



HAL
open science

ATOL - Animal Trait Ontology for Livestock: une ontologie des caractères phénotypables sur les animaux de rente

Alice Fatet, Catherine Hurtaud, Jérôme Bugeon, Olivier Dameron, Isabelle Hue, Marie-Christine Meunier-Salaün, Matthieu Matthieu.Reichstadt@inrae.fr Reichstadt, Alain Valancogne, Jean Vernet, J. Reecy, et al.

► **To cite this version:**

Alice Fatet, Catherine Hurtaud, Jérôme Bugeon, Olivier Dameron, Isabelle Hue, et al.. ATOL - Animal Trait Ontology for Livestock: une ontologie des caractères phénotypables sur les animaux de rente. 18. Rencontres autour des Recherches sur les Ruminants, Dec 2011, Paris, France. pp.355. hal-01019376

HAL Id: hal-01019376

<https://hal.science/hal-01019376>

Submitted on 3 Jun 2020

HAL is a multi-disciplinary open access archive for the deposit and dissemination of scientific research documents, whether they are published or not. The documents may come from teaching and research institutions in France or abroad, or from public or private research centers.

L'archive ouverte pluridisciplinaire **HAL**, est destinée au dépôt et à la diffusion de documents scientifiques de niveau recherche, publiés ou non, émanant des établissements d'enseignement et de recherche français ou étrangers, des laboratoires publics ou privés.

ATOL - Animal Trait Ontology for Livestock : une ontologie des caractères phénotypables sur les animaux de rente

ATOL - Animal Trait Ontology for Livestock : an ontology on measurable traits on livestock

FATET A. (1), HURTAUD C. (2), BUGEON J. (3), DAMERON O. (4), HUE I. (5), MEUNIER-SALAÜN M.C. (6), REICHSTADT M. (7), VALANCOGNE A. (6), VERNET J. (7), REECY J. (8), PARK C (8), LE BAIL P.Y. (3)

(1) INRA UMR 0085 Physiologie de la Reproduction et des Comportements, F-37380 Nouzilly, France

(2) INRA Agrocampus Ouest UMR Production du Lait, F-35590 Saint-Gilles, France

(3) INRA UR 1037 Station Commune de Recherches en Ichtyophysiologie, Biodiversité et Environnement, F-35000 Rennes, France

(4) INSERM U936, Université de Rennes I, F-35000 Rennes, France

(5) INRA UMR 1198 Biologie du Développement et de la Reproduction, F-78352 Jouy-en-Josas, France

(6) INRA Agrocampus Ouest UMR Systèmes d'Élevage, Nutrition Animale et Humaine, F-35590 Saint-Gilles, France

(7) INRA UR Herbivores, Theix, F-63122 Saint-Genes-Champanelle, France

(8) Iowa State University, Department of Animal Science, Ames, IA, USA

1. CONTEXTE ET DEFINITIONS

1.1 Phénotypage

Un phénotype est l'état d'un(de) caractère(s) observable(s) chez un organisme vivant. Pour un caractère donné, il peut être considéré à différentes échelles, moléculaire, cellulaire, ou macroscopique. Par extension, il peut être l'ensemble des états des caractères observables d'un individu. Le phénotype est la résultante de l'expression du génotype et de l'influence de son environnement.

Il permet de :

- Différencier des espèces ou des populations entre elles (écologie, taxonomie, génétique des pop...),
- Comprendre la fonction d'un gène (variabilité allélique, transgénique, mutagénèse...) et ses interactions avec d'autres gènes (biologie moléculaire, physiologie...),
- Sélectionner des variétés ou races plus performantes en élevage (génétique quantitative)

Les avancées technologiques de la biologie permettent le recueil en masse de données qui offrent la possibilité de décrire de plus en plus finement les grandes fonctions du vivant (Hocquette et al, 2008). Ces données apportent une connaissance approfondie des caractéristiques uniques de chaque individu, c'est-à-dire de son phénotype, résultat de l'expression et de la régulation de son génome en particulier par son environnement.

1.2. Ontologies

La caractérisation de chaque phénotype implique un traitement informatique des données, révélant l'urgence de pouvoir disposer d'un langage standardisé, explicite, définissant sans ambiguïté les traits auxquels pourront se référer des utilisateurs très variés (généticiens, physiologistes, biochimistes, producteurs, documentalistes...).

La construction de ce langage passe par le recours aux ontologies. Une ontologie décrit un **domaine d'intérêt** à l'aide de concepts et de relations **clairement définis**. Les concepts sont organisés de **manière structurée** (souvent une structure hiérarchique). Le sens d'un terme est utilisé **de façon univoque**. Les termes utilisés doivent être **lisibles par des machines**.

Il existe aujourd'hui de nombreuses bases ontologiques en biologie (PATO-Phenotypic Quality Ontology, ChEBI, Digital Morphology, Zebrafish Anatomical Ontology, Disease Ontology, Infectious Disease Ontology, Gene Ontology, Mouse Genome Informatics...) mais celles traitant plus directement de phénotypage (Human trait ontology, Mammalian Phenotype Ontology...) s'adressent plus généralement à l'homme, ou aux modèles animaux utilisés pour étudier les maladies humaines.

1.3. Pourquoi une ontologie dédiée aux animaux d'élevage ?

Aujourd'hui, aucune ontologie n'est spécifiquement dédiée aux animaux d'élevage (poissons, volailles, mammifères). Face à cet enjeu, l'INRA en France (Monget et Le Bail, 2009) en collaboration avec l'USDA aux USA (Hughes et al, 2008) a mis en place un programme nommé ATOL, pour « Animal Trait Ontology for Livestock », visant à définir et à organiser les caractères phénotypiques des animaux d'élevage intégrant les préoccupations sociétales avec comme finalité les productions d'intérêt :

- Adaptation and stress,
- Feed and diet,
- Nutrition and feed efficiency,
- Growth and meat production,
- Mammary gland and milk production,
- Reproductive system and fertility.

2. OBJECTIFS

Les objectifs sont les suivants :

1. Disposer d'une ontologie de référence pour le phénotypage des animaux d'élevage et partagée par la communauté scientifique et enseignante internationale décrivant de la manière la plus juste les caractères phénotypables
2. Disposer d'un **langage** utilisable par les programmes **informatiques** (gestion des bases de données, analyse sémantique, modélisation...)
3. Avoir des traits les plus **génériques** possibles pour les différentes espèces de vertébrés intégrées (Mungall et al, 2010)
4. Rendre l'ontologie la plus **opérationnelle** possible (pertinente dans le choix des caractères phénotypiques inclus et explicite sur les conditions et techniques de mesure)
5. Structurer la base à des fins de **production**

ATOL devrait aider à établir des relations génotype-phénotype plus précises, en cernant mieux la variabilité liée à la plasticité phénotypique et aux marques épigénétiques induites par le contexte environnemental. Cette démarche pourrait ouvrir alors la voie, en s'appuyant sur des analyses sémantiques, à une approche systémique et prédictive plus performante pour la sélection animale.

Hocquette J F *et al.*, 2008. Renc. Rech. Ruminants 15 : 439-442

Hughes L. M., Bao J., Hu, V. Honavar Z. L., and Reecy J. M.. 2008. J.Anim Sci. 86 (6):1485-1491

Monget P, le Bail P Y, 2009. Renc. Rech. Ruminants 16 : 407-409

Mungall C J, Gkoutos G V, Smith C L, Haendel M A, Lewis S E & Ashburner M, 2010. Genome Biology 2010, 11 (1): (1) p. R2