport aux autres femelles. Enfin, la croissance des veaux et la production laitière sont améliorées si la mère est en état moyen à bon à la mise bas, surtout dans les troupeaux de petite taille. La note de 2,5 points sur une échelle de 0 à 5 est un seuil adéquat pour définir les performances.

La modélisation de la dynamique d'un troupeau bovin par un modèle matriciel déterministe saisonnier, tenant compte de l'évolution de l'état corporel des vaches au cours du temps, permet de représenter finement le fonctionnement du troupeau et de tester l'effet d'une modification de l'état corporel des différentes catégories de femelles sur la productivité du troupeau. Des indices synthétiques de la productivité du troupeau ont été définis : le taux d'accroissement annuel du troupeau à l'équilibre asymptotique et le potentiel productif, les effectifs exploitables pour atteindre un taux d'accroissement annuel fixé comme objectif, des indices de productivité laitière, tenant compte de la croissance des veaux et du prélèvement par l'éleveur. La construction de ces indices tient compte de la conduite du troupeau, de ses caractéristiques démographiques propres et de contraintes extérieures, telle que la saisonnalité des ressources. La forte sensibilité du modèle à la probabilité de noter l'état corporel des vaches moins de 2,5 points indique que ce type d'outil pourrait être utilisé ultérieurement pour tester des stratégies de complémentation alimentaire ciblées. En particulier, la complémentation des vaches vides pendant la saison sèche chaude semble une pratique intéressante pour améliorer la productivité globale du troupeau. Cependant, des études supplémentaires sont nécessaires pour quantifier la variation de NEC des vaches suivant le niveau de complémentation, la saison et l'état physiologique des vaches.

LA RUBRIQUE DES THESES...



Modélisation systémique de la digestion dans le rumen : comparaison des modèles existants, modélisation des flux d'amidon, approche thermodynamique des fermentations.

Anne OFFNER a soutenu sa thèse de Doctorat le 22 octobre 2003 à l'Institut National Agronomique Paris-Grignon

Les réponses nutritionnelles et zootechniques des ruminants aux variations de régime sont largement conditionnées par leurs effets au niveau du rumen. L'objectif de ce travail était d'apporter de nouvelles perspectives pour progresser dans la démarche de modélisation de cet organe, qui a débuté dans les années 1970. Pour l'aborder, nous avons privilégié une approche par modélisation systémique à différents niveaux organisationnels : de l'organe, aux flux de nutriments et jusqu'aux mécanismes de régulation cellulaire.

La première partie du travail était consacrée à une étude comparative des modèles actuels. Peu de validations comparées des modèles avaient été entreprises jusqu'à présent. Les résultats rendent compte des principes communs appliqués mais aussi des spécificités de chacun des modèles. Leur plus grande faiblesse réside dans leur incapacité à prédire de façon satisfaisante les équilibres des produits terminaux des fermentations (acides gras volatils, gaz et matières microbiennes). Pour progresser dans ce domaine, nous avons exploré deux voies. La première concerne la représentation de la digestion de l'amidon, substrat glucidique expliquant la majeure partie des variations de la vitesse de digestibilité ruminale des rations. Nous avons développé un modèle de prédiction des flux d'amidon pour mieux quantifier et expliquer les variations observées. Cette étude a été réalisée à partir de bases de données quantitatives portant sur ces flux mesurés *in sacco* et *in vivo*. Les résultats obtenus expliquent assez précisément les variations observées intra-essai. Par contre, les variations inter-essais demeurent importantes et difficiles à apprécier. La seconde voie est basée sur l'application des lois de la thermodynamique au métabolisme microbien. L'objectif est d'améliorer la prédiction des produits terminaux des fermentations. Cette approche originale des aspects fermentaires a comporté un volet de modélisation et un volet expérimental. Les résultats permettent de dégager certaines propriétés comme résultant des principes de la thermodynamique et nous confortent dans l'intérêt de cette approche.

Ce travail de thèse contribue aux avancées en matière de modélisation du rumen, notamment pour la modélisation des flux d'amidon. Il propose aussi de nouveaux champs de recherche encore peu explorés.

Mot clés : modèle, rumen, amidon, thermodynamique



Une approche dynamique de la croissance des poulets de chair, conception d'un modèle pratique : INAVI

Maxime QUENTIN a soutenu sa thèse de Doctorat le 16 avril 2004 à l'Ecole Nationale Supérieure Agronomique de Rennes.

Les résultats technico-économiques d'une bande de poulets de chair sont la résultante d'interactions complexes entre l'animal et son environnement au sens large (aliment et conditions d'élevage). Un moyen d'approcher cette complexité est de reproduire le système «poulet de chair» à l'aide d'un modèle mécaniste pouvant représenter la diversité des modes de production et des génotypes actuels tout en restant accessible à des professionnels.

INAVI simule la croissance horaire d'un poulet de chair en fonction de quelques paramètres nutritionnels et environnementaux regroupés en sous-modèles. A partir d'un jeu restreint de paramètres de contrôle, l'animal est défini par un diagramme simplifié décrivant son bilan énergétique tout en intégrant le coût représenté par l'activité physique. INAVI fonctionne à partir de la calibration du modèle à une courbe d'ingestion et une courbe de croissance de référence. L'ingestion réelle est simulée dans un modèle de simulation, à partir de la comparaison de la production de chaleur simulée à chaque pas de temps à celle de référence (thermostat). Les entrées modifient les flux énergétiques dans le modèle de simulation à partir de lois de réponse résumées par des « lookups » accessibles, qui permettront aux utilisateurs un ajustement du modèle à partir de leurs propres données.

Les résultats de plusieurs expériences zootechniques regroupées dans six publications ont permis de valider l'architecture et partiellement le fonctionnement du modèle. Des points critiques de la prédiction de la croissance ont été identifiés. Par exemple, il semble nécessaire de quantifier l'activité physique à partir de données comportementales mesurables sur le terrain. Cela permettra de préciser l'efficacité de l'utilisation de l'énergie (Ed) en s'appuyant sur des données de composition corporelle actualisées en fonction de l'âge et du génotype.

Mots Clefs : poulet de chair, modélisation, croissance, nutrition, modes de production



LE DOSSIER D'AFZ CONTACT... LA GENOMIQUE

LA GENOMIQUE AU SERVICE DE LA GENETIQUE ET DE LA PHYSIOLOGIE

Le XX^{ème} siècle a connu l'essor de la génétique moléculaire, ce qui a conduit à une meilleure connaissance du patrimoine génétique des organismes vivants. Le XXI^{ème} siècle verra le développement de la génomique, c'est à dire des mécanismes biologiques conduisant au déterminisme des fonctions biologiques à partir des gènes. En effet, les gènes hérités n'ont d'intérêt que par leur expression. La génomique est donc située entre la génétique et la physiologie et elle relie ces deux disciplines.

I. A LA RECHERCHE DU VIVANT

1. Historique



Le père de la génétique est le moine tchèque Mendel qui a décrit la transmission des caractères entre les générations de petits pois. Les gènes sont alors considérés comme l'origine de la vie. Mais le gène (du grec *genos* signifiant origine) reste alors un concept virtuel. L'ADN a ensuite été identifié

comme le support matériel des gènes et sa structure en double hélice décrite en 1953 par Crick et Watson. Il a ensuite été montré que les gènes s'expriment sous forme de transcrits (ou ARNm pour ARN messenger) qui permettent eux-mêmes la synthèse de protéines en utilisant le code génétique (ensemble des règles de correspondance entre la structure de l'ADN et les acides aminés qui constituent les protéines). L'objectif suivant a été la compréhension de la structure des gènes, leur localisation sur les chromosomes, la découverte de mutations modifiant la structure et/ou le fonctionnement de ces gènes. Pour atteindre ces objectifs, la communauté scientifique internationale s'est engagée dans une démarche de lecture de tout l'ADN des organismes vivants, c'est à dire le séquençage du génome (le génome étant l'ensemble des gènes d'un organisme). Actuellement, les génomes de plus de 170 organismes ont été séquencés (bactéries, virus, levure, nématode, drosophile, souris, rat, homme, ...) et 800 sont en cours de séquençage.

Parallèlement, les chercheurs ont développé des outils de biotechnologie permettant des études de plus en plus fines et rapides de l'ADN, des ARNm et des protéines. Ces outils sont spectaculaires pour l'ADN qu'il est en effet possible de découper, coller et surtout copier et cloner ouvrant ainsi la porte à de nombreuses manipulations et à des progrès dans la connaissance du vivant.

2. La connaissance à l'aube du XXI^{ème} siècle

De ces avancées, on peut retenir quelques grandes idées et souligner quelques applications. Presque toutes les cellules d'un individu renferment l'intégralité du patrimoine génétique qui reste identique de la conception à la mort. Il est différent d'un individu à l'autre sauf dans le cas des vrais jumeaux car l'ADN d'un organisme vivant est unique par la combinaison des éléments qui le composent. On peut donc déterminer le génotype de chaque individu (ou empreinte génétique). Ces empreintes individuelles ont de multiples applications comme en recherche de paternité et en criminologie chez l'homme, ou la traçabilité des produits carnés chez les bovins. Hélas, la poussée à l'extrême du « tout génétique » a conduit à la notion de « bons gènes » et de « mauvais gènes » et c'est ainsi qu'est né l'eugénisme (science visant à l'amélioration génétique des humains) et des horreurs qui l'ont accompagné.

Aujourd'hui, les chercheurs restent perplexes car presque la moitié du génome humain est constituée de longues séquences répétitives sans fonction apparente. Ainsi, seulement 2 % du génome correspond à des gènes qui peuvent être exprimés sous forme de protéines. De plus, nous savons bien que chaque individu est formé de différents tissus et organes (muscles, foie, cerveau...) qui renferment tous le même patrimoine génétique mais qui sont tous différents et qui évoluent avec l'âge, l'environnement... Ainsi, le patrimoine génétique, à lui seul, ne suffit pas au déterminisme des caractères. C'est l'expression des gènes (tissu-spécifique et modifiable par l'environnement) qui, *in fine*, détermine le phénotype. Aujourd'hui, il est donc admis que « Tout n'est pas dans le génome » (H. Atlan, 1999. La fin du tout génétique). « En réalité, le vivant implique un réseau complexe d'interactions entre les gènes et les protéines, et entre les gènes, les protéines et l'environnement » (J. Testard, 1997. Génétique : puissances et illusions). Le vivant reste donc encore un mystère.

II. LA GENOMIQUE

1. Définition

La **génomique** est la Science qui étudie le génome, c'est à dire l'ensemble des gènes d'un organisme portés par les chromosomes. Dresser l'inventaire des gènes d'un organisme pour étudier leur fonction, tel est l'objet de la génomique, discipline née à la fin des années 1980.

La génomique s'intéresse tout d'abord à la cartographie physique des génomes et à la structure des gènes : il s'agit de la **génomique structurale**. La génomique s'intéresse aussi à la fonction des gènes (il s'agit de la

LE DOSSIER D'AFZ CONTACT...

LA GENOMIQUE AU SERVICE DE LA GENETIQUE ET DE LA PHYSIOLOGIE

(suite)

génomique fonctionnelle). Un des moyens d'étudier ces fonctions est d'étudier les mécanismes de l'expression des gènes (il s'agit de la **génomique expressionnelle**).

La réalisation du séquençage du génome à **haut débit** a permis un essor considérable de la génomique structurale. Toutefois, la lecture du génome ne permet pas nécessairement de le rendre compréhensible.

Parallèlement, les techniques de « puces à ADN » ont permis celui de la génomique expressionnelle. En effet, l'automatisation des techniques de biologie moléculaire permet d'étudier simultanément la **quasi totalité des transcrits** (ou ARN messenger) d'un tissu d'un individu à un instant donné. Il s'agit du **transcriptome**. Le suffixe 'ome' a été rajouté à l'objet d'étude (les transcrits) pour indiquer que les études sont réalisées à **haut débit ou à grande échelle**. Parallèlement, il est possible aujourd'hui d'étudier le **protéome** (c'est à dire de l'**ensemble des protéines**).

La génomique génère de très nombreuses données en raison du caractère exhaustif des techniques modernes. De ce fait, elle autorise une vision intégrée des gènes aux phénotypes en passant par les transcripts, les protéines, etc.... c'est pourquoi, on parle de **biologie intégrative**. Cette dernière ne peut se développer sans un stockage raisonné et une analyse globale des données générées aux différents niveaux. Ceci nécessite le concours de la **bio-informatique**, autre nouvelle Science en expansion.

2. Perspectives

« La compréhension du génome n'est pas une fin en soi, **c'est un moyen de répondre à des questions biologiques** » (P. Kourilsky, 2001, Directeur de l'Institut Pasteur) dont les réponses ne sont pas encore connues. C'est pourquoi, nul ne peut prédire les retombées de la génomique. Cette incertitude ainsi que la peur naturelle des manipulations génétiques fait que le grand public s'interroge et s'inquiète, ce qui est légitime. Les chercheurs doivent donc expliquer avec honnêteté les formidables enjeux de la révolution génomique. Une difficulté est de bien séparer la description des phénomènes biologiques de la manipulation biologique. Notre propos ici ne porte que sur le premier point, c'est-à-dire le « pilotage des processus naturels » par opposition à la « production d'objets inédits dans la nature » (Larrère, 2000). L'objectif de la génomique est en effet de mieux **comprendre la diversité naturelle des mécanismes biologiques** à l'origine de la **diversité naturelle des**

phénotypes. Tel est l'objet du programme AGENAE (Analyse du Génome des Animaux d'Élevage) entre divers Instituts (dont l'INRA) et les filières professionnelles des animaux d'élevage. En Médecine humaine, on espère ainsi identifier des gènes de prédisposition aux pathologies complexes (cancers, diabète, etc.), repérer de nouvelles cibles des médicaments, adapter les soins au profil génétique des patients, etc.

Une principale perspective des avancées en génomique est certainement la détection de gènes polymorphes ayant une forte influence sur les phénotypes. Une seconde application est la création d'outils moléculaires miniaturisés (ou « puces ») qui autoriseront une **approche globale des fonctions physiologiques** par la **signature de l'expression des gènes**. Ces « puces » sont des minilaboratoires qui analysent l'ensemble des ARNm (puce à ADN) ou des protéines (puces à anticorps) d'un tissu, d'un organisme. Autrement dit, nous aurons une « **empreinte de l'expression des gènes** » **d'un tissu donné d'un individu donné à un instant précis**. Comme l'expression des gènes est tissu-spécifique et variable avec le temps et l'environnement, « l'empreinte génomique » sera plus informative que « l'empreinte génétique » qui ne dépend que du patrimoine génétique. Le défi à relever sera notre capacité à interpréter ces profils d'expression. Pour cela, nous avons besoin d'outils de modélisation et il faudra privilégier les approches globales dites « systémiques » (étude des systèmes biologiques).

Conclusion

La génétique et les conditions d'élevage déterminent ensemble et en interaction les phénotypes des animaux. La génomique autorise une vision globale et exhaustive des caractéristiques des gènes et de leur expression. La détection de gènes polymorphes permettant d'améliorer la sélection génétique des animaux de rente est une application évidente de la génomique. Par ailleurs, grâce au développement des techniques au haut débit d'étude du transcriptome et du protéome, nous serons probablement capables dans un futur proche de déterminer de façon automatisée le profil d'expression des gènes ou de leurs protéines dans les tissus des animaux, et ainsi de faire des progrès considérables en physiologie !

J.F. Hocquette

INRA de Clermont Ferrand-Theix, Unité de Recherche sur les Herbivores, Equipe Croissance et Métabolismes des Muscles, 63122 Saint-Genès Champanelle

LE DOSSIER D'AFZ CONTACT...

GENOMIQUE...

GENOMIQUE : SEQUENÇAGE ET ANNOTATION DE DEUX GENOMES BACTERIENS

Le séquençage et l'annotation du génome complet de deux souches distinctes de la bactérie *Ehrlichia ruminantium* ont été réalisés par le CIRAD en partenariat avec l'Institut de Génétique Humaine (IGH-CNRS, Montpellier) et l'Institut de Recherche en Informatique et en Automatique (INRIA-Rhône Alpes, Grenoble). Ce projet a été conduit par les équipes Guadeloupéennes et Montpellieraines du Programme Santé Animale (CIRAD-EMVT).

La rickettsie *E. ruminantium* est l'agent causal de la cowdriose, une maladie infectieuse tropicale du bétail transmise par les tiques qui cause de lourdes pertes économiques directes et indirectes en Afrique Subsaharienne, dans les Antilles et qui menace le continent Américain. La seule protection véritablement efficace en zone tropicale est la vaccination mais la méthode de « vaccination » traditionnelle (infection puis traitement) présente de hauts risques de mortalité des animaux et de diffusion de virus adventices, et le vaccin inactivé en cours de validation sur le terrain présente des coûts de production encore élevés. L'objectif est de contribuer au développement de nouvelles générations de vaccins et d'outils de diagnostic à haut débit. La compréhension des mécanismes immunopathologiques est essentielle au développement de ces nouvelles générations de vaccins. Elle nécessite la conduite d'investigations sur les interactions cellulaires pathogène à l'aide de méthodes d'analyse à haut débit (génomique, post-génomique, analyses fonctionnelles).

Cette problématique est abordée au travers d'une stratégie globale, intégrative faisant intervenir des études au niveau génomique (séquençage du génome complet), transcriptomique (puces à ADN) et protéomique (identité des protéines et analyse fonctionnelle). Le séquençage et l'annotation du génome complet de deux souches associées à des pathogénies différentes, la souche Gardel isolée en Guadeloupe et la souche Welgevonden originaire d'Afrique du Sud, sont désormais terminés. L'annotation a été entièrement réalisée à l'aide de la plateforme Genostar développée, entre

autres, par l'INRIA. Les résultats du séquençage de ces deux souches d'*E. ruminantium* et certaines applications vont faire, dans l'immédiat, l'objet d'un dépôt de brevet avant d'être diffusés à la communauté scientifique par publication.

L'approche intégrative mise en place se poursuit désormais avec le développement de puces à ADN en partenariat avec l'IGH. Cette composante transcriptomique du projet est soutenue par un crédit incitatif de la Direction Scientifique du CIRAD. L'identification de protéines potentiellement impliquées dans la pathogénie et la protection a débuté avec le clonage de plusieurs gènes candidats et pourra désormais être poursuivie au travers d'analyses protéomiques et fonctionnelles. Des discussions sont également en cours avec l'INRIA dans le but d'utiliser *E. ruminantium* comme modèle pour le développement de nouveaux outils bioinformatiques.

Au delà de l'application de nouvelles technologies à des problématiques de pays du sud, ce projet représente un exemple d'intégration entre recherche finalisée et développement méthodologique.

Roger FRUTOS

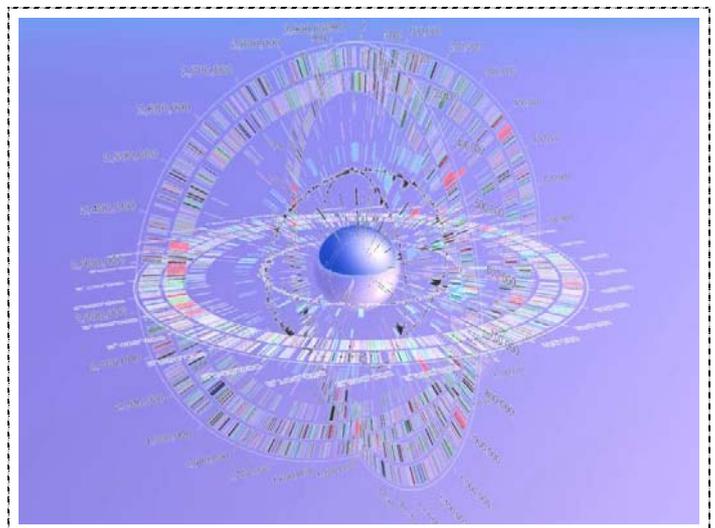
CIRAD

(roger.frutos@cirad.fr)

Dominique MARTINEZ

CIRAD

(dominique.martinez@cirad.fr)



GENOMIQUE...

LES TRAVAUX EN GENOMIQUE AU DEPARTEMENT DE GENETIQUE ANIMALE DE L'INRA

ESSOR DE LA GENOMIQUE AU COURS DES 12 DERNIERES ANNEES

L'étude systématique de la structure des génomes d'animaux domestiques a commencé au début des années 90 par la construction des cartes génétiques des espèces agronomiques majeures dans le cadre de consortiums européens. Vers la fin des années 90, cette approche a été complétée par la génomique fonctionnelle, c'est-à-dire l'étude systématique de l'expression de l'ensemble des gènes et de leur régulation.

En génomique structurale, l'effort a porté initialement sur la production de marqueurs et la construction de cartes génétiques et cytogénétiques. Le génome étant organisé en chromosomes linéaires, les marqueurs génétiques constituent des points de référence par rapport auxquels on repère tout autre gène ou séquence. Du fait de leur fort polymorphisme, une propriété très recherchée, les marqueurs développés en priorité ont d'abord été les microsatellites, c'est à dire des séquences constituées d'un nombre variable de répétitions de 2-4 bases. Les cartes actuelles sont constituées de plusieurs centaines ou milliers de marqueurs couvrant tout le génome. Plus récemment, l'effort a porté sur les cartes d'irradiation qui permettent une résolution environ 10 fois supérieure à celle des cartes génétiques. L'INRA a ainsi eu une contribution importante, parfois majeure, dans la construction des cartes du bovin, de l'ovin, du caprin, du porc, de la poule, du cheval, de la caille et du lapin.

Depuis plusieurs années, la stratégie prioritaire est le développement de la cartographie comparée entre espèces, en particulier avec le génome de l'homme et la souris, permettant ainsi le transfert de l'information des espèces les mieux connues vers les espèces agronomiques qui disposent de moyens beaucoup plus réduits. Cette stratégie s'appuie sur le fait que de larges segments chromosomiques, contenant plusieurs dizaines ou centaines de gènes, sont conservés entre espèces et que le nombre de réarrangements nécessaires pour passer d'un génome à un autre est relativement limité, de l'ordre d'une centaine.

D'abord à l'échelle chromosomique ou sub-chromosomique par peinture hétérologue (en coloriant des chromosomes en métaphase par des sondes fluorescentes issues de fragments chromosomiques d'une autre espèce), la cartographie comparée se base maintenant sur les cartes d'irradiation, les cartes physiques et les comparaisons de séquences. Des développements bioinformatiques ont débouché sur le logiciel ICCARE, un outil puissant de comparaison des séquences entre espèces. Vers la fin des années 90, des banques de BAC (Bacterial Artificial Chromosome, c'est-à-dire inserts d'ADN de 100-200 kbases de l'espèce étudiée dans des bactéries qui les conservent et les répliquent) ont été produites pour la plupart des espèces étudiées. Le nombre de clones est élevé

(généralement plus de 100 000) de sorte que toute séquence du génome est présente dans au moins un de ces BAC avec une très forte probabilité. Ces banques fournissent une réserve d'ADN de chaque région cible et sont des outils de choix pour l'étude spécifique d'un gène, pour la recherche d'un marqueur très lié ou pour l'étude de la structure globale du génome. Plus récemment, chez le bovin et le porc, elles ont été contiguées (c'est-à-dire que les BAC ont été alignés les uns par rapport aux autres) et ancrées sur le génome humain à la fois par des marqueurs et par séquençage d'extrémités des BACs, en collaboration avec le Génoscope. Dans ces deux espèces, ce travail prépare le séquençage des génomes complets, en cours pour le bovin, en projet pour le porc, alors que celle de la poule est disponible.

Dans divers départements de l'INRA, les travaux de génomique fonctionnelle ont démarré à la fin des années 90 dans quatre espèces principales (le bovin, le porc, la poule et la truite) avec la construction de banques multi-tissus d'ADNc (copie stable des ARNm issus de l'expression des gènes). Ces banques ont ensuite été caractérisées par séquençage. Des réseaux (ou « puces ») sont ensuite produits à partir des collections développées en interne et complétées dans le cadre d'accords d'échange internationaux. Ces réseaux sont des supports sur lesquels sont déposés des ADNc préalablement caractérisés et sélectionnés. Ils peuvent contenir l'ensemble du génome exprimé (ou du moins ce qu'on en connaît aujourd'hui) et on parle alors de puces pangénomiques. Ils peuvent aussi contenir l'ensemble des gènes d'une région chromosomique (puce régionale) ou impliqués dans une fonction (puce dédiée). Par hybridation sur ces puces des ARN extraits d'un tissu donné à un stade donné, on détermine l'ensemble des gènes exprimés, voire différenciellement exprimés entre situations étudiées. Cette approche, complétée par la protéomique (ou étude simultanée de toutes les protéines d'un tissu), renouvelle considérablement les outils de la génétique et de la physiologie.

On dispose donc maintenant de nouveaux outils permettant d'aborder les problèmes à une échelle totalement nouvelle. En génomique structurale, la séquence des génomes de l'homme, de la souris, puis des espèces d'élevage est maintenant disponible ou le sera prochainement. En génomique fonctionnelle, on peut mesurer l'expression des gènes de façon globale et donc étudier dans leur ensemble les corégulations et les réseaux métaboliques. Ces deux approches vont profondément renouveler et faciliter l'analyse des relations entre le génotype et le phénotype.

AGENAE

Depuis trois ans, ces actions de génomique ont été réalisées dans le cadre du programme AGENAE qui est structuré autour des principes suivants :

LES TRAVAUX EN GENOMIQUE AU DEPARTEMENT DE GENETIQUE ANIMALE DE L'INRA

- concentrer les moyens pour acquérir des données génériques sur les principaux génomes d'intérêt en élevage (cartographie génétique et physique, transcriptome), dans le contexte de consortiums internationaux visant le séquençage complet.
- fédérer l'ensemble des équipes des différentes disciplines (génétique, physiologie, pathologie, nutrition) autour de l'usage de matériels et d'outils (transcriptomique, protéomique) pour répondre à des questions scientifiques et finalisées.

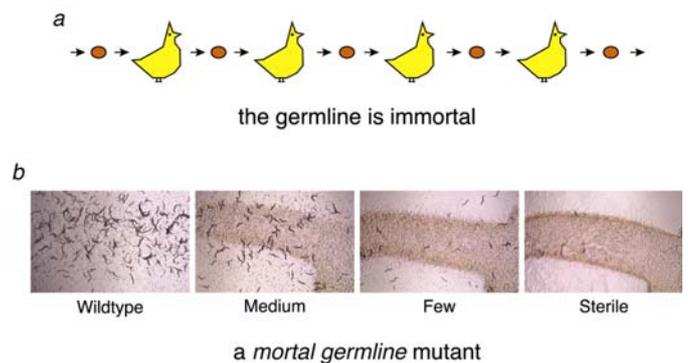
Initié au sein de l'INRA, le programme AGENAE a ensuite été ouvert vers une collaboration organisée entre recherche publique et professions de l'élevage, se traduisant par la création du GIS AGENAE et le soutien du ministère chargé de la recherche à des projets de recherche de type générique (par le FNS) et finalisé (soutien conjoint par le FRT et les partenaires professionnels). Les crédits sont attribués sur appels d'offre ("GENANIMAL") dont le premier a été lancé en avril 2003. Globalement, un budget de 50 millions d'euros sur cinq ans a été retenu, dont 50 % apportés par les établissements de recherche et 50 % de contributions spécifiques attribuées sur appels à projets (5 millions d'euros par le FNS, 10 millions d'euros par les partenaires et 10 millions d'euros par le FRT). Les travaux s'appuient sur les infrastructures collectives (centres nationaux, génopoles), sur le Centre National de Ressources Génomiques Animales mis en place à Jouy en Josas, et sur des plateaux techniques installés dans les principaux centres INRA. Enfin, un système informatique unique est mis en place pour l'ensemble des génomes animaux.

LES ENJEUX DE LA GENOMIQUE EN GENETIQUE ANIMALE DES 12 DERNIERES ANNEES

Ces nouveaux outils sont à l'origine d'un renouvellement majeur de nos disciplines. Deux grands objectifs sont fixés : le premier, à l'échelle des sciences du vivant, est de comprendre l'action et les régulations des gènes dans la construction d'une fonction ; le deuxième vise à identifier les polymorphismes de l'ADN responsables de la variabilité des phénotypes observés, tant à des fins cognitives, pour la compréhension des mécanismes, qu'à des fins de caractérisation de la variabilité génétique et d'utilisation en sélection.

Le premier grand objectif est partagé par les différents départements de production animale de l'INRA, mais aussi par une grande partie de la communauté scientifique en biologie. Le problème, d'une complexité extrême, est la compréhension des réseaux de régulation des gènes.

Le second objectif est plus spécifique du département de génétique animale. Il implique des changements méthodologiques majeurs dans notre activité de recherche. La construction des cartes génétiques arrivant à sa forme la plus aboutie, la séquence des génomes, l'effort consenti depuis 10 ans doit être recentré sur le but initial, l'identification des polymorphismes responsables de la variabilité phénotypique. Plusieurs évolutions sont en cours ou prévues : la recherche systématique de polymorphismes, en particulier *in silico*, et plus particulièrement les polymorphismes dits « Single Nucleotide Polymorphism » ou SNP ; la mise en place d'une capacité de génotypage à haut débit et bas coût ; le développement de méthodologies statistiques pour l'identification, parmi l'ensemble des mutations observées, de celles qui sont causales ; les méthodes de validation fonction-



nelle des gènes et mutations suspectés. Dans ce contexte, on prévoit que l'information moléculaire sera de plus en plus abondante et que le réel facteur limitant sera soit le coût des recherches, soit l'information phénotypique. La biologie intégrative devra donc viser à fortement diminuer ses coûts. D'autre part, les dispositifs expérimentaux, encore plus que maintenant, devront fournir des phénotypes plus précis et plus nombreux, parfois de type nouveau comme par exemple des profils d'expression de gènes.

Une fois ces résultats acquis, un autre défi sera de les intégrer dans les applications qui, pour l'instant reposent essentiellement sur l'information phénotypique et commencent seulement à utiliser l'information moléculaire. Ces applications sont a priori nombreuses, dans la caractérisation des populations, dans l'aide à leur gestion, dans la sélection de caractères peu héréditaires ou difficiles à mesurer, comme la fertilité, la résistance aux maladies ou la composition fine des produits.

Didier BOICHARD

Chef de département de Génétique Animale
INRA - Jouy en Josas

GENOMIQUE...

**Pour en savoir plus... A lire et à commander,
sur le site d'INRA Editions www.inra.fr (INRA Editions)**



Principes des techniques de biologie moléculaire

par Tagu D. éd.

ISBN 2-7380-0859-3

1999, 136 p.

Réf. 01403, 120 F (18,29 €)

Cet ouvrage présente, sous forme de fiches, le principe des techniques de biologie moléculaire employées dans les laboratoires : les théories exposées sont ainsi rendues rapidement accessibles.

Sont concernées les techniques les plus utilisées (enzymes de restriction, clonage...) comme des approches plus récentes et spécifiques (DNA chips, cartes génétiques...).

Rédigé en français, l'ouvrage sera, au laboratoire, une référence pour les étudiants, le personnel technique et les équipes désireuses de s'initier à la biologie moléculaire ; il constitue un excellent complément aux ouvrages décrivant les protocoles de biologie moléculaire.



Les marqueurs moléculaires en génétique et biotechnologies végétales

par de Vienne D. éd.

Coéd. INRA-CNED-AUPELF.UREF

ISBN 2-7380-0776-7 -

1998, 204 p. - Réf. 1381,

225 F (34,30 €)

Depuis une dizaine d'années, l'utilisation intensive des marqueurs moléculaires a d'ores et déjà modifié, voire bouleversé, de nombreux secteurs de la biologie.

Cet ouvrage fait le point sur les marqueurs moléculaires en génétique formelle, génétique des populations, génétique quantitative et biologie moléculaire. Il définit les concepts, explicite les techniques et recense les références bibliographiques nécessaires pour appréhender et utiliser cet outil désormais irremplaçable.

Cette synthèse est centrée sur le domaine végétal. Cependant, comme la plupart des outils et concepts sont communs à tous les organismes pourvus d'ADN, elle sera lue avec profit par tout biologiste ayant recours aux marqueurs, quelle que soit sa problématique.



Techniques de cytogénétique animale

par Popescu P., Hayes H., Dutrillaux B. éd.

ISBN 2-7380-0819-4

1998, 262 p. - Réf. 01394,

290 F (44,21€)

Ce livre décrit les principales théories et les techniques d'obtention des préparations chromosomiques, de marquage et d'étude des chromosomes méiotiques. Il présente aussi les techniques récentes d'hybridation in situ avec des sondes fluorescentes et marquage chromosomique simultané ainsi qu'un domaine en plein essor : la cytométrie en flux et en fente et son application, le tri des chromosomes.

Deux chapitres sont consacrés à des types particuliers de chromosomes : les chromosomes polytènes de la Dro-

sophile et les chromosomes en écouvillon des Amphibiens.

Cet ouvrage s'adresse à tous les biologistes médecins mais aussi aux étudiants et techniciens impliqués dans la cytogénétique animale et humaine.



La fin du "tout génétique" ?

Vers de nouveaux paradigmes en biologie

par Atlan H.

ISBN 2-7380-0863-1

1999, 96 p.

Réf. 01407, 39 F (5,95€)

Les succès comme les excès de la biologie moléculaire se sont en partie construits sur la métaphore informatique du "programme" génétique. Henri Atlan s'interroge sur les implications de cette métaphore pour l'orientation des recherches et des interprétations scientifiques, mais aussi pour l'information destinée aux non-spécialistes, citoyens et décideurs. Des découvertes récentes concernant les prions, le clonage ou la biologie du développement viennent ébranler le modèle, relancer le débat sur les effets épigénétiques et soulignent les limites de ce nouveau réductionnisme.

Les théories de la complexité et de l'auto-organisation du vivant, dont Henri Atlan fut l'un des pionniers, éclairent ces questions et permettent de les situer dans la perspective plus globale de l'évolution de la biologie moderne.

AGENDA... AGENDA... AGENDA... AGENDA... AGENDA

 <p>2004 JOINT MEETING ST. LOUIS, MISSOURI - JULY 25-29</p>	<p><i>Du 25 au 29 juillet 2004</i></p> <p>ADSA Joint Meeting St Louis - Missouri - USA</p> <p>Site : http://www.fass.org/2004/</p>	 <p>Farm Animal Welfare Audits: REALITY CHECK SUNDAY JULY 25, 2004 ST. LOUIS, MO</p>	<p><i>Le 25 juillet 2004</i></p> <p>Farm Animal Welfare Audits St Louis - Missouri - USA</p> <p>Site : http://www.fass.org/seminars/</p>
	<p><i>Du 30 août au 4 septembre 2004</i></p> <p>X International Symposium on Ruminant Physiology</p> <p>Copenhagen, Denmark</p> <p>Site : http://www.isrp2004.dk e-mail : isrp2004@kvl.dk</p>	 <p>VI Intern. Workshop on Modelling Nutrient Utilization in Farm Animals Wageningen University, Netherlands</p> <p>Site : http://www.zod.wau.nl/anu/iwmnu6/ E-mail : jan.dijkstra@wur.nl</p>	<p><i>Du 6 au 8 Septembre 2004</i></p> <p>VI Intern. Workshop on Modelling Nutrient Utilization in Farm Animals</p> <p>Wageningen University, Netherlands</p> <p>Site : http://www.zod.wau.nl/anu/iwmnu6/ E-mail : jan.dijkstra@wur.nl</p>

AGENDA... AGENDA... AGENDA... AGENDA... AGENDA

Du 14 au 17 Septembre 2004 : Nottingham Feed Conference à **Nottingham (UK)**

Contact : feed-man-conf@nottingham.ac.uk - www.nottingham.ac.uk/feedcong/

Du 07 au 08 Octobre 2004 : 6èmes Journées de la recherche Palmipèdes à foie gras à Arcachon

Contact : Tél : 05 58 85 44 12 (Evelyne Sazy) Fax : 05 58 85 44 11 - sazy@itavi.asso.fr

Du 11 au 13 Octobre 2004 : Congrès international de la Société Internationale pour l'hygiène Animale (ISAH) : Productions animales - comment s'adapter ? à **St Malo**

Contact : Tél : 02 96 78 61 30 (Geneviève Clément) - isah2004@zoopole.asso.fr

Prochains Congrès FEZ

2004 : 55th EAAP Annual Meeting - Bled et Ljubljana, SLOVENIE du 5 au 9 septembre 2004

2005 : 56th EAAP Annual Meeting - Stockholm et Uppsala - SUEDE

2006 : 57th EAAP Annual Meeting - Antalya - TURQUIE

2007 : 58th EAAP Annual Meeting - La réunion annuelle devrait se tenir en IRLANDE

Futur : Invitation reçue d'ISRAEL

Pour connaître les congrès français et internationaux mais également les salons et formations,

aller visiter le site : www.inapg.inra.fr/dsa/afz/news.htm

PRESENTATION ET NOUVELLES DES ORGANISMES

France UPRA* Sélection

Fédération française des UPRA et des associations d'éleveurs tenant les Livres Généalogiques



C'est une association Loi 1901 sans but lucratif, créée en 1969 par le Décret d'Application de la Loi sur l'Élevage de 1966, comme parlement de la race, dans lequel se regroupent tous les acteurs d'une filière raciale intéressés par la gestion et l'utilisation de cette race. L'UPRA définit pour une race donnée les caractéristiques de la race et certifie l'appartenance d'un animal à cette race. Elle définit les orientations de sélection, et le programme d'amélioration génétique pour faire progresser la race dans la voie fixée. Elle a en charge la tenue du Fichier Racial (généalogies, caractéristiques des animaux...) et délivre les documents officiels des reproducteurs. L'UPRA a aussi pour mission de promouvoir la race et son programme, en France et à l'étranger (des associations de races ne sont pas structurées en UPRA, mais sont garantes des missions fondamentales).

Elle définit les orientations de sélection, et le programme d'amélioration génétique pour faire progresser la race dans la voie fixée. Elle a en charge la tenue du Fichier Racial (généalogies, caractéristiques des animaux...) et délivre les documents officiels des reproducteurs. L'UPRA a aussi pour mission de promouvoir la race et son programme, en France et à l'étranger (des associations de races ne sont pas structurées en UPRA, mais sont garantes des missions fondamentales).

Historique de la création de l'association

Le Comité fédératif des Livres Généalogiques (créé en 1947), puis l'UNLG (Union Nationale des Livres Généalogiques – 1959), déjà abrités par l'INAPG, sont les ancêtres de France UPRA Sélection. Ces deux structures ont eu un rôle de conseil technique auprès des associations d'éleveurs gérant les races ainsi qu'auprès du ministère de l'agriculture (les instituts techniques n'existant pas).

En 1998, l'UNLG a laissé place à France UPRA Sélection, association Loi 1901 qui fédère les associations d'éleveurs, en sections par espèce.

Champs d'activité et exemple d'actions en cours

Les missions de France UPRA Sélection :

- ◆ *Représenter l'ensemble de ses membres*, en siégeant dans toutes les instances où les races sont concernées ;
- ◆ *Assurer l'encadrement national de la génétique* : actrice importante de la sélection animale, France UPRA Sélection est garante de la biodiversité pour une valorisation des territoires et des filières ;
- ◆ *Animer les programmes sanitaires ruminants* : coordination et suivi technique des programmes Visna-Maëdi et Tremblante ; implication au sein de l'Association pour la CERTification Sanitaire en élevage (ACERSA) ;
- ◆ *Offrir un appui technique à ses adhérents* : France UPRA Sélection apporte un service individuel ou collectif sur des problématiques diverses ;
- ◆ *Promouvoir le concept de race* et les races françaises en France et à l'étranger
- ◆ *Participer à la confédération européenne des fédérations nationales des associations d'éleveurs (UNEGAS)* dont France UPRA Sélection est membre fondateur ;

Informations :

- ◆ *Site web France UPRA Sélection*, avec toutes les informations concernant la fédération et ses membres : <http://www.fus.asso.fr/>
- ◆ *Site web Espèces* : ce site (hébergé sur celui de l'INA-PG) présente les caractéristiques générales des races. Il comporte des liens avec les sites des associations gérant les races : <http://www.inapg.inra.fr/dsa/especes/especes.htm>
- ◆ *Publications* : France UPRA Sélection publie les données et les informations sur les populations raciales et sur les activités de

ses membres (pour le moment bovins).

Promouvoir :

- ◆ *Salon International de l'Agriculture, TechOvin* : France UPRA Sélection participe activement à l'organisation de ces salons pour mettre en avant le savoir faire des éleveurs et l'intérêt de la diversité raciale ;
- ◆ *Challenge National UPRA* : France UPRA Sélection et le Concours Général Agricole récompensent chaque année un éleveur de chaque race pour son implication dans la sélection et la promotion de la race au service des filières, pour la qualité des produits et la satisfaction des consommateurs.

Eduquer :

- ◆ *Rumimédia* : logiciel de reconnaissance des races bovines, caprines et ovines, développé par l'ESAP et l'INA-PG en collaboration avec France UPRA Sélection, disponible en accès gratuit : <http://www.rumimedia.com/>
- ◆ *Sauvegarde* : la diversité des animaux d'élevage étant un patrimoine irremplaçable, les éditions du Gulf Stream en partenariat avec France UPRA Sélection ont réalisé une série de documents pour sensibiliser le grand public.

Structures administratives :

France UPRA Sélection est gérée par une Assemblée Générale souveraine, un Conseil d'Administration et un Président soutenus par un Bureau. Elle représente 62 associations adhérentes, soit 402 races réparties en 8 espèces : 26 races bovines, 47 races ovines, 3 races caprines, 5 races (locales) porcines, 1 race asine, 2 races équinnes, 254 races canines, 64 races félines

Au sein de France UPRA Sélection cohabitent donc en bonne intelligence des espèces très différentes, de l'animal de rente (traditionnellement) à l'animal de compagnie. Tous ses membres partagent une certaine conception du respect des races et de leur diversité. Chacune en effet présente des caractéristiques (*apparence, comportement, performances de production...*) adaptées à une relation, à un mode d'élevage, une utilisation particulière (*protection, compagnie, valorisation de l'espace...*).

Au delà des différences, la relation entre l'Homme et l'animal constitue un point de convergence indéniable : c'est l'identité (*noms, connaissance des lignées...*) qui lie les espèces d'animaux de compagnie et les espèces de rente. Faire le lien entre les espèces, tel est le but de France UPRA Sélection pour rapprocher l'élevage traditionnel du reste de la société, très attachée aux animaux de compagnie.

L'équipe administrative est composée de 6 personnes : 1 directeur ; 1 assistante ; 3 animateurs (1 référente sections bovine, équidés, féline ; 1 référente sections ovine, caprine, canine, porcine ; 1 animateur du programme de lutte génétique contre la Tremblante), 1 vétérinaire conseil.

Stéphane PATIN

* UPRA = Unité nationale de sélection et de Promotion de la RACE

FUS

16 rue Claude Bernard
75231 PARIS Cedex 05
Tél. : 01 44 08 17 46
Fax : 01 44 08 17 47

E-mail :

France.UPRA@inapg.fr

Site web :

<http://www.fus.asso.fr/>

PRESENTATION ET NOUVELLES DES ORGANISMES...**BRG
Bureau des Ressources Génétiques**

Le *BRG* est né en 1983. Il a été doté des statuts de Groupement d'Intérêt Scientifique en 1998. Il relève d'une volonté des pouvoirs publics de se doter d'une structure pour assurer la mobilisation de toutes les compétences et développer la concertation, indispensable, au plan national dans le domaine des res-

sources génétiques animales, végétales et microbiennes. Cette structure est constituée des ministères en charge de la recherche, de l'industrie, de l'agriculture, de l'environnement, des Territoires d'Outre-Mer et de la coopération ainsi que de l'INRA, du CNRS, du CIRAD, du GEVES, de l'INFREMER, de l'IRD et du Muséum National d'Histoire Naturelle.

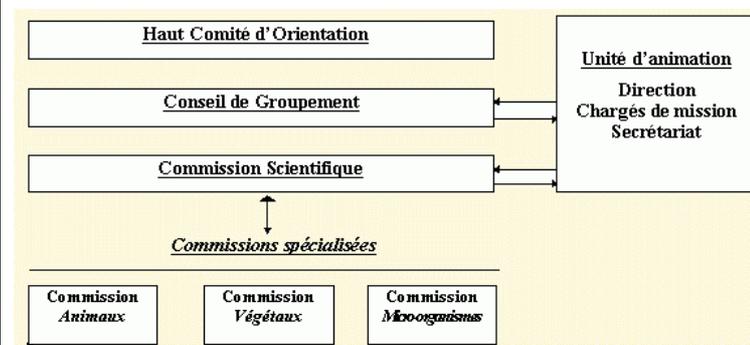
Le *BRG* a des missions larges et complémentaires :

- Développer la réflexion, organiser la concertation et harmoniser les actions au plan national. La Charte Nationale pour la gestion des ressources génétiques a été éditée en 1998.
- Promouvoir la recherche et favoriser le transfert des connaissances. Le **prochain colloque BRG** aura lieu en les 3, 4 et 5 novembre 2004.
- Informer et communiquer. Le site Web du BRG est le suivant : www.brg.prd.fr

Assurer l'expertise et la représentation française auprès des instances européennes et mondiales. Dans le cadre de la Stratégie Mondiale de gestion des ressources génétiques animales mise en place par l'OAA, le BRG est Centre National de Coordination et Centre Régionale de Coordination - Europe.

Publications :

Le BRG contribue à l'édition d'ouvrages ou de synthèses concernant les ressources génétiques animales, végétales et microbiennes et communique sur ses travaux par le biais d'articles dans des revues variées. Il édite une lettre d'information « La Lettre du BRG » dont les anciens numéros sont disponibles en ligne sur leur site Web.

**Organisation :**

16 rue Claude Bernard 75231 Paris Cedex 05
Tél : 01.44.08.72.61
Mail : brg@inapg.inra.fr
Web : www.brg.prd.fr

**Un ouvrage recommandé...
à commander en ligne****PENSER LA RECHERCHE
L'exemple de la physiologie animale**
François du Mesnil du Buisson

Acteurs de la Science

HISTOIRE SCIENCES ET TECHNIQUES

ISBN : 2-7475-5156-3 • novembre 2003 •

96 pages

Prix éditeur : 9,5 € / 62 FF

L'auteur propose dans un document accessible de 98 pages une réflexion sur la démarche scientifique propre à la recherche agronomique. La physiologie de la reproduction a connu un essor considérable au cours des 50 dernières années, à partir des observations et des expérimentations effectuées dans le monde animal, principalement sur les animaux de ferme.

Sur le plan scientifique, les études sur la fertilité mâle, sur la fertilité femelle ont permis une maîtrise de la fécondation, l'insémination artificielle, la fécondation in vitro, puis le clonage chez les mammifères. Elles débouchent sur un arsenal de techniques de santé qui concernent désormais la médecine et l'art vétérinaire.

A partir de ses propres expériences, l'auteur apporte des éclairages sur la relation entre la soif de savoir du chercheur et la construction des faits scientifiques, sur la place du scientifique dans la société, sur les liens entre science, techniques et innovation. Au delà des craintes qu'elles suscitent parfois, toutes ces techniques sont globalement porteuses d'espoir pour l'humanité.



www.editions-harmattan.fr

Un ouvrage toujours recommandé... à commander en ligne

Publiées en octobre 2002 par INRA Editions, les tables INRA-AFZ se sont vendues à plus de 2700 exemplaires, ce qui est une réussite pour un ouvrage très spécialisé. Compte tenu de ce succès, plusieurs ouvrages ont été mis en route en 2003 pour publication en 2004 et 2005.

Suite à l'épuisement de la première édition, une deuxième édition française revue et corrigée est commercialisée depuis mars 2004 (à l'occasion du Salon de l'Agriculture).

Une édition espagnole, traduite par des zootechniciens de l'Université Polytechnique de Madrid (dont Carlos de Blas), est commercialisée depuis mars 2004 dans les pays hispaniques par Mundi Prensa. L'ouvrage peut être commandé sur le site de l'éditeur <http://www.mundiprensa.com/>

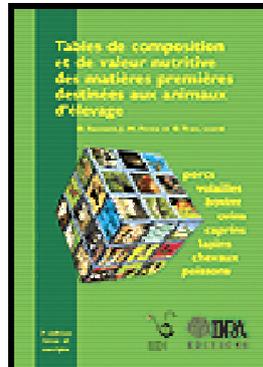
Une édition anglaise, traduite par Andrew Ponter de l'ENV Alfort, est commercialisée depuis mai 2004 par INRA Editions et Wageningen Academic Publishers. La première vente au public a eu lieu lors du VIC-TAM (salon international de l'alimentation animale à Utrecht). L'ouvrage peut être commandé sur le site de l'éditeur <http://www.wageningenacademic.com/>

Toutes éditions confondues, les tables ont été diffusées à près de 10000 exemplaires.

Nous travaillons également, avec Ajinomoto Animal Nutrition et INRA Editions, à une version en chinois, qui serait publiée fin 2004 ou début 2005.

Les données INRA-AFZ seront également intégrées à différents ouvrages en préparation, notamment une édition revue et corrigée des Tables de l'alimentation des bovins, ovins et caprins prévue pour la rentrée scolaire 2005.

Gilles TRAN

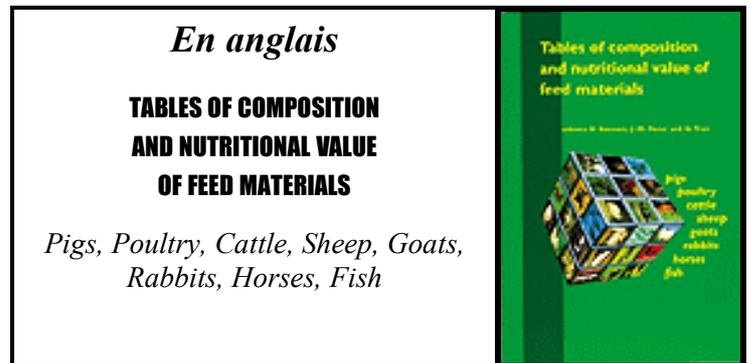


En français

TABLES DE COMPOSITION ET DE VALEUR NUTRITIVE DES MATIÈRES PREMIÈRES DESTINÉES AUX ANIMAUX D'ÉLEVAGE

2^{ème} édition, revue et corrigée

www.inra.fr (INRA Editions)



En anglais

TABLES OF COMPOSITION AND NUTRITIONAL VALUE OF FEED MATERIALS

Pigs, Poultry, Cattle, Sheep, Goats, Rabbits, Horses, Fish

www.inra.fr (INRA Editions)
www.wageningenacademic.com



En espagnol

TABLAS DE COMPOSITION Y DE VALOR NUTRITIVO DE LAS MATERIAS PRIMAS DESTINADAS A LOS ANIMALES DE INTERÉS GANADERO

Cerdos, Aves, Bovinos, Ovinos, Caprinos, Conejos, Caballos, Peces

www.mundiprensa.com (Libros - Zootecnia)

Et bientôt en chinois...