

POURQUOI UNE ONTOLOGIE DÉDIEE AUX ANIMAUX D'ÉLEVAGE ?

par Pierre-Yves **Le Bail**¹, Jaap **van Milgen**², Pascale **Le Roy**³

Les avancées technologiques récentes de la biologie permettent aujourd'hui le recueil en masse de données qui permettent de décrire finement les grandes fonctions du vivant (épigénome, transcriptome, protéome, métabolome...). Ces données participent à une connaissance approfondie des caractéristiques de chaque individu, c'est-à-dire de son phénotype, résultat de l'expression et de la régulation de son génome. La caractérisation de chaque phénotype implique un traitement informatique des données qui a révélé l'urgence de pouvoir disposer d'un langage standardisé définissant sans ambiguïté les caractères (en anglais « traits ») auxquels pourront se référer des utilisateurs très variés (généticistes, physiologistes, biochimistes, producteurs...). La construction de ce langage passe par le recours aux ontologies, ensembles structurés de termes et concepts qui s'adressent à un champ défini d'informations organisées pour répondre aux besoins des utilisateurs. En biologie animale la démarche ontologique est déjà très avancée pour plusieurs espèces académiques comme la souris. Les analyses ontologiques se développent rapidement aussi en médecine.

Aujourd'hui, aucune de ces ontologies n'est spécifiquement dédiée aux animaux d'élevage (poissons, volailles, mammifères). Face à cet enjeu, L'INRA en France et USDA aux USA ont décidé d'œuvrer à la mise en place d'un programme nommé ATO (pour « Animal Trait Ontology ») visant à définir et à organiser les caractères phénotypiques des animaux d'élevage intégrant les préoccupations sociétales avec comme finalité les productions d'intérêt (lait, viande, fertilité, alimentation).

Ce programme permettra la création d'outils pour des objectifs très divers. Il devrait par exemple faciliter le repérage des constantes fonctionnelles des groupes de gènes au cours de l'évolution afin d'en tirer des règles générales au sein des vertébrés. Il facilitera aussi la construction de modèle *in silico* mimant la physiologie cellulaire et animale afin d'appréhender plus rapidement et à moindre coût l'impact des variations environnementales. Mais c'est sans doute au niveau de la sélection génétique que les attentes sont les plus grandes. A court terme, ATO devrait aider à établir des relations génotype/phénotype plus précises et à associer un phénotype à chaque allèle, en cernant mieux la variabilité liée à la plasticité physiologique et aux marques épigénétiques induites par le contexte environnemental. Cette démarche devrait ouvrir alors la voie à une approche systémique et non plus seulement multicritères de la sélection animale. A partir de l'ensemble des caractères définis par ATO, il pourra être envisagé de modéliser, via une extraction de l'information par analyse sémantique et des méta-analyses, le fonctionnement théorique de l'animal d'élevage dans un contexte environnemental. Ce travail de modélisation permettra d'optimiser les réponses multiples recherchées et de mettre en exergue un nombre raisonnable de caractères pertinents pour les programmes de sélection génétique.

¹ Directeur de Recherches à la Station Commune de Recherches en Ichtyophysiologie, Biodiversité et Environnement de l'INRA de Rennes (UMR INRA-Agrocampus de Rennes, Unité SCRIBE). Ses travaux portent sur l'effet de l'environnement sur la régulation hormonale et sur l'expression des gènes au cours du développement chez les poissons.

² Ingénieur de Recherche dans l'UMR Système d'Élevage, Nutrition et Alimentation Humaine (UMR INRA-Agrocampus de Rennes, Unité SENAH) ou il mène des recherches sur le métabolisme énergétique et la modélisation de la réponse de l'animal aux apports nutritionnels chez les animaux de rente.

³ Directrice de Recherche dans l'UMR (UMR INRA-Agrocampus de Rennes, Unité GARen), Elle développe des travaux sur la sélection génétique par eQTL sur l'engraissement des animaux d'élevage.

Contact : pylebail@rennes.inra.fr