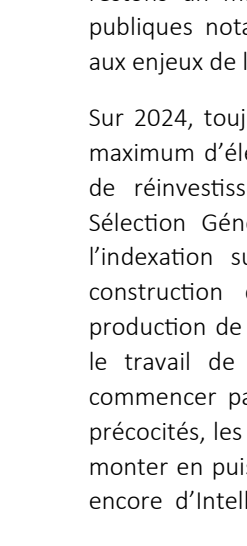


n°171 01/2025



## Edito

Chers partenaires,  
Je suis heureux de m'adresser à vous pour commencer 2025 via cette Newsletter qui fête ses 4 ans.  
Au travers des seize numéros précédents, vous avez pu juger de "l'Homni/sciences" de la génétique et sa « quotidiennisation » dans nos pratiques d'éleveurs. APIS-GENE y joue un rôle majeur et est un acteur clé mais pour autant nous restons un maillon d'un collectif large, agrégeant les forces privées et publiques notamment au travers d'INRAE, indispensables pour répondre aux enjeux de l'élevage.

Sur 2024, toujours plus de valorisations ont été déployées pour servir un maximum d'éleveurs : progression globale de nos valorisations synonymes de réinvestissement dans de nouveaux programmes, ouverture à la Sélection Génétique pour 3 nouvelles races allaitantes, couverture de l'indexation susceptible à la paratuberculose en race Normande et construction d'un programme pour l'élevage des bovins allaitants, production de l'indexation méthane en laitiers. Nous avons aussi poursuivi le travail de fond sur les priorités génétiques de nos actionnaires à commencer par la réduction du méthane entérique, les croisements, les précocités, les caractères de santé et les anomalies bovines, tout en faisant monter en puissance les nouveaux outils d'épigénétique, de monitoring ou encore d'Intelligence Artificielle.

Avec vous et pour les éleveurs, nous restons résolument dédiés à l'innovation et au Progrès avec en tête la phrase de Georges Courteline, « Et pendant que les années passent, les idées marchent » ; alors courons !  
Tous mes vœux de réussite pour cette nouvelle année qui si elle n'accueillera pas les JO n'en restera pas moins sportive !

Bonne lecture.

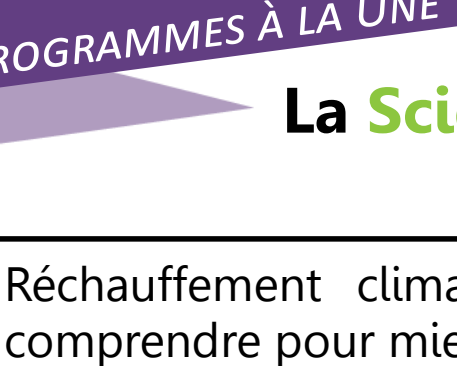
Daniel Porvin, Président



## Sommaire

- En vedette**
- Programmes à la Une**
  - Réchauffement climatique et bovins : comprendre pour mieux agir
  - L'épigénétique pour déduire la compétence immunitaire des bovins
  - 15 ans après, quels sont les apports de la sélection génomique bovine ?
- Du côté des doctorants**
  - SelViG<sup>2</sup>, améliorer la vitalité des génisses par la sélection génomique
- Valorisation**
  - [Caprins] Toucher le parasitisme mais du bout de l'index (ou presque) !
- Calendriers**
  - Le bon coin des actionnaires

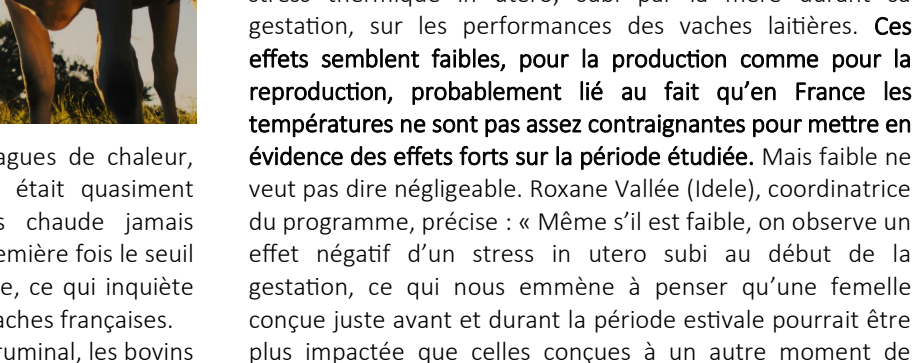
## En vedette : Les 3R, un tour d'horizon des recherches pour mieux innover pour les filières de ruminants



En décembre 2024, les 3R (Rencontres autour des Recherches pour les Ruminants), organisés par Idele et INRAE, fêtaient leurs 30 ans.

Le 27<sup>ème</sup> Congrès, qui réunissait au centre des Congrès de la Villette quelques 640 scientifiques, professionnels des filières d'élevages et étudiants, offrait un panorama de recherches en cours sur l'ensemble des thématiques qui ont attiré à nos filières de ruminants, de l'économie à l'alimentation, en passant notamment par l'environnement, l'adaptation au changement climatique, mais également la génétique.

Si une session entière était dédiée à nos sujets génétiques, portant notamment sur les résultats des programmes OBGENO (2023-2024), PRECOBEEF 2 (2022-2026), MethaFor (2022-2025) ou encore PHENO3D (2022-2024), la génétique est bien apparue lors de ce congrès comme un levier transversal et multithématique. Par exemple, la génétique est présentée comme un levier d'adaptation au réchauffement climatique avec CAIcalor (2020-2024) ou d'amélioration de la résilience des animaux avec RésiLait (2019-2024).



© LinkedIn 3R—Rencontres autour des Recherches pour les Ruminants

Côté posters, une petite dizaine d'entre eux mettaient en avant des études soutenues par APIS-GENE.

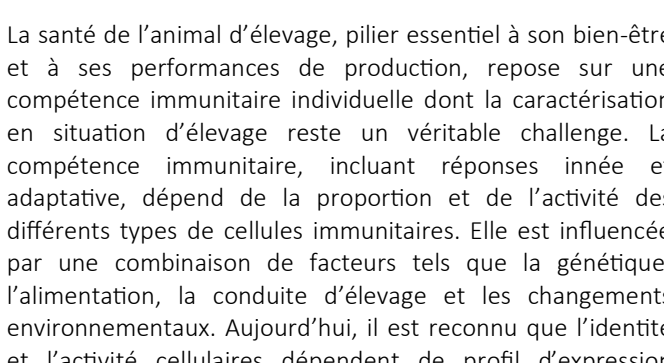
Les congrès comme les 3R sont un temps fort, lieux d'échanges privilégiés avec nos partenaires scientifiques publics et privés. Alors, comme depuis les 4 précédentes éditions, APIS-GENE a eu le plaisir d'être sponsor argent de cet événement.

En savoir plus sur les 3R [ici](#).

## PROGRAMMES À LA UNE La Science avance pour nos Filières !

### Réchauffement climatique et bovins : comprendre pour mieux agir

CAIcalor – R&D – 2020/2024  
497 K€ dont 147 K€ financés par APIS-GENE



Avec des températures record et deux vagues de chaleur, l'observatoire Copernicus a déclaré qu'il était quasiment certain que l'année 2024 soit la plus chaude jamais enregistrée, et qu'elle dépassera pour la première fois le seuil des 1,5°C par rapport à l'ère préindustrielle, ce qui inquiète pour le bien-être et les performances des vaches laitières. En effet, en partie à cause de leur système ruminal, les bovins sont peu adaptés à la chaleur, et leur température de confort oscille entre -5°C et 20°C. L'adaptation au changement climatique est donc un enjeu crucial pour l'élevage bovin français, et le programme CAIcalor, soutenu par APIS-GENE en 2020, avait pour ambition d'amorcer cette thématique, notamment en lien étroit avec le programme européen H2020 RumiGen.

Le programme CAIcalor aura également permis de constituer, en partenariat avec le réseau ELIANCE, une banque de 120 éjaculats de semences produites avant, pendant et après des vagues de chaleur pour des mêmes taureaux, essentiellement de race Holstein, mais également plus marginalement Normand et Charolais. Cette banque permettra, pour de prochains projets, de capitaliser sur des échantillons biologiques d'intérêt.

En parallèle, les chercheurs se sont intéressés aux effets d'un stress thermique in utero, subi par la mère durant sa gestation, sur les performances des vaches laitières. Ces effets semblent faibles, pour la production comme pour la reproduction, probablement lié au fait qu'en France les températures ne sont pas assez contraignantes pour mettre en évidence des effets forts sur la période étudiée. Mais faible ne veut pas dire négligeable. Roxane Vallée (Idele), coordinatrice du programme, précise : « Même s'il est faible, on observe un effet négatif d'un stress in utero subi au début de la gestation, ce qui nous emmène à penser qu'une mère plus impactée que celles conçues à un autre moment de l'année. Combiné à des baisses du taux de conception d'en moyenne 8 points chez les Holstein inséminées juste avant une période de stress thermique, la reproduction en période estivale va être de plus en plus problématique ».

Pour accompagner les filières afin qu'elles puissent, à terme, être en mesure de faire face au défi du réchauffement climatique, il était donc nécessaire d'établir un premier état des lieux de son impact sur les performances, qu'elles soient de production ou de reproduction, des bovins.

Pour apprécier une indication de confort ou d'inconfort face à un stress de chaleur, l'indicateur le plus couramment utilisé est le THI (Temperature Humidity Index), qui combine à la fois la température et l'humidité relative. A 70% d'humidité, ce qui est globalement le cas en France, un THI de 55 correspond à une température journalière de 12°C, alors qu'un THI de 70, pour lequel des premiers signes de stress thermique peuvent être observés, correspond à une température journalière de 22,5°C. Afin d'estimer l'effet du THI sur les performances, les données de premières IA et de contrôles laitiers de 2010 à 2020 des trois races laitières Holstein, Montbéliarde et Normande ont été étudiées. Les analyses ont montré que les conditions optimales pour la production (alls maximale) correspondent à des THI compris entre 47 et 55, soit des températures comprises entre 8 et 13°C. Au-delà d'un THI de 55, les performances de production (lait et matières) vont décroître de 2 à 14%. Ainsi, à un THI de 70, la perte est estimée entre 1 et 1,5 kg de lait par jour en moyenne. Sur des caractères de reproduction et du taux de conception en 1<sup>ère</sup> lactation, une dégradation est mise en évidence à partir d'un THI de 60, avec une baisse moyenne du taux de conception de 2 à 8 points en fonction de la race.

Partenaires du programme :

### L'épigénétique pour déduire la compétence immunitaire des bovins

BovEpiSign – R&D – 2029/2024  
677 K€ dont 213 K€ financés par APIS-GENE

La santé de l'animal d'élevage, pilier essentiel à son bien-être et à ses performances de production, repose sur une compétence immunitaire individuelle dont la caractérisation en situation d'élevage reste un véritable challenge. La compétence immunitaire, incluant réponses innée et adaptative, dépend de la proportion et de l'activité des différents types de cellules immunitaires. Elle est influencée par une combinaison de facteurs tels que la génétique, l'alimentation, la conduite d'élevage et les changements environnementaux. Aujourd'hui, il est reconnu que l'identité et l'activité cellulaires dépendent de profil d'expression pilotés par des processus épigénétiques tels que la méthylation de l'ADN. L'ensemble des marques de méthylation est appelé le méthylome.

parallèle, une démarche similaire est appliquée sur des échantillons de lait permettant une estimation des proportions des différents types de cellules somatiques en lien avec la santé de la mamelle.

Ces résultats et démarches font l'objet d'une déclaration d'invention (INRAE - DI-RV-24-0038) par sont d'ores et déjà valorisés dans des projets soutenus par APIS-GENE (Veaufit ; Projet Européen RUMIGEN WP6) sur un suivi de la santé des vaches et veaux dans divers environnements. Une extension prévue est l'application de cette démarche aux données d'épigénotypage obtenues avec la puce d'épigénotypage RUMIGEN/APIS-GENE EpiChip dans l'objectif de phénotyper avec précision une cohorte de plus de 5000 vaches. Les marqueurs permettant de discriminer les différentes populations de cellules sanguines ont été intégrés au design de l'EpiChip et des données préliminaires montrent qu'ils permettent de distinguer les cellules des lymphocytes, neutrophiles et monocytes étudiés dans BovEpiSign.

Le programme de R&D BovEpiSign propose une identification du méthylome propre à chaque population de cellules immunitaires, fournissant une liste de biomarqueurs et, dans un second temps, l'utilisation de ces biomarqueurs pour calculer par une méthode dite d'inférence des proportions des différentes populations de cellules immunitaires à partir de sang total afin d'évaluer la compétence immunitaire de l'individu.

D'un point de vue génétique, peu d'interactions ont été observées entre génotype et THI : un animal bon résilient bon dans un environnement avec des températures plus élevées. En revanche, des effets d'échelles sont observés : les écarts entre les animaux sont soit accentués (pour les caractères fonctionnels par exemple), soit atténués (pour les caractères de production) à des THI élevés. Les premiers travaux réalisés sur les corrélations génétiques montrent que la sélection actuelle va dans le bon sens : la sélection sur les caractères fonctionnels comme la fertilité ou le score somatique cellulaire est favorisant pour anticiper en partie les baisses de performances liées à des pics de chaleur. Roxane Vallée ajoute : « La sélection repose pour l'instant sur des bases saines, mais les modèles et les pratiques seront très probablement amenés à être remis en question dans les années à venir. Notamment sur le volet reproduction, il est important de maintenir la pression de sélection au risque de la voir fortement se dégrader, et de réfléchir aux stratégies de mise à la reproduction pour éviter les périodes chaudes ».

Le dispositif expérimental initial était basé sur un effectif limité de vaches Holstein, élevées ensemble et comportant des clones afin de limiter l'influence des facteurs « génétique » et « environnement ». Pour chaque vache, trois populations de globules blancs ont été étudiées : les lymphocytes, les neutrophiles et les monocytes. Le méthylome spécifique de chaque population a été analysé. Des positions particulières dans le génome présentant une forte différence de méthylation entre types cellulaires ont été identifiées : 54 398 pour les lymphocytes, 16 717 pour les neutrophiles et 7 752 pour les monocytes.

Au-delà d'un état des lieux très complet de l'impact du stress thermique sur les bovins, producteurs et reproducteurs, laitiers et allaitants, CAIcalor offre de nombreuses pistes pour prendre en compte l'effet du réchauffement climatique, en envisageant une sélection non pas sur un THI 50 comme actuellement mais sur un THI 70 par exemple, ce qui pourrait permettre d'écartier les animaux les plus sensibles au stress thermique, et de proposer aux éleveurs des outils pour assurer la durabilité des exploitations. L'étude de cette thématique n'en est qu'à son début, mais les perspectives sont grandes, et devront être affinées pour aboutir à des outils à destination des éleveurs français.

Dans un second temps, le dispositif expérimental a été étendu à des vaches Holstein non apparentées. Les chercheurs ont conduit la purification de 6 différentes sous-populations de cellules immunitaires jouant un rôle différencié dans la protection face aux parasites, virus et bactéries notamment. A ce jour, les méthylomes de chacune de ces sous-populations cellulaires ont été produits, caractérisés et interprétés. Sur les plans fondamental, cet ensemble de données, extrêmement riche, contribue à améliorer la connaissance du génome et de son fonctionnement dans le cadre de la compétence immunitaire des bovins.

la précision de l'estimation de la valeur génétique d'un animal pour un caractère donné est estimée via un coefficient de détermination, ou CD. La valeur du CD est comprise entre 0 et 1 : plus la valeur est proche de 1, plus la confiance dans l'estimation de la valeur génétique de l'animal est grande. Le CD augmente avec l'héritabilité du caractère et avec l'effectif génétique de la population, la taille de la population de référence. Pour un candidat, le CD dépend de son apparentement à la population de référence.

L'étape suivante du projet a été de calculer par une méthode dite d'inférence les proportions des différentes populations cellulaires présentes dans le sang en utilisant une liste restreinte et sélective de marques épigénétiques. Pour une vingtaine d'échantillons de sang, la proportion calculée des trois principales sous-populations, lymphocytes, neutrophiles et monocytes, a été comparée à la proportion observée à une analyse de sang conventionnelle : une corrélation positive avec un coefficient de plus de 0,9 a été observé. Pas à pas, les chercheurs affinent l'approche d'inférence, en explorant les signatures épigénétiques de nouvelles sous-populations de cellules immunitaires et en améliorant la pertinence de celles à utiliser. Déterminer ces proportions cellulaires à partir de matrices congelées comme du sang ou de l'ADN génomique archivés sera un atout déterminant qui facilitera la gestion des échantillons de sang prélevés sur le terrain et pour lesquels l'analyse de sang dans de brefs délais n'est pas possible. En

Ce programme a ainsi permis de faire un bilan scientifique et technique exhaustif des apports de cette technologie, des caractères en sélection et ce pour chacune des races qui en bénéficient. OBGENO devrait être suivi par un deuxième volet d'étude socio-économique, qui au-delà de produire d'excellentes bases avec le premier volet scientifique, devrait amener de nouvelles perspectives pour continuer à améliorer l'efficacité de nos filières.

Partenaire du programme :

### CHIFFRES CLEFS

- Une cinquantaine de vaches Holstein de génétique diverse
- Une quinzaine de vaches Holstein clonées
- 10 sous-populations de leucocytes triées (plus de 10 heures de cytométrie)
- Plus de 250 banques RRBS (méthode de recherche de méthylation de l'ADN) construites et séquencées
- En moyenne, 51 millions de séquences / banque (12 milliards de séquences au total)
- En moyenne, 3,3 millions de CpG (segment ADN de 2 bases : C et G) analysés/banque (168,3 millions de CpG analysés)
- Stockage des données : 4 Go/banque (Total 1 To)

### 15 ans après, quels sont les apports de la sélection génomique bovine ?

OBGENO – Synthèse – 2023/2024  
96 K€ dont 88 K€ financés par APIS-GENE

S'il est une réussite technologique en génétique des ruminants, la sélection génomique est sûrement une référence dans ce secteur. Depuis 2010 et son déploiement en bovins laitiers, elle a été depuis étendue aux bovins allaitants et aux petits ruminants (ovins et caprins laitiers), couvrant désormais une vingtaine de races. Pour rendre possible ces travaux de recherche précipités par INRAE, ELIANCE et Idele au travers des UMT EBIS et STAR, APIS-GENE a d'abord investi sur le développement d'une méthode, améliorée récemment via la mise au point du Single-Step. La sélection génomique se positionne désormais comme un socle pour permettre la sélection sur de nouveaux caractères, comme les anomalies bovines ou de santé comme récemment la paratuberculose, afin d'accroître en permanence l'offre de services aux éleveurs.

référence est grande et représentative, meilleures sont les précisions. Par ailleurs, il a également été rappelé que le déploiement de la sélection génomique a accompagné l'évolution de l'ISU (Index de Synthèse Unique), qui intègre de plus en plus de caractères, notamment fonctionnels. Par son très fort potentiel, la Sélection Génomique permet de faire du progrès génétique sur tous les caractères simultanément, même ceux à faible héritabilité et pour lesquels une sélection ne serait pas possible dans la génétique, et ce résultat peut être obtenu sans dégrader le progrès génétique des caractères historiques de production.

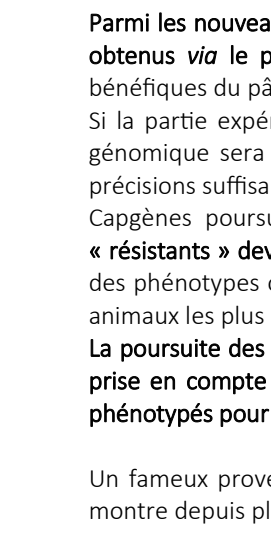
Si les mutations n'avaient pas encore été remontées à l'ONAB (Observatoire National des Anomalies Bovines), c'est parce qu'aucun signe clinique caractéristique n'avait permis de les identifier. Mais l'exploitation de vastes ensembles de données a permis d'identifier des régions du génome, ou loci, impliquées dans la mortalité avec des déterminismes génétiques différents. En plus des 2 anomalies dominantes identifiées chez leurs descendants pour deux taureaux Holstein débutants de la phase, 10 nouveaux variants génétiques, 2 dominants et 8 récessifs, ont été mis en évidence dans les trois grandes races laitières, notamment grâce à une méthodologie de génétique inverse développée dans le programme APIS-GENE EFFITNESS (2019-2022). La suite de ces travaux se poursuit notamment au niveau de la sélection APIS-GENE WELCOW, notamment à travers l'étude de nouvelles races (2022-2026).

En parallèle, le programme OBGENO aura permis d'établir des seuils d'animaux nécessaires pour la construction ou l'entretien d'une population de référence en fonction de l'héritabilité du caractère étudié. En effet, la précision de l'estimation de la valeur génétique d'un animal pour un caractère donné est estimée via un coefficient de détermination, ou CD. La valeur du CD est comprise entre 0 et 1 : plus la valeur est proche de 1, plus la confiance dans l'estimation de la valeur génétique de l'animal est grande. Le CD augmente avec l'héritabilité du caractère et avec l'effectif génétique de la population, la taille de la population de référence. Pour un candidat, le CD dépend de son apparentement à la population de référence.

Partenaires du programme :

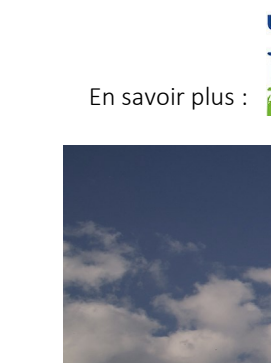
Un point de vue génétique, peu d'interactions ont été observées entre génotype et THI : un animal bon résilient bon dans un environnement avec des températures plus élevées. En revanche, des effets d'échelles sont observés : les écarts entre les animaux sont soit accentués (pour les caractères fonctionnels par exemple), soit atténués (pour les caractères de production) à des THI élevés. Les premiers travaux réalisés sur les corrélations génétiques montrent que la sélection actuelle va dans le bon sens : la sélection sur les caractères fonctionnels comme la fertilité ou le score somatique cellulaire est favorisant pour anticiper en partie les baisses de performances liées à des pics de chaleur. Roxane Vallée ajoute : « La sélection repose pour l'instant sur des bases saines, mais les modèles et les pratiques seront très probablement amenés à être remis en question dans les années à venir. Notamment sur le volet reproduction, il est important de maintenir la pression de sélection au risque de la voir fortement se dégrader, et de réfléchir aux stratégies de mise à la reproduction pour éviter les périodes chaudes ».

## DU CÔTÉ DES DOCTORANTS SelViG<sup>2</sup>, améliorer la vitalité des génisses par la sélection génomique



Avec plus de 2,5 millions de génotypes et 8 000 séquences complètes d'ADN, la base de données génétique nationale est une mine d'informations riche pour les généticiens. La mortalité des génisses préoccupe particulièrement les professionnels et les scientifiques. En effet, environ 11,5% des jeunes femelles laitières meurent dans leurs 150 premiers jours de vie, principalement à cause de difficultés de vêlage ou d'infections, qu'elles soient pulmonaires ou intestinales. Entre frais vétérinaires et manque à gagner, cette mortalité a un impact économique évident pour les exploitations, mais elle relève également pour les éleveurs d'enjeux environnementaux, bien-être animal et de leur propre moral.

Ces nouvelles connaissances sur les mutations causales, associées à l'utilisation de modèles de sélection et à une gestion technique améliorée, promettent de réduire significativement la mortalité en élevage. Deux stratégies distinctes sont adoptées selon le type d'anomalie : dominante ou récessive.



Grâce à plusieurs approches mobilisant génétiques, génétiques, phénotypes de la base de données nationale et des données de séquences, Florian Besnard (Idele) a pu, dans le cadre de la thèse SelViG<sup>2</sup>, identifier une dizaine de nouvelles anomalies génétiques, récessives ou dominantes, qui affectent la survie des jeunes animaux en élevage laitier des races Holstein, Montbéliarde et Normande.

Gestion des Anomalies Dominantes  
Les anomalies causées par des mutations dominantes nécessitent une action rapide et ciblée. La stratégie principale consiste à retirer immédiatement les reproducteurs porteurs de ces mutations des programmes de production. Cela empêche la transmission directe des anomalies aux générations suivantes, réduisant ainsi leur prévalence dans la population.

Si ces mutations n'avaient pas encore été remontées à l'ONAB (Observatoire National des Anomalies Bovines), c'est parce qu'aucun signe clinique caractéristique n'avait permis de les identifier. Mais l'exploitation de vastes ensembles de données a permis d'identifier des régions du génome, ou loci, impliquées dans la mortalité avec des déterminismes génétiques différents. En plus des 2 anomalies dominantes identifiées chez leurs descendants pour deux taureaux Holstein débutants de la phase, 10 nouveaux variants génétiques, 2 dominants et 8 récessifs, ont été mis en évidence dans les trois grandes races laitières, notamment grâce à une méthodologie de génétique inverse développée dans le programme APIS-GENE EFFITNESS (2019-2022). La suite de ces travaux se poursuit notamment au niveau de la sélection APIS-GENE WELCOW, notamment à travers l'étude de nouvelles races (2022-2026).

Gestion des Anomalies Récessives  
Pour les anomalies issues de mutations récessives, une approche plus nuancée est nécessaire, combinant deux stratégies complémentaires :

- Court terme : accouplements raisonnés. Cette stratégie vise à limiter la transmission des anomalies en évitant les accouplements entre porteurs de mutations récessives. Une gestion précise des croisements permet de réduire le risque d'expression des anomalies.
- Moyen/long terme : évaluation génomique. L'instauration d'une évaluation génomique de routine sur la mortalité qui prend en compte les anomalies est essentielle pour contenir la fréquence dans le temps dans la population.

Aussi, pour réduire la mortalité juvénile, le doctorant a travaillé sur l'estimation des paramètres génétiques de ce caractère, et, malgré une héritabilité assez faible (de 0,81 et 2,64%), les résultats montraient des perspectives encourageantes pour prédire la mortalité juvénile des animaux. Florian Besnard ajoute : « Cette thèse a permis de mettre en place une évaluation pilote sur la mortalité, offrant une réelle possibilité de sélection, puisqu'elle permet avec une bonne précision de distinguer les mauvais taureaux des très bons ».

En parallèle, le programme OBGENO aura permis d'établir des seuils d'animaux nécessaires pour la construction ou l'entretien d'une population de référence en fonction de l'héritabilité du caractère étudié. En effet, la précision de l'estimation de la valeur génétique d'un animal pour un caractère donné est estimée via un coefficient de détermination, ou CD. La valeur du CD est comprise entre 0 et 1 : plus la valeur est proche de 1, plus la confiance dans l'estimation de la valeur génétique de l'animal est grande. Le CD augmente avec l'héritabilité du caractère et avec l'effectif génétique de la population, la taille de la population de référence. Pour un candidat, le CD dépend de son apparentement à la population de référence.

Partenaires du programme :

Avant la thèse SelViG<sup>2</sup>, sujet la mortalité (entre 0 et 2 jours) faisait l'objet d'une évaluation génomique, sans être incluse dans l'objectif de sélection. Aujourd'hui, grâce à une meilleure connaissance du déterminisme génétique de la mortalité juvénile, une évaluation génomique de la vitalité des génisses est en passe de voir le jour au travers du programme de finalisation SELVIAL, financé par APIS-GENE en 2024.

## [Caprins] Toucher le parasitisme mais du bout de l'index (ou presque) !

Les schémas de sélection caprins Français sont particulièrement performants et s'appuient depuis fin 2018 sur la sélection génomique. Ayant bénéficié de la mutualisation des fonds de l'ANICAP et d'APIS-GENE, cette avancée majeure est le résultat d'un long travail collaboratif public/privé mobilisant l'Organisme et Entreprise de Sélection Capgènes, ELIANCE, INRAE et Idele au travers de l'UMT STAR.

La sélection génomique caprine, bénéficiant des derniers développements comme le Single Step, a des gains de gagner en vitesse de sélection et en précision par rapport à une sélection génétique classique (polygénique). Ces gains sont accentués par l'enrichissement de nouveaux animaux génotypés au cours du temps et ont déjà permis de dépasser les précisions initiales par le quasi doublement des CD (de 0,35 à plus de 0,6) ! Le nombre de boucs du schéma de sélection a été revu à la hausse (110 vs 80 avant sélection génomique) amenant une plus grande variabilité génétique disponible pour les éleveurs. Ces succès ont été accompagnés, en amont, d'une augmentation de la pression de sélection puisque seulement un bouc sur 3 est aujourd'hui retenu pour l'insémination avec l'ambition d'atteindre les 1/4 dans un avenir proche (1/2 avant génomique). Elle ouvre également le champ des possibles des caractères sélectionnables, notamment à faibles héritabilités. La fertilité et certains gènes majeurs (résistance à la tremblante et TB) ont déjà été intégrés.

Parmi les nouveaux caractères, la filière ambitionne d'intégrer la résistance aux rongeurs, dont des résultats prometteurs ont été obtenus via le programme TEPACAP labellisé par APIS-GENE en 2020. Cette stratégie permettrait de maximiser les effets bénéfiques du pâturage tout en recourant moins à la prophylaxie.

Capgènes poursuit donc ce travail via l'infestation des boucs sur les nouvelles séries. Les semences des premiers boucs « résistants » devraient être disponibles, en nombre évidemment limité, dès le catalogue 2025. Ces succès seront définis à partir de phénotypes observés via le protocole d'infestation mis au point dans le programme et permettant également d'écartier les animaux les plus sensibles.

La poursuite des phénotypes devrait permettre d'affiner les premiers indicateurs diffusés pour aller vers une indexation et une prise en compte de ce caractère dans l'objectif de sélection et il faudra également poursuivre le suivi des femelles des boucs génotypés pour mieux prendre en compte la transmission du caractère.

Un fameux proverbe chinois dit que « Quand le sage désigne la lune, l'idiot regarde le doigt », pourtant la génomique nous montre depuis plus de dix ans qu'il faut bien regarder l'index pour atteindre la lune !

En savoir plus :



© Alice Bertrand-StudiosZpraires

## CALENDRIERS Réunions à venir

- Comité Stratégique**
  - 28 janvier 2025
  - 01 avril 2025
  - 29 avril 2025
  - 27 mai 2025
- Comité Scientifique Opérationnel**
  - 12 mars 2025
  - 20 mai 2025

### Salon International de l'Agriculture 2024

22 février au 2 mars 2025 (Paris)

- Cniel - Hall 1 Stands L-083 et INTERBEV : Hall 1 Stand F-052 M-083
- ELIANCE : Hall 4 Stand C-150
- Idele : Hall 1 Stands L-020, R-160 et L-169

### Matinales de la Recherche d'INTERBEV

18 mars 2025 (Paris - Espace Vaux Gogh)

### Webinaire de l'USBIS - présentation des résultats du programme APIS-GENE OBGENO (Objectivation des apports de la sélection génomique)

11 mars 2025 (14h—15h30)

### Assemblée Générale

19 mars 2025 (Maison de la RATP, espace Centenaire - Paris)

### Grand Lait 2025

3 avril 2025

### Journée Porte Ouverte multi-filières Form'Inov

27 mai 2025 (Jalogny)

→ Voir plus d'événements [Idele](#) [ici](#)

## LE BON COIN DES ACTIONNAIRES

01 81 72 16 75  
[administration@apisgene.fr](mailto:administration@apisgene.fr)  
Maison Nationale des éleveurs  
149 rue de Bercy - 75 595 PARIS cedex 12

avec les soutiens financiers de :

Si vous vous désinscrivez, vous ne recevrez plus de mail d'information de notre part. Pour être supprimé de nos bases de données, veuillez contacter [administration@apisgene.fr](mailto:administration@apisgene.fr). Pour être sûr(e) de recevoir nos messages dans votre boîte de réception, merci d'ajouter [administration@apisgene.fr](mailto:administration@apisgene.fr) à votre carnet d'adresses.

