

Edito

Mes chers partenaires,

Cet éditto sera le dernier de ma présidence. J'ai le sentiment que c'était hier que nous lançions cette newsletter, et pourtant, quatre années d'engagement au service de nos filières se sont déjà écoulées !

APIS-GENE incarne la flamme d'une recherche mutualisée, l'expression d'une idée d'un destin commun, dans lequel la science n'est pas seulement un levier de performance, mais aussi un outil d'organisation et de structuration pour nos filières. C'est précieux. C'était rare, et cela le devient encore davantage. Je forme le vœu sincère que les professionnels continueront à préserver cette conviction, à la faire vivre, à ne pas la laisser vaciller au gré des vents du court-termisme.

Nous avons continué notre partenariat privilégié avec INRAE et à rassembler avec l'entrée de l'ANICAP dans l'actionnariat. Ensemble, pendant ces 5 années, nous avons poursuivi le soutien d'une recherche ambitieuse avec plus de 9M€ investis (pour 23M€ de programmes menés), augmenté le portefeuille de valorisation avec 2,2M€ de redevances perçues par APIS-GENE et réinvestis, et enfin gagné la labellisation du programme Méthane 2030 dont APIS-GENE assure la coordination.

Le seul ne s'obtient pas : il se conquiert. Comme j'aime à le rappeler : « Seuls en va vie, ensemble on va plus loin ». Alors je vous souhaite à toutes et tous d'aller aussi loin que possible !

Pour nos éleveurs et pour nos filières.

Daniel Perrin
Président d'APIS-GENE

En vedette : Assemblée Générale 2025 - Retour sur 15 ans de Sélection Génomique : une technologie socle pour l'efficience des élevages ruminants français



L'Assemblée Générale ouverte aux professionnels de nos filières a eu lieu le 27 mai 2025, à la Maison du Lait. Présidée par Daniel Perrin et animée par Marie-Cécile Seigle-Buyat (APASEC), cette Assemblée Générale a été l'occasion pour Mathieu Diribarne, Directeur Scientifique d'APIS-GENE, de mettre en lumière les travaux réalisés durant l'année 2024. Mickaël Brochard, Directeur du département Génétique et Gestion des Populations d'Idéle, est revenu sur les avancées du programme Méthane 2030.

Aux anniversaires il est de bon goût de se poser pour faire un bilan, et les 15 ans de la Sélection Génomique étaient donc une occasion toute trouvée pour faire un état des lieux sur cette technologie socle dans laquelle APIS-GENE investit depuis près de 20 ans. Didier Boichard, Directeur de recherche à INRAE a ainsi retracé la mise en place et le développement de cette technologie, devenue depuis un outil de routine dans les élevages bovins, ovins et caprins, avec de belles perspectives de croissance. Mais la Sélection Génomique n'aurait pu être une réussite sans l'investissement et les convictions du terrain, qui a su en 20 ans s'adapter aux nouveaux outils, qui ont petit à petit su convaincre les agriculteurs. Laurent Poncet, technicien Montbéliarde à la COOPEL, a ainsi montré comment la génomique est progressivement devenue un outil économique au service des élevages. Mais entre méthodes et caractères, les perspectives d'évolutions sont nombreuses comme on peut le montrer Virginie Clément (Idéle) et Sébastien Fritz (ELIANCE), respectivement co-responsables des UMT STAR et eBIS.

Cette Assemblée Générale a également été un lieu de dialogue et d'échange autour du sujet de la place de la génétique et de son financement dans les années à venir, entre Isabelle Litrico (Directrice Scientifique Agriculture d'INRAE), Adrien Guichaoua (Head of office de reframe.food), Bernard Malabradé (1^{er} vice-Président d'ELIANCE), représentant de l'actionnariat d'APIS-GENE) et Philippe Vissac (Coordinateur agriculture de France 2030, CGAER).

Dans un contexte de coopération, où les financements européens et nationaux tendent à se restreindre, pour Daniel Perrin le salut de la filière sera de rester soudés et la mutualisation la seule voie pour atteindre l'objectif d'efficience au service des éleveurs.

Retrouvez les supports de cette matinée [ici](#).

PROGRAMMES À LA UNE

La Science avance pour nos filières !

Le conseil en élevage à l'ère de l'IA : la pesée et le pointage passent à la 3D

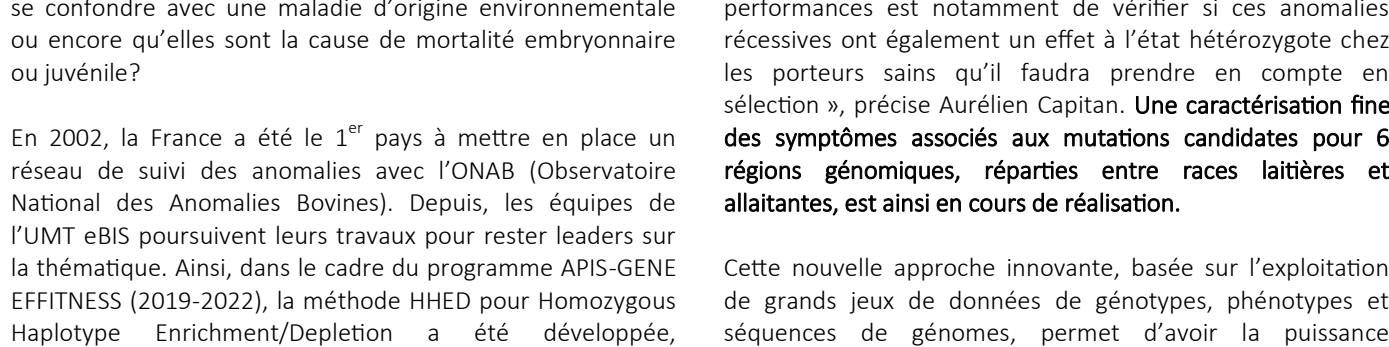
PHENO3D – R&D – 2023/2026
1,1 M€ dont 649 k€ financés par APIS-GENE

Le scanner 3D développé dans le cadre du programme PHENO3D n'en finit pas de faire ses preuves vers une automatisation de la pesée et du pointage des jeunes bovins. La collecte des phénotypes, notamment de morphologie, est une étape aussi indispensable que fastidieuse pour la mise en place d'évaluations génétiques. Jusqu'à lors, ces données sont collectées par des pointeurs agréés, avec la difficulté d'homogénéisation et de couverture de l'ensemble du territoire et des races, les agréments étant spécifiques d'une race. L'imagerie 3D permettra aux conseillers d'avoir de nouveaux outils pour accompagner les éleveurs.

Depuis 2024, le prototype de portique PHENO3D démontable et transportable est éprouvé en race Charolaise. Conçu en 2022 comme une arche sous laquelle les animaux sont photographiés en mouvement grâce aux 10 caméras embarquées sur le dispositif, il permet de reconstituer, pour chaque animal, une image 3D unique. Ces images sont ensuite analysées grâce à des méthodes d'Intelligence Artificielle, à la fois pour prédire le poids des veaux au sevrage en temps réel, mais également pour estimer les notes de pointage des postes d'appréciation morphologique au sevrage. Quelques 2 000 images de veaux Charolais ont été collectées sur l'année 2023. Réparties en un jeu de données d'apprentissage pour 80% d'entre-elles et un jeu de données de validation pour les 20% restantes, elles ont permis de développer et d'affiner plusieurs modèles d'IA prédictifs. Et les résultats sont là, puisque pour la race Charolaise, la méthode de traitement de l'image 3D et de prédiction des phénotypes est prête tant pour le poids vif qu'aux modèles de prédiction sont très performants, atteignant une erreur de 4,2% encore améliorable, que pour les notes de pointage puisque les prédictions sont aussi performantes voire meilleures que les cibles données par les acteurs de la filière.

Alors, quelles sont les prochaines étapes maintenant que le prototype du scanner est validé et que les méthodes de traitement des images sont opérationnelles ?

La prochaine étape consiste à généraliser l'IA aux 9 autres races pointées : Limousine, Blonde d'Aquitaine, Aubrac, Salers, Gasconne des Pyrénées, Parthenaise, Rouge des Prés, Bazadaise et Blanc Bleu. Grâce à une forte mobilisation du réseau Bovin Croissance et des Organismes de Sélection, près de 60 pointeurs et 30 techniciens ont permis d'obtenir une base de données (poids, pointages, images) pour chaque race du programme. Durant l'année 2024, environ 5 000 animaux ont ainsi été scannés dans près de 80 élevages à travers l'ensemble du territoire. Cela a permis de collecter des images dans 10 races du programme, et les analyses par IA ont été réalisées pour 4 races supplémentaires. Cette généralisation des analyses confirme la robustesse des modèles développés en Charolaise, sous réserve d'un maintien de la qualité des images, prérequis indispensable à la qualité de la prédiction. Un groupe de travail est également mobilisé sur la prédiction des aptitudes fonctionnelles des veaux. « Sur ces caractères fonctionnels, le dispositif PHENO3D permettra une nouvelle approche, non plus par des notations mais par l'identification des défauts », explique Maxence Bruyas (ELIANCE), coordinateur du programme.



En parallèle, des réflexions et des tests autour de l'ergonomie du scanner 3D et pour embarquer le système d'IA sur le scanner sont en cours. « Actuellement, l'installation du portique pour une personne habituée prend une vingtaine de minutes. A l'avenir, il sera plus léger et pliable, ce qui le rendra installable par tout le monde et plus rapidement qu'actuellement », complète Maxence Bruyas.

Avec en ligne de mire le développement d'un outil numérique permettant de moderniser le pointage et la pesée des veaux allaitants grâce à l'Intelligence Artificielle, PHENO3D répond à une véritable demande du terrain. PHENO3D est le 1^{er} programme phare du consortium Animal3D, créé par ELIANCE, Races de France et Idéle vers le déploiement du phénotypage à haut débit par imagerie 3D.

Partenaires du programme :

Vers de nouveaux outils de détection des anomalies

WELCOW – Amorceage – 2023/2026
1,1 M€ dont 481 k€ financés par APIS-GENE

La maîtrise des anomalies génétiques repose d'abord sur leur détection. Mais comment les identifier quand celle-ci ne se traduit pas par des signes cliniques, que le syndrome peut se confondre avec une maladie d'origine environnementale ou encore qu'elles sont la cause de mortalité embryonnaire ou juvénile ?

En 2002, la France a été le 1^{er} pays à mettre en place un réseau de suivi des anomalies avec l'ONAB (Observatoire National des Anomalies Bovines). Depuis, les équipes de l'UMT eBIS poursuivent leurs travaux pour rester leaders sur la thématique. Ainsi, dans le cadre du programme APIS-GENE EFFITNESS (2019-2022), la méthode HHED pour Homozygous Haplotype Enrichment/Depletion a été développée, permettant de détecter de nouvelles anomalies bovines.

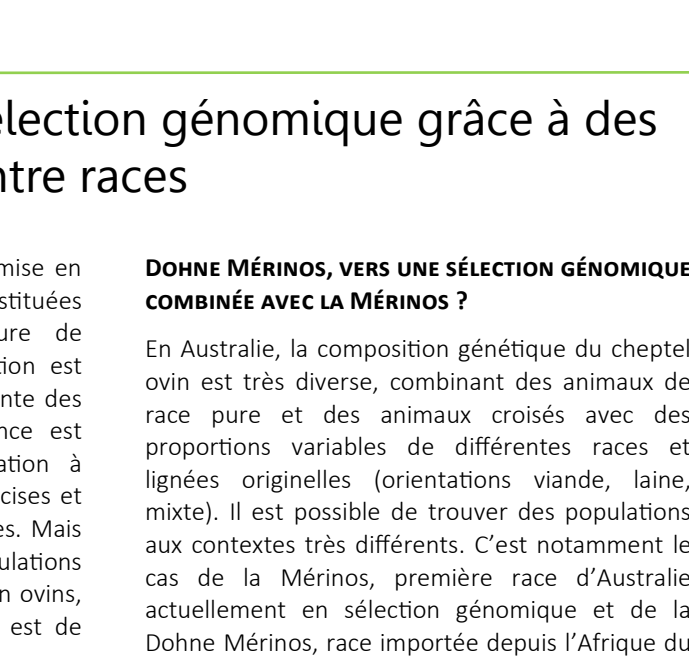
En capitalisant sur cette méthode, le programme WELCOW a pour objectif de détecter de nouvelles régions récessives du génome, c'est-à-dire qui ne s'expriment que chez les individus homozygotes ayant reçu un gène défectueux à la fois de leur père et de leur mère. Ces anomalies augmentent les risques de mortalité, de développement de pathologies invalidantes et de réforme anticipée.

Appliquée à 11 races bovines laitières et allaitantes, cette méthode de détection des anomalies par enrichissement ou déficit en homozygotes s'est révélée très puissante puisqu'elle a permis de détecter sur le début du programme 48 nouveaux haplotypes de mortalité embryonnaire et 33 de mort juvénile. Les haplotypes sont des séries de marqueurs qui permettent de suivre des régions du génome particulières. Grâce à une base de données de plus de 6 000 génomes complets pour 270 races, il a été possible d'identifier des variants candidats pour chaque haplotype retenu et de les mettre sur la puce à ADN Euro GMD. « Le fait de mettre ces haplotypes sur la puce Euro GMD nous permet de valider qu'il y a bien un déficit en homozygotes. Dans ce cas, cela signifie que soit les individus homozygotes meurent au stade embryonnaire ou juvénile, soit qu'ils ne sont systématiquement jamais retenus par les éleveurs pour être génotypés », explique Aurélien Capitan (INRAE), coordinateur du programme. Dans le cas où l'anomalie ne serait pas responsable de mortalité embryonnaire, une recherche d'individus homozygotes et en vie commence. Dans le meilleur des cas, ces animaux ont été génotypés à un très jeune âge, et donc plus facilement repérable via les bases de données existantes. Les chercheurs capitalisent également sur ces données à leur disposition pour étudier les accumulations à risque et ainsi identifier des individus homozygotes. Une fois identifiés, ces jeunes animaux sont suivis de près pour assurer une caractérisation la plus complète des effets de l'anomalie, comprendre l'impact de

ces mutations, à la fois sur une quarantaine de caractères en sélection, mais aussi sur l'espérance de vie et la longévité de carrière des animaux. « L'objectif de l'étude des performances est notamment de vérifier si ces anomalies récessives ont également un effet à l'état hétérozygote chez les porteurs sains qu'il faudra prendre en compte en sélection », précise Aurélien Capitan. Une caractérisation fine des symptômes associés aux mutations candidates pour 6 régions génomiques, réparties entre races laitières et allaitantes, est ainsi en cours de réalisation.

Cette nouvelle approche innovante, basée sur l'exploitation de grands jeux de données de génotypes, phénotypes et séquences de génomes, permet d'avoir la puissance nécessaire pour identifier des zones du génome (locus) présentant des profils particulièrement intéressants, et ce notamment au profit des races régionales. Elle permet de détecter des anomalies jusqu'alors inaperçues, comme l'anomalie BLIRD en race Holstein, responsable d'un déficit de l'immunité intestinale. Si elle existait depuis plus de 40 ans, les symptômes associés qui pouvaient se confondre avec des maladies environnementales, n'avaient pas permis de la détecter.

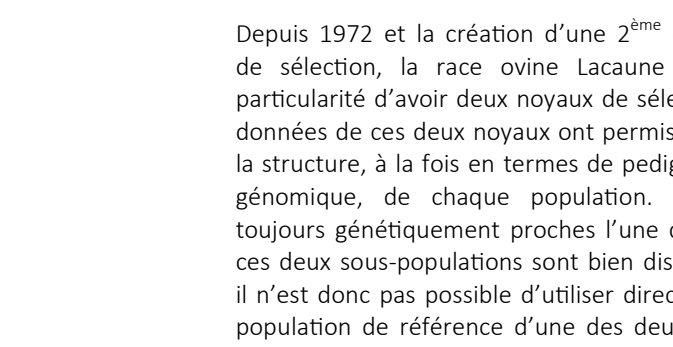
Les travaux précurseurs de WELCOW, notamment grâce à la méthodologie HHED, ont révélé des mécanismes biologiques rares ou nouveaux. Outre les collaborations envisagées avec des équipes de recherche en génétique humaine, ils ouvrent la voie au développement de méthodes d'élevage de précision pour la prise en compte des régions du génome influençant la santé et la survie dans les évaluations génomiques, les plans d'accouplement et la sélection. La découverte de toutes ces anomalies est alors une incroyable opportunité pour réduire la mortalité juvénile, mais également un challenge à relever pour les filières quant aux stratégies de gestion à adopter.



Partenaires du programme :

Sélection génomique et qualité des viandes, la génétique comme levier de réduction des carcasses saisies pour Myosite Eosinophilique

GMyoEs02 – R&D – 2020/2025
323 k€ dont 250 k€ financés par APIS-GENE



Son nom ne vous parle probablement pas, et pourtant entre 95 et 100% des bovins sont infectés. La sarcosporidiose est une maladie parasitaire pour laquelle les bovins sont les hôtes intermédiaires, hébergeant 3 espèces de ce parasite. Ces derniers peuvent ensuite infecter un hôte définitif, humain ou canin, selon l'espèce parasitaire en cause. Malgré son importance fréquente dans les populations bovines, la plupart des animaux sont asymptomatiques et ne déclarent aucun signe clinique. Mais pour certains d'entre-eux, elle conduit à la formation de kystes dans leur masse musculaire, appelés lésions de Myosites Eosinophiliques (ME), qui entraînent généralement la saisie totale de la carcasse à l'abattoir. L'apparition de ces lésions est rare (en moyenne entre 0,2 et 0,3% des bovins abattus), mais elle est en augmentation et a un impact économique important de l'ordre de plusieurs millions d'euros par an supportés par la filière bovine. Certaines races semblent prédisposées à l'apparition de ces lésions de ME, notamment la Blonde d'Aquitaine et la Parthenaise, significativement surreprésentées au niveau des saisies à l'abattoir (jusqu'à 0,7% des femelles abattues). Face à ce constat et à l'augmentation de l'apparition des lésions, AURIVA Elevage avait lancé le programme GMyoEs02 (Action innovante FGE), qui a permis de mettre en évidence une composante génétique dans la sensibilité d'apparition de ces lésions. Dans cette veine, GMyoEs02 vise à réduire la proportion d'animaux saisis en abattoir pour cause de ME grâce à la mise en place d'une sélection génomique d'animaux « résistants » et par l'adaptation des conduites d'élevages.

Les premières tâches du programme ont consisté à constituer une base de données pour 12 races : Blonde d'Aquitaine, Aubrac, Brune, Salers, Limousine, Charolaise, Rouge des Prés, Montbéliarde, Bleu du Nord/Blanc Bleu, Normande, Holstein et Parthenaise, et pour les animaux croisés. Cet important travail de collecte de données a permis de compiler les informations de 19 014 animaux saisis dont 15 256 femelles

des 12 races cibles, âgées de 2 à 10 ans atteintes de myosite éosinophilique et de plus de 11 millions de femelles contemporaines non atteintes. L'analyse des facteurs environnementaux, notamment la gestion du pâturage et la situation sanitaire générale de l'élevage, n'a pas permis de mettre en évidence des facteurs prédisposant le développement de lésions de ME.

En parallèle, un réseau de 43 élevages de race Blonde d'Aquitaine, à la fois cas (multiple cas de saisies) et témoins (absence de saisie), a été constitué. Des génotypes ont été réalisés au sein de ce réseau ainsi que sur des animaux dont les carcasses ont été saisies en abattoir, permettant d'accroître significativement la taille de la population de référence. « Dans GMyoEs02, on est passé de 17 à 300 femelles atteintes en race Blonde d'Aquitaine génotypées. Cette première population de référence va permettre de réaliser des analyses génétiques sur le caractère "résistance à la Myosite Eosinophilique" et, dans un premier temps, de proposer une évaluation génomique en Single-Step de ce caractère dans cette race », explique Hélène Leclerc (ELIANCE), coordinatrice du programme. Si la recherche de possibles biomarqueurs pertinents du développement de lésions de ME afin d'identifier les animaux à fort risque en amont de leur abattage à partir de prélèvements sanguins n'est pas fructueuse à ce stade, les analyses des séquences d'ADN de 36 animaux choisis sur la base d'un trio (père, 1 femelle atteinte, 1 femelle non atteinte) ont révélé des régions du génome à étudier plus précisément pour déterminer leur rôle dans la sensibilité à la Myosite Eosinophilique. Des marqueurs génétiques, aussi appelés SNP, situés dans ces régions seront ajoutés dans la future version de la puce de génotypage afin de mieux prédire la sensibilité/résistance des animaux au développement de lésions de ME.

La génomique se positionne comme un levier d'intérêt pour réduire l'apparition de ces lésions de ME et la saisie des carcasses en abattoir. Ce programme a donc un double intérêt : d'une part sur le plan économique et d'autre part, dans une perspective de réduction du gaspillage des ressources et du bilan carbone – des enjeux majeurs pour les filières. « Grâce à un élargissement du partenariat à l'ensemble des Fonds d'Assainissement Régionaux du territoire actuellement en cours de finalisation, les données d'animaux saisis pour ME continueront d'être remontées et d'enrichir une base de données unique, au-delà de ce programme de recherche. Cela pourra permettre aux autres races de construire une population de référence et d'envisager une sélection génomique sur ce caractère dans les années à venir », conclut Hélène Leclerc.

Partenaires du programme :

DU CÔTÉ DES DOCTORANTS



Marine Wicki

J. Raoult (Idéle)
et A. Legarra (INRAE)

PLACO, déployer la sélection génomique grâce à des plans de connexion entre races

Les évaluations génomiques appellent la mise en place de populations de référence. Constituées d'individus possédant à la fois mesure de performance et génotype, leur composition est cruciale pour assurer une précision suffisante des évaluations. En effet, plus cette référence est grande et représentative de la population à évaluer, et plus les indexations seront précises et donc les programmes de sélection efficaces. Mais pour les races locales dont la taille des populations est limitée, comme cela peut être le cas en ovins, l'extension des populations de référence est un fait complexe.

Alors, comment ces races à populations de référence restreintes peuvent-elles bénéficier au mieux des apports d'une sélection génomique ? L'un des leviers pour ces races pourrait être de combiner des évaluations génomiques de plusieurs populations, stratégie qui peut fonctionner si les races sont génétiquement proches. Dans ce contexte, la thèse PLACO, réalisée par Marine Wicki (Idéle) visait à évaluer l'effet d'une mise en place des plans de connexion optimaux ou des programmes de sélection multi-populations pour accroître l'efficacité de la sélection génomique pour des populations génétiquement proches, en s'appuyant sur le modèle ovin.

LA LACAUNE LAIT, UNE RACE – DEUX NOYAUX DE SÉLECTION

Depuis 1972 et la création d'une 2^{ème} entreprise de sélection, la race ovine Lacaune lait a la particularité d'avoir deux noyaux de sélection. Les données de ces deux noyaux ont permis d'étudier la structure, à la fois en termes de pedigree et de génomique, de chaque population. Bien que toujours génétiquement proches l'une de l'autre, ces deux sous-populations sont bien distinctes, et il n'est donc pas possible d'utiliser directement la population de référence d'une des deux ES pour prédire directement les performances des animaux de la seconde. En revanche, il a été montré qu'une évaluation conjointe aux deux entreprises de sélection, apporte des gains de précision même s'ils restent modestes. Ces résultats confortent l'intérêt d'une stratégie commune, notamment dans le cas d'évaluations sur de nouveaux caractères tels que la résistance au parasitisme, afin qu'ils bénéficient au plus grand périmètre de la filière.

DOHNE MÉRINOS, VERS UNE SÉLECTION GÉNOMIQUE COMBINÉE AVEC LA MÉRINOS ?

En Australie, la composition génétique du cheptel ovin est très diverse, combinant des animaux de race pure et des animaux croisés avec des proportions variables de différentes races et lignées originelles (orientations viande, laine, mixte). Il est possible de trouver des populations aux contextes très différents. C'est notamment le cas de la Mérimos, première race d'Australie actuellement en sélection génomique et de la Dohne Mérimos, race importée depuis l'Afrique du Sud dans les années 90 ayant très peu d'animaux génotypés et ne bénéficiant pas d'évaluation génomique. Ces deux races ayant des origines communes, la doctorante a étudié l'intérêt d'une sélection génomique combinée, en se basant sur la population de référence de la race Mérimos. Cette étude a montré que l'évaluation génomique combinée est avantageuse pour la Dohne Mérimos, avec un gain de précision doublé pour certains caractères comme la prédiction du diamètre des fibres de laine à un an. Ces résultats ont donc encouragé la mise en place d'une sélection génomique en Dohne Mérimos basée sur la population de référence connexe en Mérimos, qui est effective depuis 2024.

Ainsi, en fonction des races, une évaluation combinée est au pire sans effet, soit avantageuse, et peut donc être un outil d'intérêt pour certaines races pour le passage d'une sélection sur prédevance vers une sélection génomique.

En revanche, sur la base de simulation, les travaux de thèse alertent sur les conséquences d'une scission au sein d'une race qui peut considérablement réduire son efficacité, avec des réductions pouvant atteindre 15% du progrès génétique annuel sur les caractères étudiés. En effet, une subdivision d'une population d'origine en deux sous-populations a un impact négatif sur le gain génétique, surtout si la séparation est déséquilibrée en termes de taille. Ces conséquences doivent être considérées lors de l'élaboration des stratégies des entreprises et organismes de sélection, notamment pour des productions au cahier des charges spécifiques.



Articles scientifiques :

- Wicki et al., J Dairy Sci., (2023)
- Wicki et al., GSE, (2024)
- Wicki et al., J Anim Breed Genet., (2025)

VALORISATION

La génomique pour dépasser les plateaux, même celui de l'Aubrac !



C'est dans cet esprit qu'Auriva et Union Aubrac partenaires dans la gestion de l'amélioration génétique de la race ont été des forts contributeurs à la population de référence, permettant ainsi d'aboutir à une précision suffisante pour la publication d'index génomiques.

Dans la veine de la valorisation G2R (Génomique des Races Régionales Laitières), qui capitalise sur une méthode unique développée grâce à la mutualisation de la recherche, et sur l'apport de données par les ES et OS sans lesquelles la Sélection Génomique ne saurait arriver dans les élevages, la race Aubrac bénéficiera prochainement de sa valorisation spécifique dans des conditions semblables à celles définies récemment pour la race Blonde d'Aquitaine.

Entre mutualisation et reconnaissance des apports du terrain, elle est le compromis le plus adapté, avec toujours en ligne de mire l'amélioration du progrès génétique et l'intérêt pour nos éleveurs. C'est la société GENOBRA qui sera chargée de l'exploitation de la licence dans la race.

CALENDRIERS

Congrès scientifiques et salons

SPACE - Le Salon International des Productions Animales
16 au 18 sept. 2025 (Rennes)

Sommet de l'élevage - Le Salon Européen des Professionnels de l'élevage
7 au 10 oct. 2025 (Cournon d'Auvergne)

Comité de Pilotage n°4
21 oct. 2025 (Paris)

Comité des Porteurs d'Enjeux n°1
26 nov. 2025 (Paris)

Sommet mondial du Lait de la FIL
20 au 23 oct. 2025 (Santiago - Chili)

Ouverture de l'AAP 2026 d'INTERBEV
2 au 5 sept. 2025

Congrès Mondial de la Viande
27 au 29 oct. 2025 (Brésil)

15^{èmes} Rencontres Point d'Etape - Journées de l'innovation d'ELIANCE
19 et 20 nov. 2025 (Paris)

Cap'Innov
26/27 nov. 2025 (Niort)

Webinaire - Feed additives for methane reduction: testimonials from dairy industries
17 juil. 2025

2^{ème} édition des biennales des conseillers de CAP'ZER®
13 au 15 oct. 2025 (Angers)

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

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

Pour être sûr(e) de recevoir nos messages dans votre boîte de réception, merci d'ajouter administration@apisgene.fr à votre carnet d'adresses.