

Identification d'une nouvelle anomalie en race Blonde d'Aquitaine

Les équipes de l'INRAE et d'Elliance travaillant pour l'ONAB (Observatoire National des Anomalies Bovines) sont chargées d'étudier les anomalies rencontrées au sein des races bovines. Les suspicions sont établies à partir de cas pratiques, le plus souvent une mortalité inexpliquée avec des comportements ou des symptômes précis. Dans le cadre de ce travail, ces équipes avaient recensé depuis plusieurs années des cas d'animaux présentant des symptômes similaires à l'axonopathie, mais n'étant pas porteurs de la mutation connue jusqu'à ce jour. Les différents travaux d'analyse et de croisement des données de génotypages ont permis, au bout de plusieurs années, de confirmer l'existence d'une nouvelle axonopathie dans la race. Cette dernière est située sur le chromosome 17 des animaux de race Blonde d'Aquitaine. Concrètement, les animaux homozygotes présentent des symptômes similaires à ceux de l'axonopathie connue jusqu'à maintenant, mais avec une apparition de ces derniers qui peut en revanche être plus tardive. Afin de différencier cette anomalie de la première axonopathie découverte dans la race, il a été décidé de la nommer « Axonopathie 17 ».

Par anticipation, et avant que l'existence de la mutation n'ait été définitivement prouvée, la puce utilisée pour nos génotypages avait été mise à jour en 2021, afin de prendre en compte la variabilité d'expression du génome dans cette zone précise. Après les études évoquées précédemment, les équipes ont pu identifier clairement l'existence d'une mutation sur ce chromosome. Ce travail d'anticipation a ainsi permis de connaître le statut de l'ensemble des animaux génotypés depuis 2021 vis-à-vis de cette nouvelle anomalie. A la suite d'une rencontre entre les équipes de l'organisme de sélection et des différentes structures de recherche, nous avons pu accéder au statut des animaux génotypés depuis 2021. Enfin, le travail d'analyse et de remontée des pedigrees, nous a permis d'identifier trois animaux qui semblent expliquer 95% des cas détectés. Ces animaux sont :

- FR 6464044144 – ORVIL – EEE
- FR 2485016047 – AMETISTE – INS
- FR 8235484351 – NOCTAMBULE – RRJ

A ce stade, sur plus de 14.000 génotypages réalisés depuis 2021, on ne dénombre que 106 animaux porteurs hétérozygotes de l'anomalie. Dans un premier temps, les éleveurs détenteurs et nasseurs de ces animaux ont été prévenus afin de leur transmettre l'information au plus vite. Si vous n'avez pas été directement destinataire d'un courrier traitant de ce sujet, c'est qu'aucun des animaux nés dans votre élevage ou que vous détenez, génotypé depuis 2021, n'est porteur de l'anomalie.

La première conclusion que l'on peut émettre est que nous ne sommes pas dans la même situation que lors de la découverte de la première axonopathie. En effet, nous n'avons pas à faire face à de nombreux produits issus de l'accouplement de deux animaux porteurs hétérozygotes. La découverte précoce de cette anomalie va ainsi permettre une gestion sereine tout en restant vigilant aux lignées à risque et aux potentiels porteurs.

Pour ce faire, le test de l'axonopathie 17 a été intégré au pack Blondotyp, conjointement avec le lancement du site Genorizon permettant de consulter vos résultats de génotypages. La remontée du statut de vos animaux pour cette anomalie se fait maintenant automatiquement.